

UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO VEGETAL

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM FAMÍLIAS DE MEIOS-
IRMÃOS DE CAFEEIRO ROBUSTA**

SARA MARIA ANDRADE PEREIRA

ALEGRE- ES

2014

SARA MARIA ANDRADE PEREIRA

VARIABILIDADE GENÉTICA EM FAMÍLIAS DE MEIOS-
IRMÃOS DE CAFEEIRO ROBUSTA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal.

Orientador: Prof. Dr. José Francisco Teixeira do Amaral.

Coorientadores: Prof. Dr. Adésio Ferreira e Dr^a. Maria Amélia Gava Ferrão.

ALEGRE- ES
2014

SARA MARIA ANDRADE PEREIRA

VARIABILIDADE GENÉTICA EM FAMÍLIAS DE MEIOS- IRMÃOS DE CAFEEIRO ROBUSTA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal.

Aprovada: ____/____/____.

COMISSÃO EXAMINADORA

Prof. Dr. José Francisco Teixeira do Amaral
Universidade Federal do Espírito Santo
Orientador

Pesquisadora Dr^a. Maria Amélia Gava Ferrão
Empresa Brasileira de Pesquisa
Agropecuária - Embrapa Café/Incaper
Coorientadora

Prof. Dr. Adésio Ferreira
Universidade Federal do Espírito Santo
Coorientador

Prof. Dr. Marcelo Antonio Tomaz
Universidade Federal do Espírito Santo

Deus me dê a serenidade para aceitar as coisas que não posso modificar, a coragem para modificar as que posso, e a sabedoria para distinguir a diferença.

- Oração da Serenidade -

Aos meus pais, Irineu (*in memoriam*) e Silvia;
ao meu irmão, Welison, pelo apoio; e ao meu
noivo Alexsandro, pela compreensão e
paciência.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Para que a presente Dissertação pudesse evoluir e ser concluída foi necessária a participação de instituições e de pessoas, às quais desejo expressar os meus sinceros agradecimentos.

A Deus, por tudo sempre.... Ao Ser Supremo, pela vida e a possibilidade de empreender este caminho evolutivo, por propiciar tantas oportunidades de estudos e por colocar em meu caminho pessoas amigas e preciosas. Agradeço a Deus, nosso senhor, que foi e é presença significativa em minha vida, neste momento e em todos os que passaram, gostaria de agradecer tudo que recebi de ti; o dom da Vida, a Sabedoria, o Entendimento, a Consciência, as Oportunidades, Ó Pai! O meu sincero agradecimento. Nada existe ou se realiza sem a SUA permissão. Obrigada por permitir concluir minha jornada.

Ao Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo, pela oportunidade de estudo.

Aos professores do curso de Agronomia e do curso de Pós-Graduação, pelos ensinamentos transmitidos ao longo dos cursos.

Ao Prof. Dr. José Francisco Teixeira do Amaral, professor do Departamento de Produção Vegetal do CCA-UFES, pela orientação.

À pesquisadora Dra. Maria Amélia Gava Ferrão, pela coorientação durante o desenvolvimento do trabalho.

Ao Prof. Dr. Adésio Ferreira, professor do Departamento de Engenharia Rural do CCA-UFES, pela coorientação e pela ajuda estatística.

Ao Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER), pela confiança em me permitir a utilização de dados obtidos em seu programa de melhoramento.

Aos técnicos do INCAPER de Pacutuba, que contribuíram, direta e indiretamente, para a realização deste trabalho.

Ao meu pai, Irineu Pereira, *in memoriam*, que em momentos difíceis recorri a sua sabedoria. De sua existência resta comigo a lembrança, a saudade imensa, o exemplo e o eterno agradecimento, além do pesar por não poder abraçá-lo agora e partilhar da alegria da tarefa cumprida, mas você vive em meu coração.

À minha mãe, Silvia Andrade de Oliveira Pereira, exemplo de vida, meu impulso para vencer, que suportando a dor das perdas conseguiu superar as

dificuldades sem deixar morrer o amor e dedicação em tudo que fez para me proporcionar êxito na busca por meus objetivos. Guerreira de sempre - dama de ferro- não tenho adjetivos para descrevê-la.

Ao meu padrasto, Francisco Moreira, pela força e confiança na minha vitória.

Em especial, ao meu grande amigo, lutador e incomparável irmão-pai, Welison Andrade Pereira, por estar sempre ao meu lado em todos os momentos, tanto fáceis como difíceis, sempre me incentivando e acreditando no meu crescimento profissional e pessoal. Pelo exemplo, educação, apoio, amor incondicional, carinho, amizade eterna, compreensão e incentivo durante toda a minha vida. Agradeço-te por me mostrar os caminhos a serem trilhados, as batalhas que valem a pena ser lutadas e as vitórias que compensam ser vividas. Agradeço-te pela confiança, ensinamentos, dedicação, paciência, respeito, enfim, por tudo... E por ser minha referência de vida diária. Te amo!!

Ao meu noivo Alexsandro Silva Andrade, por estar sempre ao meu lado, me levando quando e aonde eu precisasse estar, por acreditar em meu potencial, por me incentivar a seguir em frente e pela paciência compreendendo minha ausência e meus momentos de estresse. Amo você!

Agradeço às minhas amigas: Arêssa, pelo companheirismo durante esta curta jornada acadêmica, pelos risos, pelos choros, por este tempo que estive ao meu lado, dividindo alegrias e tristezas, somando aprendizados e diminuindo a solidão de muitos momentos; Kharen, pelo apoio, incentivo e pela sólida e sincera amizade que construímos nesses anos de convivência; e Paula Mauri (Paulinha), pelo ombro amigo, sempre me aconselhando e me incentivando a não desistir que Deus é mais. Pela amizade, por estar ao meu lado nas horas que mais precisei.

Enfim, a todos que direta ou indiretamente contribuíram para realização desta dissertação, meus sinceros agradecimentos.

Muito Obrigada

“Foi o tempo que dedicastes à tua rosa que a fez tão importante”

(Antoine de Saint-Exupéry)

BIOGRAFIA

Sara Maria Andrade Pereira nascida em Carangola, Minas Gerais, em 25 de fevereiro de 1987. Filha de Irineu Pereira e Silvia Andrade de Oliveira Pereira cursou o Ensino Fundamental e Médio na Escola Estadual Santo Agostinho em São Francisco do Glória - MG. No segundo semestre de 2006, foi bolsista no Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica – PIBIC/UFES durante dois anos. Em fevereiro de 2012, concluiu o curso de Agronomia. Em março de 2012, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo (CCA-UFES), submetendo-se aos exames finais de defesa de dissertação, no dia 24 de fevereiro de 2014.

RESUMO GERAL

PEREIRA, Sara Maria Andrade. Universidade Federal do Espírito Santo, Fevereiro de 2014. **Variabilidade genética em famílias de meios-irmãos de cafeeiro robusta**. Orientador: Dr.Sc. José Francisco Teixeira do Amaral. **Coorientadores**: Dr. Sc. Maria Amélia Gava Ferrão e Dr. Sc. Adésio Ferreira.

O cultivo do café é uma das atividades do agronegócio de maior importância socioeconômica dentre as diferentes atividades ligadas ao comércio agrícola mundial. Uma das maiores contribuições da genética quantitativa para o melhoramento genético é a possibilidade de prever ganhos genéticos. Quando diferentes critérios de seleção são considerados, a predição de ganhos referentes a cada critério tem grande importância, pois indica os melhoristas sobre como utilizar o material genético disponível, visando obter o máximo de ganhos possível para as características de interesse. O presente trabalho foi instalado em julho de 2004, na Fazenda Experimental de Bananal do Norte, conduzida pelo Incaper, no distrito de Pacotuba, município de Cachoeiro de Itapemirim, região Sul do Estado, com o objetivo de selecionar as melhores plantas entre e dentro de progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora*, por meio de diferentes critérios de seleção. Foram realizadas análises de variância individuais e conjuntas para 26 progênies de meios-irmãos *Coffea canephora*. O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso com quatro testemunhas adicionais com quatro repetições e parcela composta por cinco plantas, com o espaçamento de 3,0 m x 1,2 m. Neste trabalho, considerou-se os dados das últimas cinco colheitas. As características mensuradas foram: florescimento, maturação, tamanho do grão, peso, porte, vigor, ferrugem, mancha cercóspora, seca de ponteiros, escala geral, porcentagem de frutos boa e bicho mineiro. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o aplicativo computacional em genética e estatística (GENES). Foram estimados os ganhos de seleção em função da porcentagem de seleção de 20% entre e dentro, sendo as mesmas mantidas para todas as características. Todas as características foram submetidas a seleção no sentido positivo, exceto para florescimento, porte, ferrugem, mancha cercóspora, seca de ponteiros, porcentagem de frutos boa e bicho mineiro, para obter decréscimo em suas médias originais. Os critérios de seleção estudados foram: seleção convencional entre e dentro das famílias, índice

de seleção combinada, seleção massal e seleção massal estratificada. Esta dissertação é composta por dois capítulos, em que foram realizadas análises biométricas, como a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos. Na maioria das características estudadas, verificaram-se diferenças significativas ($P < 0,05$) para genótipos que, associados aos coeficientes de variação genotípicos e também ao coeficiente de determinação genotípico e à relação CV_g/CV_e , indicam a existência de variabilidade genética nos materiais genéticos para a maioria das características e condições favoráveis para obtenção de ganhos genéticos pela seleção. Essas características também foram correlacionadas. Os dados foram submetidos às análises de variância e multivariada, aplicando-se a técnica de agrupamento e UPGMA, teste de médias e estudo de correlações. Na técnica de agrupamento, foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, e na delimitação dos grupos, o método de Tocher. Foi encontrada diversidade genética para as características associadas à qualidade fisiológica, mobilização de reserva das sementes, dimensões e biomassa das plântulas. Quatro grupos de genótipos puderam ser formados. Peso de massa seca de sementes, redução de reserva de sementes e peso de massa seca de plântulas estão positivamente correlacionados entre si, enquanto a redução de reserva das sementes e a eficiência na conversão dessas reservas em plântulas estão negativamente correlacionadas. De acordo com os resultados obtidos, verificou-se que todas as características apresentaram níveis diferenciados de variabilidade genética e os critérios de seleção utilizados mostraram-se eficientes para o melhoramento, no qual o índice de seleção combinada é o critério de seleção que apresentou os melhores resultados em termos de ganhos, sendo indicado como critério mais apropriado para o melhoramento genético da população estudada. Nos estudos de correlações, em 70% dos casos, a correlação fenotípica foi superior à genotípica, mostrando maior influência dos fatores ambientais em relação aos genotípicos e condições propícias ao melhoramento dos diferentes caracteres. No estudo de divergência genética, observou-se que pelo agrupamento de genótipos, pela técnica de Tocher, indicou que os genótipos foram distribuídos em três grupos.

Palavras-Chave: Café conilon. Melhoramento genético. Genética agrícola

GENERAL ABSTRACT

PEREIRA, Sara Maria Andrade. Universidade Federal do Espírito Santo. February, 2014. **Genetic variability in families of half-brothers of *Coffea robusta***. Advisor: Dr.Sc. José Francisco Teixeira do Amaral. Co-advisors: Dr. Sc. Maria Amélia Gava Ferrão e Dr. Sc. Adésio Ferreira.

The coffee growing is one of the agribusiness activities with higher socioeconomic importance among the different activities related to global agricultural trade. One of the greatest contributions of quantitative genetic for genetic improvement is the ability of predicting genetic gains. When different selection criteria are considered, the prediction of gains related to each criterion is of great importance, because it indicates to the researchers about how to use the genetic material available, aiming to obtain the maximum possible gains for the characteristics of interest. This experiment was installed in July, 2005, at the Experimental Farm of Bananal do Norte, carried out by INCAPER, in Pacotuba district, municipality of Cachoeiro de Itapemirim, southern region of the state, with the aim of selecting the best plants within and among half-sibs progenies of *Coffea canephora*, using different selection criteria. Individual and joint analyzes of variance for 26 progenies of half-sibs of *Coffea canephora* were performed. The experimental design used was randomized block with four additional witnesses with four replications and plot consisting of five plants, with the spacing of 3.0 m x 1.2 m. In this experiment it was considered the data of the last five harvests. The characteristics measured were: flowering, maturation, grain size, weight, size, vigor, rust, cercospora spot, tip blight, general scale, float fruit percentage and leaf miner. All the statistical analyzes were performed with the computational application in genetics and statistics (GENES). The gains from selection were estimated according to the percentage of selection of 20% among and within, the same being maintained for all characteristics. All characteristics were submitted to selection in the positive direction, except for flowering, size, rust, cercospora spot, tip blight, float fruit percentage and leaf miner, for decrease in their original medium. The following selection criteria were studied: conventional selection among and within families, combined index selection, mass selection and stratified mass selection. This dissertation consists of two chapters, in which biometric analysis were performed, like the obtainment of estimates of genetic

parameters. There were significant differences ($P < 0.05$) in the most of the characteristics evaluated for genotypes that, associated with genotypic coefficients of variation and also with the coefficient of genotypic determination and the relation CV_g / CV_e , indicate the existence of genetic variability in the genetic materials for most characteristics and favorable conditions for the obtainment of genetic gain by selection. These characteristics were also correlated. The data were submitted to variance and multivariate analysis, applying the clustering technique and UPGMA, mean test and study of correlations. In the clustering technique, the Mahalanobis generalized distance was used as a dissimilarity measure, and at the delimitation of the groups, the method of Tocher was. Genetic diversity was found for the characteristics associated with physiological quality, mobilization of seed reserves, sizes and seedlings biomass. Four groups of genotypes could be formed. Dry weight of seeds, reduction of seeds reserves and dry weight of seedlings are positively correlated, while the reduction in seeds reserves and the conversion efficiency of these reserves in seedlings are negatively correlated. According to the results, it was found that all of the characteristics showed different levels of genetic variability and the selection criteria used were effective to the improvement, in which the combined selection index is the selection criteria that showed the best results in terms of gains, and it is indicated as the most appropriate criterion for genetic improvement of the population studied. In the correlation studies, in 70% of the cases the phenotypic correlation was higher than the genotypic, showing higher influence of environmental factors in relation to genotypics. In the study of genetic divergence, it was observed that the clustering of genotypes, by Tocher technique, indicated that the genotypes were divided into three groups.

Keywords: Conilon coffee. Genetic improvement. Agricultural genetics

LISTAS DE FIGURAS

FIGURA 1- Dendrograma da análise de agrupamento de 26 genótipos de café Robusta e quatro de Conilon de *Coffea Canephora* avaliados na Fazenda Experimental Bananal do Norte, Incaper, pelo método UPGMA, utilizando complemento do índice de coincidência simples como medida de distância genética.....97

FIGURA 2- Dendrograma de análise de agrupamento de 26 genótipos de café Robusta avaliados na Fazenda Experimental Bananal do Norte, Incaper, pelo método UPGMA, utilizando complemento do índice de coincidência simples como medida de distância genética.....98

LISTAS DE TABELAS

Tabela 1 – Resumo da análise de variância de 12 caracteres agronômicos avaliados em 26 famílias de meios-irmãos de *Coffea canephora* do grupo robusta, Incaper.....52

Tabela 2- Comparação de médias de 26 famílias de meios-irmãos de café robusta colhidas na fazenda experimental de Bananal do Norte, Incaper.....54

Tabela 3 – Estimativas da variância, genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância genética entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_{ef}^2$), variância genética dentro de família ($\hat{\sigma}_{df}^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{ep}^2$) e variância residual ($\hat{\sigma}_r^2$), avaliadas em 26 FMI na fazenda experimental Bananal do Norte, Incaper.....57

Tabela 4 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias (h_{mf}^2), de indivíduos dentro de famílias (h_{df}^2), indivíduos no bloco (h_b^2) e de indivíduos no experimento (h_{ie}^2), estimados para as características em estudo, nas famílias de meios-irmãos de *Coffea canephora*.....59

Tabela 5 – Estimativas dos coeficientes de variação genético entre famílias (CV_{ge}), genético dentro de família (CV_{gd}), ambiental (CV_e), e da relação entre os coeficientes de variação genético entre famílias e ambiental (CV_{ge}/CV_e), e entre os coeficientes de variação genético dentro família e ambiental (CV_{gd}/CV_e), para as características avaliadas em famílias de meios-irmãos de *Coffea canephora*.....62

Tabela 6 - Ganhos de seleção entre (GSe), dentro (GSd) e entre e dentro (GSed) e médias preditas e originais para as características estudadas nas 26 famílias de

meios-irmãos de café robusta, avaliadas na Fazenda Experimental Bananal do Norte, Incaper.....65

Tabela 7- Estimativas dos ganhos esperados entre (GSE), dentro (GSD), massal (GSM) e massal estratificada (GSME) e seleção combinada (GSC) e eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro, para as características em estudo, nas famílias de meios-irmãos de *Coffea canephora*.....67

Tabela 8 – Famílias selecionadas nas diferentes estratégias de seleção.....71

Tabela 9 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f), genotípica (r_g) e ambiental (r_e), estimados a partir das combinações entre 12 características avaliadas em 26 FMI de Café Robusta na Fazenda Experimental de Bananal do Norte, Incaper.....77

Tabela 1- Grupos de similaridade genética estabelecidos pelo método de Tocher, baseado na distância generalizada de Mahalanobis, de 26 genótipos de café Robusta e quatro de Conilon, avaliadas na Fazenda Experimental de Bananal do Norte, Incaper.....94

Tabela 2- Grupos de similaridade genética estabelecidos pelo método de Tocher, baseado na distância generalizada de Mahalanobis, de 26 genótipos de café Robusta e quatro de Conilon, avaliadas na Fazenda Experimental de Bananal do Norte, Incaper.....95

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL.....	19
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	21
2.1. IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DO CAFÉ NO BRASIL.....	21
2.2. ASPECTOS BOTÂNICOS DO <i>Coffea canephora</i>	22
3. MELHORAMENTO GENÉTICO DO <i>Coffea canephora</i>	24
3.1. ANÁLISES BIOMÉTRICAS EM <i>Coffea canephora</i>	25
3.2. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS.....	26
3.3. DIVERGÊNCIA GENÉTICA.....	27
3.4. SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS.....	27
3.5. SELEÇÃO COMBINADA DE FAMÍLIAS.....	28
3.6. CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES.....	29
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	30
CAPÍTULO 1	36
AVALIAÇÕES BIOMÉTRICAS DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE CAFÉ ROBUSTA NO SUL DO ESPÍRITO SANTO.....	36
1. INTRODUÇÃO.....	38
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	40
2.1. CARACTERÍSTICAS AVALIADAS.....	40
2.2. DESCRIÇÃO DOS TRATAMENTOS.....	42
2.3. ANÁLISE DE VARIÂNCIA.....	42
2.4. ESTIMAÇÃO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS.....	44
2.4.1. Componentes de variância.....	44
2.4.2. Coeficientes de herdabilidade e de variação.....	45
2.5. O TESTE DE DUNNETT.....	46
2.6. SELEÇÃO.....	47
2.6.1. Seleção entre e dentro.....	48
2.6.2. Seleção combinada.....	49
2.6.3. Seleção massal.....	49
2.6.4. Seleção massal estratificada.....	50
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	50
3.1. ANÁLISE DE VARIÂNCIA INDIVIDUAL E CONJUNTA.....	50

3.2. COMPARAÇÃO DE MÉDIAS PELO CRITÉRIO DE DUNNETT.....	53
3.3. ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS.....	56
3.3.1. Estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais	56
3.3.2. Estimativas de herdabilidade	58
3.3.3. Estimativas dos coeficientes de variação	60
4. GANHOS GENÉTICOS	63
4.1. GANHO DE SELEÇÃO COM BASE NA SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FMI.....	63
4.2. GANHOS DE SELEÇÃO COM BASE EM CINCO ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO.....	66
4.3. PROGÊNIES DE FMI SELECIONADAS NAS DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO.....	68
5. ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICA, GENOTÍPICA E DE AMBIENTE	75
6. CONCLUSÕES	80
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	81
CAPÍTULO 2	86
DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE CAFEEIRO CONILON.....	86
1. INTRODUÇÃO	88
2. MATERIAL E MÉTODOS	89
2.1 ANÁLISE DE AGRUPAMENTO	91
2.1.1. Distância generalizada de Mahalanobis (D_{ii}^2)	92
2.1.2. Métodos de agrupamento	92
2.1.3. Métodos hierárquicos	92
2.1.4. Métodos de otimização Tocher	92
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	93
3.1. AGRUPAMENTO PELO MÉTODO DE TOCHER.....	93
3.2. MÉTODO UPGMA (“UNWEIGHTED PAIR-GROUP METHOD USING ARITHMETIC AVERAGES”).....	95
4. CONCLUSÕES	99
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	100

1- INTRODUÇÃO GERAL

A cafeicultura, dentre as diferentes atividades ligadas ao comércio agrícola mundial, destaca-se entre as de maior importância socioeconômica, garantindo a geração de trabalho e contribuindo para a fixação do homem no meio rural (FERRÃO et al, 2007a).

O Brasil é o maior produtor mundial de café, ocupando atualmente uma área cultivada de 2.311.599 hectares, e no cenário nacional, os estados Minas Gerais, Espírito Santo, São Paulo, Bahia, Paraná, Rondônia e Goiás correspondem a 98,6% da produção nacional. No Espírito Santo está a segunda maior área plantada com café, predominando a espécie *Coffea canephora*, com participação de 63,25% na produção do país (CONAB, 2013). O sucesso dessa espécie deve-se ao fato de ser matéria prima importante na composição dos “blends” com café arábica nas indústrias de torrado e moído, por possuir maior teor de sólidos solúveis, maior rendimento industrial e conferir a característica corpo (INÁCIO, 2005).

A espécie *Coffea canephora*, também conhecida genericamente como robusta é uma planta diploide ($2n=22$ cromossomos) do tipo alógama e possui autoincompatibilidade gametofítica (CONAGIN & MENDES, 1961). Em razão da sua forma natural de reprodução e conseqüente heterogeneidade das populações, as lavouras tradicionais apresentam plantas muito distintas com relação a uma série de características de interesse, ou seja, alta variabilidade genética, que proporciona dificuldades no manejo da lavoura (BRAGANÇA et al., 2001; FERRÃO et al., 2007b; FONSECA, 1996). Por outro lado, essa ampla variabilidade genética constitui-se importante matéria-prima para realização do melhoramento genético da espécie, permitindo a seleção de genótipos superiores e possibilitando o incremento da frequência de genes favoráveis por meio de métodos de seleção adequados, proporcionando a obtenção de materiais genéticos adaptados às condições ambientais predominantes para cada região produtora (FERRÃO, 2004; FONSECA, 1999).

Face ao trabalho de pesquisa de várias instituições na área do melhoramento e o desenvolvimento de novas cultivares adaptadas às diferentes condições de cultivo, com alto potencial genético de produção e características agronômicas importantes, a cafeicultura brasileira tem experimentado significativas melhorias na produtividade, qualidade de bebida, resistência a pragas e doenças e plantas mais adaptadas às diferentes condições e sistema de cultivo (MENDES e GUIMARÃES, 1998).

Diante da importância que o café Conilon representa para Estado, há necessidade de obtenção de maiores informações técnico-científicas básicas e aplicadas aos estudos de variabilidade e diversidade genética, para melhor planejamento e condução de pesquisas.

O Incaper (Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural), desde 1985, tem focado em seu programa de pesquisa o melhoramento genético de café Conilon e a exploração da variabilidade genética da espécie para o lançamento de novas variedades (FERRÃO, 2004).

No melhoramento genético do cafeeiro, estudam-se diferentes caracteres quantitativos de interesses, os quais são governados por muitos genes e que sofrem elevada influência ambiental. Os estudos são fundamentados em experimentos seguindo os princípios da estatística pela qual se têm as análises descritivas, que envolvem média e coeficiente de variação experimental; a estimativa de parâmetros genéticos, como a variância genética, o coeficiente de variação genético, a herdabilidade, as estimativas das correlações entre caracteres de natureza genotípica, fenotípica e ambiental (FERRÃO, 2004).

Dessa forma, o objetivo geral deste trabalho foi avaliar a variabilidade entre e dentro de 26 famílias de meios-irmãos de café do grupo robusta avaliadas no Incaper e comparar o desempenho de suas progênes com o grupo conilon, e também estudar a performance e a diversidade genética dos materiais pesquisados, visando a obtenção de novas informações biométricas para a espécie.

Os objetivos específicos foram estimar os parâmetros genéticos, buscando conhecer a estrutura genética da população e o potencial da mesma para melhoramento; comparar os ganhos preditos em alguns caracteres agronômicos, utilizando diferentes critérios de seleção (seleção entre e dentro; massal; massal estratificada

e combinada), em famílias de meios-irmãos de *Coffea canephora* Pierre ex Froehner, visando indicar aquele que melhor se aplique ao melhoramento genético. Diante desse propósito, num primeiro momento, procedeu-se à seleção indireta, visando estimar os parâmetros genéticos e os ganhos preditos sobre as características, conforme as metodologias.

Posteriormente, foram estimadas as correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente, entre caracteres, buscando conhecer com maior profundidade, a estrutura genética das populações estudadas e o potencial das mesmas para melhoramento.

E ainda, os dados foram submetidos às análises de variância e multivariada, aplicando-se a técnica de agrupamento e UPGMA, teste de médias e estudo de correlações. Na técnica de agrupamento, foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, e na delimitação dos grupos, o método de Tocher.

2- REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 IMPORTÂNCIA ECONÔMICA E SOCIAL DO CAFÉ CONILON

O café, durante décadas, foi um dos mais valiosos produtos primários comercializados no mundo, chegando a representar, isoladamente, 70% do valor das exportações do país, garantindo de forma direta e indireta a geração de trabalho para milhões de pessoas, corroborando sua importância socioeconômica (FASSIO et al.,2007).

A espécie *Coffea canéfora*, mundialmente conhecida como café Robusta, inclui diversas variedades, dentre as quais o Conilon, a mais importante no Brasil, pelo seu volume de produção e valor industrial. Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), o cafeeiro (arábica e conilon) é cultivado em 14 estados brasileiros, e os maiores produtores desse grão são Minas Gerais, Espírito Santo, São Paulo, Paraná, Bahia e Rondônia, que correspondem a 98,6% da produção brasileira. Considerando o café robusta, só o Espírito Santo responde por 63,25% da produção nacional (CONAB, 2013). Em Minas Gerais está concentrada a maior área, com 1.231.778 mil hectares, predominando a espécie arábica com 98,85% no estado.

No Estado do Espírito Santo se encontra a segunda maior área plantada com café, totalizando 499.082 hectares, sendo 311.197 hectares com a espécie robusta e 187.885 hectares com arábica.

Na quarta estimativa para a safra cafeeira de 2013 no Espírito Santo, a produção foi estimada em 11.976 mil sacas de café. Desse quantitativo, a pesquisa indica uma produtividade média de 20,50 sacas por hectare para o café arábica e 29,0 sacas por hectare para o café robusta, resultando em uma produtividade estadual, ponderando café arábica e robusta de 25,81 sacas por hectare (CONAB, 2013).

O café Robusta, segundo mapa de zoneamento para a cafeicultura, pode ser cultivado em todo o Espírito Santo, de forma mais concentrada no norte capixaba (DADALTO e BARBOSA, 1997). A espécie *Coffea canephora*, variedade Conilon, chegou por volta de 1912 no Espírito Santo, segundo consta, pelas mãos de Jerônimo Monteiro, ex-governador do estado, com as primeiras sementes plantadas em Cachoeiro de Itapemirim, sendo posteriormente levadas para a região norte, onde está inserida atualmente cerca de 63,25% da cafeicultura do Conilon do estado (CONAB, 2013).

Atualmente, o Estado do Espírito Santo ocupa a segunda posição como maior produtor do Brasil, com 25% da produção nacional de café e o primeiro lugar em Conilon, com 63,25% da produção do país (CONAB, 2013).

2.2 ASPECTOS BOTÂNICOS DO *Coffea canephora*

O cafeeiro pertence à família das Rubiáceas e ao gênero *Coffea*. é uma planta perene, dicotiledônea, de porte arbustivo ou arbóreo, de crescimento contínuo, podendo chegar a cinco metros de altura, caule lenhoso, cilíndrico, branco amarelado e com dois tipos principais de ramos (ortotrópico e plagiotrópicos) (RENA e MAESTRI, 1986; BRAND, 1999).

Suas flores são brancas, e em grande número por inflorescência e por axila foliar. As inflorescências são formadas a partir de gemas seriadas localizadas aleatoriamente nas axilas das folhas de ramos laterais que se formaram na estação de crescimento do ano corrente, de forma que a floração depende do crescimento dos ramos plagiotrópicos (MOENS, 1968; BARROS et al., 1978).

As folhas são grandes, elípticas lanceoladas, bordos bem ondulados, nervuras muito salientes e de coloração verde bem menos intensa que as de *C. arabica*. Seu sistema radicular concentra-se na projeção de sua copa, próximo ao tronco, e sua estrutura e distribuição no solo são muito semelhantes ao café arábica (RENA e Da MATTA, 2002).

Os frutos são denominados de cerejas quando maduros devido ao seu aspecto exterior e são agrupados nos ramos em globumérolos. A cor da cereja varia do marrom ao vermelho segundo a variedade e a exposição ao sol. O tamanho varia de acordo com as variedades; em média possuem 10 mm de comprimento, 6 a 7 mm de largura e 3 a 4 mm de espessura (BRAND, 1999).

O cafeeiro Conilon, espécie robusta, trata-se de uma planta rústica que se desenvolve melhor em clima quente e úmido. Geralmente, é mais resistente às pragas e doenças (RENA e GUIMARÃES, 2000; RENA e BARROS, 2004; CLARKE e MACRAE, 1985).

É uma planta diploide ($2n=22$ cromossomos) do tipo alógama e possui autoincompatibilidade gametofítica (CARVALHO et al., 1991). Mecanismo esse de reprodução que leva à formação de populações com indivíduos altamente heterozigotos entre si, tanto na parte aérea, no formato e tamanho dos grãos, quanto uniformidade de maturação dos frutos, vigor vegetativo, entre outros, expressando, portanto, grande variabilidade genética (CONAGIN e MENDES, 1961; BERTHAUD, 1980). Essa autoincompatibilidade foi descrita como sendo do tipo gametofítico, sendo controlada por um único gene com vários alelos (série alélica S: S1, S2, S3). Nesse tipo de incompatibilidade, um grão de pólen portador de um determinado alelo (S1, por exemplo) é incapaz de se desenvolver no estigma e fertilizar qualquer oosfera portadora do mesmo alelo, por exemplo plantas (S12 e S13), pela formação de um dímero de glicoproteína, principal causa. É um mecanismo altamente eficiente de controle de cruzamentos em plantas, impedindo a ocorrência de autofecundação e de cruzamentos entre indivíduos aparentados, portadores de um dos mesmos alelos de incompatibilidade. É um mecanismo presente em milhares de espécies vegetais (CONAGIM E MENDES, 1961).

Essa variabilidade genética na população é de grande importância para o sucesso de um programa de melhoramento, pois permite a seleção de genótipos superiores, que proporcionem a obtenção de materiais genéticos adaptados às condições

ambientais predominantes nas diferentes regiões produtoras (CHARRIER e BERTHAUD, 1985; BERTHAUD, 1988; FONSECA, 1999).

3- MELHORAMENTO GENÉTICO DE *Coffea canephora*

Diante da grande importância socioeconômica da cafeicultura, o uso de cultivares melhoradas desenvolvidas para os países produtores são fundamentais para o aumento da produção, produtividade e qualidade do produto (FERRÃO, 2004).

A espécie *C. canephora* passou a ser alvo de interesse nos programas de melhoramento, devido a sua ampla variabilidade genética, alta produtividade, possibilidade de propagação por via sexuada e assexuada, rusticidade e tolerância às principais pragas, visando à exploração dessas características (VOSSEN, 1985).

No Espírito Santo, desde 1985, o programa de melhoramento genético de *C. canephora*, variedade Conilon, o Incaper vem avaliando clones e desenvolvendo variedades adaptadas às condições do Estado, mantendo e caracterizando o Banco Ativo de Germoplasma de café Conilon (FERRÃO, 2004).

Para o sucesso de um programa de melhoramento genético com ênfase na genética quantitativa, é necessária a disponibilidade de uma série de informações da espécie a ser melhorada; de germoplasmas com alta variabilidade genética; conhecimento dos métodos de melhoramento a serem utilizados e domínio de metodologias de análises genético-biométricas (FERRÃO, 2007).

No melhoramento genético de café, a maioria dos estudos são conduzidos com base em dados obtidos de experimentos seguindo os princípios da estatística, pois é por meio dela que têm-se as análises descritivas, que envolve média; a estimativa de parâmetros genéticos, como a variância genética, o coeficiente de variação genético, a herdabilidade, as estimativas das correlações entre caracteres de natureza genotípica, fenotípica e ambiental (FERRÃO, 2004).

Em razão da alogamia da espécie, as plantas a serem melhoradas são altamente heterozigotas e, como já mencionado, apresentam grande variabilidade genética na maioria das características. Assim, a propagação vegetativa torna-se uma importante ferramenta para uniformizar as lavouras e obter “cultivares clonais” (CHARRIER e BERTHAUD, 1988; LASHERME et al., 1994; FERRÃO et al., 1999; FONSECA, 1999).

Lavouras formadas por variedades clonais são mais uniformes, com maior potencial de produção e uma maior possibilidade de obtenção de um produto final de melhor qualidade. Boa parte das lavouras de Conilon do Espírito Santo é formada por variedades clonais melhoradas (CARVALHO et al., 1991; FONSECA, 1996; FERRÃO et al., 1999; 2007a; FERRÃO, 2004; FONSECA et al., 2004). Porém, é recomendável conduzir trabalhos de melhoramento genético de forma paralela, visando tanto a obtenção de variedades clonais como de variedades sintéticas, estas últimas multiplicadas por via sexuada (Ferrão et al., 2000). Pois, enquanto os primeiros promovem estreitamento da base genética dos materiais obtidos, os últimos permitem a recombinação genética, recuperando a variabilidade e proporcionando a manutenção na população de genes, que podem vir a ser considerados importantes em condições futuras (CHARRIER e BERTHAUD, 1988)

3.1- ANÁLISES BIOMÉTRICAS EM *Coffea canephora*

O melhoramento genético convencional do cafeeiro tem sido utilizado com sucesso no atendimento das demandas do setor produtivo. Até o momento, as pesquisas realizadas na área têm levado ao desenvolvimento, lançamento e utilização pelos produtores de cultivares de Robusta, variedade Conilon, com altas produtividades, ampla adaptabilidade e estabilidade de produção e aceitação pelos produtores, indústrias e consumidores (BRAGANÇA et al., 1993; FERRÃO et al., 2000d; FONSECA et al., 2002, 2004). Esses resultados têm contribuído para o aumento da produtividade média da espécie e qualidade dos cafés do país.

As informações biométricas são importantes na avaliação da variabilidade genética do germoplasma; na definição de materiais-base para melhoramento intra e interpopulacional; para definição de progenitores para cruzamento e na predição de ganhos genéticos (FERRÃO, 2004). Com o conjunto de dados gerados pela experimentação, seguindo os princípios da estatística e da biometria, podem-se obter estimativas de diferentes parâmetros genéticos (variância genética, variância ambiental, coeficiente de variação genética e coeficiente de determinação genotípica). Esses parâmetros são fundamentais no planejamento e na execução do melhoramento.

3.2- ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

A existência da variabilidade genética na população e a utilização de métodos de melhoramento adequados para identificar genótipos superiores são de extrema importância para o sucesso de qualquer programa de melhoramento (BONOMO, 2002). Desse modo, a eficiência no estabelecimento de melhoramento genético de *Coffea canephora* e a estimativa de parâmetros genéticos são fundamentais, pois permitem fazer inferência sobre o controle genético dos diferentes caracteres, comparar os métodos de seleção e obter conhecimentos sobre a estrutura genética da população (RAMALHO et al., 2004).

A espécie *C. canephora* devido a alogamia e a autoincompatibilidade, apresenta grande variabilidade genética em relação ao porte, arquitetura, tamanho e forma dos grãos, entre outras características (FERRÃO et al. 1999; FONSECA, 1999).

É a partir da análise de variância dos dados e de acordo com o delineamento experimental que as estimativas das variâncias genéticas são obtidas. Os quadrados médios dessa análise são desdobrados sob a forma de equações, em seus componentes de variância (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

A variância fenotípica é a soma dos componentes (variância genotípica e variância ambiental). A variância genotípica é a variância gerada pelos valores genotípicos. A variância ambiental é a variância atribuída aos desvios associados ao ambiente, ou seja, qualquer variância não genética. A variância ambiental é uma fonte de erro, que reduz a precisão dos estudos genéticos (FALCONER, 1987).

A estimativa da herdabilidade (H^2) é muito importante para os melhoristas, pois indica a confiabilidade com que o valor genotípico é representado pelo valor fenotípico, determinando a proporção do ganho obtido com a seleção (FALCONER, 1989). Caracteres com baixa herdabilidade demandam maiores cuidados e necessitam de métodos de seleção mais elaborados do que quando comparados aos caracteres com alta herdabilidade, para obterem ganhos genéticos satisfatórios.

O coeficiente de variação permite medir a precisão experimental, o qual, quanto menor, maior será a precisão experimental. Os resultados são interpretados de acordo com cada característica.

Os estudos desses parâmetros genéticos permitem conhecer a estrutura genética da população; poderão ser indicativos da existência da variabilidade genética presente na população e dar subsídios para predizer os ganhos genéticos e o possível

sucesso no programa de melhoramento. Tal estudo também é importante na redefinição dos métodos de melhoramento a serem utilizados; na identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos; na definição com eficiência das diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos com a manutenção da base genética adequada na população (RESENDE, 2002; CRUZ e CARNEIRO, 2003; SCHUSTER e CRUZ, 2004).

3.3- DIVERGÊNCIA GENÉTICA

Pode-se definir a divergência genética como a diferença entre as frequências alélicas das populações. Para sucesso de um programa de melhoramento, é necessário que exista na população de estudo variabilidade genética. E para isso os melhoristas têm recomendado o intercruzamento entre cultivares superiores e divergentes. Os estudos de divergência genética possuem inúmeras importâncias em programas de melhoramento e uma dessas seria promover maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes. (FALCONER, 1981; DIAS e KAGEYAMA, 1997; CRUZ et al., 2004).

Vários métodos multivariados podem ser aplicados no estudo de divergência genética. Dentre eles, citam-se os métodos aglomerativos. Esses métodos diferem dos demais, em razão de dependerem fundamentalmente de medidas de similaridade estimadas previamente, como a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis, dentre outras.

A escolha do método mais adequado tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (CRUZ et al., 1994; CRUZ e CARNEIRO, 2003; CRUZ et al., 2004).

3.4- SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS

A seleção entre e dentro de famílias baseia-se em identificar as melhores famílias e, dentro destas, os melhores indivíduos em um teste de progênies. Nesse método, as plantas-mães selecionadas inicialmente não participam no processo de recombinação após a seleção, mas, sim, seus descendentes, geralmente aqueles que estão sendo testados (PIRES, 1996). A primeira etapa desse tipo de seleção consiste em selecionar ou rejeitar famílias inteiras, levando em conta o desvio do valor da família em relação ao valor fenotípico médio da população. Uma vez

selecionadas as famílias, efetua-se a seleção dentro delas. Assim os indivíduos de mais alto valor fenotípico são tidos como superiores (SILVA, 1982). Segundo Cornacchia et al. (1995), a seleção de indivíduos dentro de famílias superiores tem merecido considerável atenção por parte dos melhoristas, uma vez que, em muitas estruturas de famílias, considerável proporção da variância genética aditiva permanece disponível entre plantas dentro de progênes. Assim, ganhos adicionais são obtidos mediante a seleção das melhores plantas das parcelas, representadas por famílias comprovadamente superiores.

A seleção é o principal processo para aumentar a frequência de alelos favoráveis nas populações. A seleção deve ser baseada na variação entre plantas causada por variações genéticas.

Esse procedimento permite estimar os ganhos de seleção, bem como identificar unidades seletivas, comparando ganhos obtidos por diferentes estratégias de seleção.

3.5- SELEÇÃO COMBINADA DE FAMÍLIAS

Seleção combinada é aquela em que se identificam a partir de informação do indivíduo e de sua família os genótipos superiores (FALCONER, 1987). Ela é usada para identificar indivíduos com melhor valor genético aditivo numa população sob seleção, usando informação do indivíduo e da sua família, podendo assim aumentar a eficiência do processo seletivo, maximizando o ganho genético. (FALCONER e MACKAY, 1996).

A seleção combinada para uma determinada característica é realizada por meio de um índice, estabelecido de modo a conter, em si, a contribuição genética da família e do indivíduo dentro da família. No caso de experimentos com repetições, MORAIS (1992) ressalta a necessidade de considerar o desvio do indivíduo em relação à média da parcela, a fim de evitar o efeito de repetição no índice obtido. Como a média da parcela reflete um forte componente ambiental, PIRES (1996) sugere a adoção de um índice alternativo, que adota o desvio do indivíduo em relação à média do bloco e que oferece resultados mais precisos.

FALCONER & MACKAY (1996) também afirmam que a seleção combinada deve proporcionar resultados tão bons, ou superiores, aos obtidos com outros métodos de seleção, como a seleção entre famílias, dentro famílias e individual. PIRES et al.

(1996) avaliaram os ganhos genéticos proporcionados pela seleção combinada em comparação com a seleção convencional entre e dentro de famílias para características relacionadas à cultura do eucalipto. Verificaram que a seleção combinada revelou superioridade em relação à seleção convencional entre e dentro de famílias e que, por meio do índice combinado, um maior número de famílias foi selecionado, além de se ter maior tamanho efetivo. Outros autores também verificaram essa superioridade em eucalipto (MARTINS, 1999 e ROSADO, 2003), e em seringueira (COSTA et al., 2000).

3.6- CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES

O estudo das correlações entre os caracteres é de fundamental importância para o melhoramento, pois permite avaliar a natureza e o sentido das relações entre dois caracteres, e também atua como uma ferramenta que ajuda em estudos que visam diminuir o número de características analisadas, por exemplo, nos estudos de divergência genética, em que as características disponíveis são aquelas redundantes, por estarem correlacionadas com outras de mais fácil mensuração ou que demandam menor custo e, ou, tempo de avaliação (CRUZ et al., 2004).

As correlações, de acordo com melhoramento genético, podem ser de natureza genética, fenotípica ou ambiental. A correlação genética explica os componentes aditivos e a correlação ambiental, os componentes não-aditivos; são determinantes da correlação fenotípica, calculada a partir das medições das características na população (Kominakis, 2003). Através das correlações genéticas é que se determinam como características se manifestam em relação à outra (FALCONER e MACKAY, 1996). São as únicas que envolvem associação de natureza herdável. Portanto, em estudos genéticos, é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres (Cruz et al., 2004).

4- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARROS, R. S.; MAESTRI, M.; COONS, M.P The physiology of flowering in coffee: a review. **Journal of Coffee Research**, v. 8, p. 29-73, 1978.

BRAGANÇA, S. M.; CARVALHO, C. H. S. de; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, R. G.; SILVEIRA, J. S. M. „EMCAPA 8111, EMCAPA 8121, EMCAPA 8131: **Primeiras variedades clonais de café conilon lançadas para o Estado do Espírito Santo**. Vitória, ES: Emcapa, 1993. 2 p. (Emcapa. Comunicado Técnico, 68).

BERTHAUD, J. L'Incompatibilitê chez *Coffea canephora*: méthode de test et déterminisme gènétique. **Cofé Cacao Thé**, v. 22, n. 1, p. 267-274, 1980.

BONOMO, P. **Metodologias biométricas para seleção de progênies no melhoramento genético do cafeeiro**. 2002. 130f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, 2002.

BRAGANÇA, S. M.; CARVALHO, C. H. S.; FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, R. G. Variedades clonais de café Conilon para o Estado do Espírito Santo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 36, p. 765-770, maio 2001.

BRAND, D. **Detoxificação biológica da casca de café por fungos filamentosos em fermentação no estado sólido**. Curitiba, 1999. 101f. Dissertação (Mestrado em Tecnologia de Alimentos) – Universidade Federal do Paraná.

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

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

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

CLARKE, R.J.; MACRAE,R. **Coffee**. Londres: Elsevier,1985.v.1; v.2.

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira: café**. Safra 2013, primeira estimativa, janeiro/2013, 18p. Disponível em: < [uneshttp://www.slideshare.net/luizvaleriano/conab-1-estimativa-da-produo-de-caf-para-a-safra-2013-2014_boletim__cafe___Janeiro_2013..pdf](http://www.slideshare.net/luizvaleriano/conab-1-estimativa-da-produo-de-caf-para-a-safra-2013-2014_boletim__cafe___Janeiro_2013..pdf) >. Acesso em: 4 jun. 2013.

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**, v.20, n.34, p.787-804, 1961.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. v.1, 480 p.

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

DADALTO, G. G.; BARBOSA, C. A. Zoneamento agroecológico para a cultura do café no Estado do Espírito Santo. Vitória, ES: SEAG, 1997. 28 p.

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

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1981. 279 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, UFV: Impr. Univ., 1987.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3.ed. New York: Longman, 1989, 489p.

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

FASSIO, L. H.; SILVA, A. E. S. da. Importância econômica e social do café Conilon. In: FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da; BRAGANÇA. S. M.; FERRÃO, M. A. G.; MUNER, L. H. **Café Conilon**. Vitória: Incaper, 2007. p.35-49.

FERRÃO, M. A. G.; FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A.; VERDIM FILHO, A. C.; VOLPI, P. S. **Origem, dispersão geográfica, taxonomia e diversidade genética de *Coffea canephora***. In: FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A.; BRAGANÇA. S. M.; FERRÃO, M. A. G.; MUNER, L. H. **Café Conilon**. Vitória: Incaper, 2007a. p.65-92.

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da.; FERRÃO, M. A. G.; BRAGANÇA, S. M. Comportamento de cultivares de café Conilon no Estado do Espírito Santo. In: SIMPÓSIO DE PESQUISAS DOS CAFÉS DO BRASIL, 2000, Poços de Caldas, MG. **Anais...** Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ/MINASPLAN, 2000d. v. 1, p. 409-411

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, M. A. G. Programa de melhoramento do café robusta no Brasil. In: Simpósio de Atualização em genética e

melhoramento de plantas. Genética melhoramento do cafeeiro, 3. **Anais...** Lavras, MG: UFLA,1999.

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

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, M. A. G.; DE MUNER, L. H.; VERDIN FILHO, A. C.; VOLPI, P. S.; MARQUES, E. M. G.; ZUCATELI, F. **Café conilon: técnica de produção com variedades melhoradas** 3. Ed. Vitória, ES: Incaper, 2007b. 60p. (Incaper. Circular técnica, 03-I).

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

FONSECA, A. F. A. Propagação assexuada de *Coffea canephora* no Estado do Espírito Santo. In: PAIVA, R. (Ed.). WORKSHOP SOBRE AVANÇOS NA PROPAGAÇÃO DE PLANTAS LENHOSAS. 1996, Lavras. **Proceedings...** Lavras: UFLA, 1996. p. 31-34.

FONSECA, A.F.A. **Análise biométrica em café conilon** (*Coffea canephora* Pierre). 1999. 115f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, M. A. G.; FERRÃO, R. G. A cultura do café Robusta. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 1., 2000, Poços de Caldas. **Palestras...** Brasília, DF: EMBRAPA – Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento de Café, 2002. p. 119-145.

FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, M. A. G.; FERRÃO, R. G.; VERDIN FILHO, A. C.; VOLPI, P. S.; ZUCATELI, F. **Conilon Vitória 'Incaper 8142'**: variedade clonal de café Conilon. Vitória: Incaper, 2004. 24 p.

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

MARTINS, I.S. **Comparação entre métodos uni e multivariados aplicados na seleção em *Eucalyptus grandis***. 1999. 94p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa.

MENDES, A. N. G.; GUIMARÃES, R. J. **Genética e melhoramento do cafeeiro**. Lavras: UFLA, 1998. 99 p.

MOENS, P. Investigaciones morfológicas, ecológicas y fisiológicas sobre cafetos. **Turrialba**, San Jose, v.18, n.3, p.209- 233, 1968.

MORAIS, O.P. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando macho-esterilidade**. Viçosa, MG: UFV, 1992. 251p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético)- Universidade Federal de Viçosa, 1992.

PIRES, I.E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus* spp.** Viçosa, MG: UFV, 1996. 116 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.

PIRES, I. E.; CRUZ, C. D.; BORGES, R. C. G.; REGAZZI, A. I. Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, v. 20, n. 2, p. 191-197, 1996.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. 3 ed. Ver. Lavras: UFLA, 2004. 472p.

RENA, A.B.; BARROS, R.S. Aspectos críticos no estudo da floração do café. In: ZAMBOLIM, L. (Ed.). **Efeitos da irrigação sobre a qualidade e produtividade do café**, p. 149-172, 2004.

RENA, A.B.; DAMATTA, F.M. O sistema radicular do cafeeiro: morfologia e ecofisiologia. In: ZAMBOLIM, L. (Ed.). **O estado da arte de tecnhgas na produção de café.**2002 p. 11-92.

RENA, A.B.; GUIMARÃES, P.T.G. **Sistema radicular do cafeeiro: estrutura, distribuição, atividade e fatores que o influenciam.** Belo Horizonte: EPAMIG, 2000. 80p.

RENA, A.B.; MAESTRI, M. Fisiologia do cafeeiro. In: SIMPÓSIO SOBRE FATORES QUE AFETAM A PRODUTIVIDADE DO CAFEEIRO, 1, Poços de Caldas, 1986. **Anais...** Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato, p.13-85, 1986.

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

ROSADO, A.M. **Seleção entre e dentro de famílias e baseada nos valores genéticos obtidos pelo índice combinado e BLUP em eucalipto.** Viçosa, MG: UFV, 2003. 76 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, 2003.

SILVA, M.A. **Métodos de seleção.** Viçosa-MG: UFV, 1982. 51 p.

SCHUSTER, I.; CRUZ, C. D. **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados.** Viçosa: Editora UFV, 2004. 568p.

VOSSSEN, H. A. M. Coffea selection and breeding. In: CLIFFORD, M. N.; WILLSON, K. C. **Coffee:** botany, biochemistry and production of beans and beverage. London: Croom Helm, Westport Conn, 1985. p.48-96.

CAPÍTULO 1

AVALIAÇÕES BIOMÉTRICAS DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE CAFÉ ROBUSTA NO SUL DO ESPÍRITO SANTO

Resumo – Com o objetivo de selecionar genótipos de café robusta superiores quanto às 12 características agrônômicas importantes, uma população constituída de 26 famílias de meios-irmãos foi avaliada, em delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições e originalmente com cinco plantas por parcela. Foram realizadas análises biométricas, como a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, na maioria dos caracteres estudados, verificaram-se diferenças significativas e os coeficientes de variação genotípicos e também à relação CV_g/CV_e indicam a existência de variabilidade genética nos materiais genéticos para as características e assim condições favoráveis para obtenção de ganhos genéticos pela seleção. Compararam-se as estratégias de seleção entre e dentro, combinada, massal e massal estratificada. As características estudadas foram florescimento, maturação, tamanho do grão, peso, vigor, porte, ferrugem, mancha de cercóspora, seca de ponteiros, escala geral, porcentagem de frutos boa e bicho mineiro. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o aplicativo computacional em genética e estatística (GENES). Foram estimados os ganhos de seleção em função de uma porcentagem de seleção de 20% entre e dentro de famílias para todas as características mensuradas. A seleção combinada, quando comparada à seleção entre e dentro, massal e massal estratificada, proporcionou as maiores estimativas de ganhos em oito das 12 características avaliadas, exceto para florescimento, porte e escala geral, sendo, assim, a estratégia mais apropriada para o melhoramento genético da população estudada. E nos estudos de correlações, na maioria dos casos, a correlação ambiental foi superior às genotípicas, mostrando maior influência dos fatores ambientais em relação aos genéticos.

Termos para indexação: Cofeeiro conilon, melhoramento, produtividade, variabilidade.

BIOMETRIC ASSESSMENTS OF FAMILIES OF HALF-BROTHERS OF ROBUSTA COFFEE IN THE SOUTH OF ESPÍRITO SANTO

Abstract: Aiming to select genotypes of robusta coffee superior as for 12 important agronomic characteristics, a population constituted of 26 half-sib families was evaluated, in a randomized block design, with four replications and originally with five plants in each plot. Biometric analyzes were performed, such as obtaining estimates of genetic parameters, in most characters, there were significant differences and the coefficients of genotypic variation and also the relation CV_g / CV_e , indicate the existence of genetic variability in the genetic material for the characteristics and thus favorable conditions for obtaining genetic gains by selection. It was compared the selection strategies among and within, combined, mass and stratified mass. The characteristics studied were flowering, maturation, grain size, weight, vigor, tree size, rust, cercospora spot, tip blight, general scale, percentage of float fruits and leaf miner. All of the statistical analyzes were performed with the computer application in genetic and statistics (GENES). Selection gains were estimated by reference to a percentage of 20% of selection among and within families for all of the characteristics measured. The combined selection, compared to selection among and within, mass and stratified mass, showed higher gains estimates in eight of 12 evaluated characteristics, except for flowering, tree size and general scale, which, under these conditions, becomes the most appropriate strategy for genetic improvement of the population studied. And in studies of correlation, in most cases the environmental correlation was higher than genotypic one, showing higher influence of environmental factors in relation to genetics.

Index terms: Conilon coffee, improvement, productivity variability.

1- Introdução

Para o sucesso de qualquer programa de melhoramento, é importante a existência da variabilidade genética na população e a utilização de métodos de melhoramento adequados como a quantificação da variabilidade genética e a estimativa de parâmetros genéticos os quais são de grande importância, pois permitem fazer uma inferência sobre o controle genético dos diferentes caracteres, comparar os métodos de seleção e obter conhecimentos sobre a estrutura genética da população (CRUZ E CARNEIRO, 2006).

O *C. canephora* possui grande variabilidade genética e é comum a identificação de plantas com características desejáveis na população de polinização aberta. É uma espécie rústica com ampla variabilidade genética em relação ao ciclo, porte, arquitetura, tamanho e forma dos grãos e sementes. Possui maior resistência ao ataque de pragas e doenças e é mais tolerante à seca (FONSECA 1999; FERRÃO 1999).

As estimativas das variâncias genéticas são obtidas a partir da análise de variância dos dados, conforme determinado delineamento genético e experimental. Os quadrados médios dessa análise são desdobrados em seus componentes de variância, na forma de equações, obtidas pelas expectativas ou esperanças matemáticas desses quadrados médios. Conhecida essas esperanças ou equações, são obtidas pela combinação delas, os estimadores de cada um dos componentes de variância (CRUZ E CARNEIRO 2003).

Os parâmetros genéticos: variâncias genéticas e fenotípicas e as herdabilidades, podem ajudar no direcionamento da seleção de cafeeiros mais promissores, além do cálculo de variâncias genética e de médias, a obtenção de estimativas de outros parâmetros genéticos, como coeficiente de herdabilidade e de variação genética, índice de variação e correlações genéticas serem considerados muito importantes, pois podem ajudar a prever ganhos, avaliar a viabilidade de determinado programa de melhoramento e orientar na adoção da estratégia mais eficiente de seleção. (CRUZ e CARNEIRO, 2003; FERRÃO, et al., 2008)

A importância da herdabilidade como parâmetro genético é muito importante, uma vez que fornece a proporção da variância fenotípica total que é passada às progênes e mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicativo do valor reprodutivo. Da mesma forma, Falconer (1989) considera que o valor da

herdabilidade deve ser estimado, porque requer uma população específica sob condições de ambiente específico, uma vez que esta depende da magnitude de todos os componentes da variância fenotípica, além de outros fatores que também possam vir a alterar a variabilidade genética da população como controle experimental, do local e número de anos de experimentação, da característica avaliada, do método de estimação e da natureza da unidade de seleção. Em cafeeiros brasileiros, são mais comuns as estimativas de parâmetros genéticos associados à média de família do que aos indivíduos, como a herdabilidade individual (FONSECA, 1999; RESENDE et al., 2001).

Geralmente, os programas de melhoramento têm o objetivo de obter cultivares aprimoradas para um conjunto de caracteres, por isso o estudo das correlações entre os caracteres é de fundamental importância para o melhoramento. As relações existentes entre os caracteres são, em geral, avaliadas por meio das correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente.

No melhoramento, também a correlação é muito importante, pois permite avaliar a natureza e o sentido das relações entre dois caracteres, e também atua como uma ferramenta que ajuda em estudos que visam diminuir o número de características analisadas, como, nos estudos de divergência genética, em que as características disponíveis são aquelas redundantes, por estarem correlacionadas com outras de mais fácil mensuração ou que demandam menor custo e, ou, tempo de avaliação (CRUZ et al., 2004).

As correlações, de acordo com melhoramento genético, podem ser de natureza genética, fenotípica ou ambiental. A correlação genética explica os componentes aditivos e a correlação ambiental, os componentes não-aditivos; são determinantes da correlação fenotípica, calculada a partir das medições das características na população (KOMINAKIS, 2003). Por meio das correlações genéticas é que se determinam como características se manifestam em relação à outra (FALCONER e MACKAY, 1996). São as únicas que envolvem associação de natureza herdável. Portanto, em estudos genéticos, é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres (CRUZ et al., 2004).

Objetivou-se neste trabalho estimar os parâmetros genéticos, buscando conhecer a estrutura genética da população e o potencial da mesma para melhoramento; comparar os ganhos genéticos, utilizando a seleção entre e dentro e a seleção

combinada, em famílias de meios-irmãos de *Coffea canephora* Pierre ex Froehner, visando indicar aquele que melhor se aplique ao melhoramento genético.

2- Material e Métodos

Neste trabalho, foram avaliadas 26 famílias de meios-irmãos do grupo robusta, progênicos segregantes oriundos de sementes e quatro testemunhas do grupo conilon provenientes de clones superiores do Incaper.

O trabalho foi conduzido na Fazenda Experimental de Bananal do Norte do Incaper, localizada no distrito de Pacotuba, município de Cachoeiro de Itapemirim, região sul do Estado, situada a 20°45' S; 41°17' W e altitude de 140 m. O solo do local é classificado como Latossolo Vermelho-Amarelo distrófico.

Foram utilizados materiais genéticos (progênes segregantes) de *Coffea canephora* do grupo robusta e quatro testemunhas de café conilon. Cada material genético do grupo robusta foi oriundo de sementes de plantas com características superiores selecionadas em população de robusta.

O experimento foi instalado em julho de 2004, no delineamento experimental blocos ao acaso com quatro testemunhas adicionais, quatro repetições e parcela composta por cinco plantas, no espaçamento de 3,0 m x 1,2 m. Foram avaliadas as características florescimento, maturação dos frutos, tamanho dos grãos, peso, vigor, porte, escala geral, seca de ponteiros, mancha cercospora, ferrugem, bicho mineiro e porcentagem de frutos de boia. Essas 12 características agrônômicas, avaliadas em cinco anos consecutivos (2007-2011), serão descritas abaixo no item 2.1.

2.1 CARACTERÍSTICAS AVALIADAS

Foram realizadas avaliações para doze características agrônômicas:

Florescimento (FLO) – determinado pelo período de tempo decorrido entre o dia da floração e o dia da colheita, para cada um dos materiais.

Maturação dos frutos (MAT) - Análise visual do campo, por ocasião da colheita, associando as notas de 1 a 7, sendo: 1 = PP super precoce; 2 = P precoce; 3 = P/M precoce/médio; 4 = M médio; 5 = M/T médio/tardio; 6 = T tardio; 7 = TT super tardio.

Tamanho dos grãos (TAM) – Análise visual do campo, por ocasião da colheita, associando notas de 1 a 4, sendo 1= P – pequeno; 2 = M – médio; 3 = G – graúdo; 4 = GG – muito graúdo.

Peso (PES) – Produção de grãos por planta (PES) – peso de café cereja, por ocasião da colheita em gramas por planta.

Vigor (VIG) – potencial de desenvolvimento da planta avaliado por meio de notas de 1 a 10, sendo: 1 - Muito fraco; 3 – Fraco; 5 – Intermediário; 7 – Vigoroso; 9 - Muito vigoroso.

Porte (POR) – dado em escala de 1 a 3, sendo: 1, Baixo; 2 Médio; 3, Alto.

Escala Geral (E.G) – É a soma de atributos da planta: vigor+carga pendente + incidência de pragas e doenças + adaptação. Associando as notas de 1 a 10, sendo: 1 Muito ruim; 3 Ruim; 5 Intermediário; 7 Bom; 9 Muito bom; 10 Excelente.

Seca de ponteiros (S. PON) - Associando as notas de 1 a 9, sendo: 1 Sem sintomas visíveis; 3 Infecções leve, poucos ramos, secos; 5 Infecção moderada, vários ramos secos; 7 Elevado número de ramos secos; 9 Sintomas muito severos, planta com maioria dos ramos secos.

Mancha cercospora (M.Cer) - Associando as notas de 1 a 9, sendo: 1 Sem sintomas visíveis na folha; 3 Presenças de poucas lesões nas folhas; 5 Lesões nas folhas e presença moderada nos frutos; 7 Presenças de muitas lesões nas folhas; 9 Sintomas muito severos nas folhas e frutos.

Ferrugem (FER) - Associando as notas de 1 a 9, sendo: 1 Sem sintomas visíveis; 3 Algumas folhas com poucas pústulas; 5 Folhas com infecção moderada sem desfolha; 7 Folhas com infecção alta, pústula abundantes, ocorrendo desfolha; 9 Sintomas muito severos com grande desfolha.

Bicho mineiro (B.MIN) - Associando as notas de 1 a 9, sendo: 1 Sem sintomas visíveis; 3 Algumas folhas com minas; 5 Folhas moderadamente minadas, sem desfolha; 7 Folhas com muitas minas, ocorrendo desfolha; 9 Sintomas muito severos com grande desfolha.

Porcentagem de frutos boia (% F.B) - Para determinação dos frutos boia são colhidos 100 frutos de cada planta no estágio de cereja. A seguir, as amostras são colocadas em recipiente com água, e os frutos que flutuam são contados e eliminados da amostra. Em seguida, os frutos restantes são despulpados manualmente, novamente imersos em água e as sementes que passam a flutuar são contadas. Considera-se como resultado a soma das duas contagens, expresso em porcentagem.

2.2- DESCRIÇÃO DOS TRATAMENTOS

TRATAMENTOS UTILIZADOS NO TRABALHO ENCONTRA-SE ABAIXO:

FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS (FMI): 1= IAC 2286-3; 2= IAC 229- 8; 3= IAC 2262; 4= IAC 2292-15; 5= IAC 2261-8; 6= IAC 2259-12; 7= IAC 3599-2; 8= IAC 2264-20; 9= IAC 2259-12; 10= IAC 3597-10; 11= IAC2285-15; 12= IAC 3598-7; 13= IAC 2258-5; 14= IAC 2291-12; 15= IAC 2255-3; 16= 1647-9; 17= IAC 1657-7; 18= IAC 1643-4; 19= IAC 1653-6; 20= IAC 1650-5; 21= IAC 1658-6; 22= IAC 1643-5; 23= IAC 1655-2; 24= IAC 1654-3; 25= IAC 1654-6; 26= IAC 1655-3

TESTEMUNHAS: T1(27) = clone 02 maturação precoce; T2(28)= clone 16- maturação intermediária; T3(29)= clone 153- maturação tardia; T4(30)= variedade robusta tropical (INCAPER 8151 robusta tropical)

2.3- ANÁLISE DE VARIÂNCIA

Em cada uma das características, foi realizada a análise de variância com o objetivo de testar a hipótese de existência de variância genética entre médias de famílias de meios-irmãos na população. Com base no modelo em blocos ao acaso com informação de indivíduos dentro de parcela, foram estimados os parâmetros

genéticos a partir de informações de parcela e de indivíduos dentro da parcela, segundo o seguinte modelo estatístico (CRUZ, 2006b):

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + \epsilon_{ij} + \delta_{ijk}$$

em que

Y_{ijk} = observação na k-ésima planta, na i-ésima família, do j-ésimo bloco;

μ = média geral da população;

G_i = efeito da i-ésima família ($i = 1, 2, \dots, g$, $G_i \sim \text{NID}(0, 2\sigma_g)$);

B_j = efeito do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, r$, $B_j \sim \text{NID}(0, 2\sigma_b)$);

ϵ_{ij} = efeito aleatório ambiental existente entre parcelas ($\epsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, 2\sigma_e)$);

δ_{ijk} = efeito aleatório existente entre plantas dentro das parcelas ($k = 1, 2, \dots, n$ e $\delta_{ijk} \sim \text{NID}(0, 2\sigma_d)$).

O esquema da análise de variância, em nível de indivíduos (plantas), com as respectivas esperanças de quadrados médios, é apresentado no Quadro 1.

Esquema de análise de variância, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	$r - 1$	QMB	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + n\sigma_b^2$
Famílias (FMI)	$g - 1$	QMG	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\sigma_g^2$
Entre parcelas	$(r-1)(g-1)$	QME	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$
Dentro parcelas	$(n-1)Gr$	QMD	σ_d^2

em que

QM = quadrado médio;

E(QM) = esperança matemática dos quadrados médios;

σ_d^2 = componente de variância devido à variação dentro de parcelas;

σ_e^2 = componente de variância devido ao erro entre parcelas;

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

σ_g^2 = componente de variância genética.

2.4- ESTIMAÇÃO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

2.4.1 Componentes de variância

Os componentes de variância para cada característica foram estimados a partir das análises da variância, conforme CRUZ e CARNEIRO (2003), por meio dos respectivos estimadores, como segue:

- Variância de bloco:

$$\hat{\sigma}_b^2 = \frac{(QMB - QME)}{ng}$$

- Variância genética entre médias de famílias:

$$\hat{\sigma}_{gm}^2 = \frac{(QMF - QME)}{nr}$$

- Variância ambiental entre parcelas:

$$\hat{\sigma}_{ee}^2 = \frac{(QME - QMD)}{n}$$

- Variância fenotípica entre plantas dentro de famílias:

$$\hat{\sigma}_{fd}^2 = QMD$$

- Variância genética dentro de família ou entre plantas dentro de famílias:

$$\hat{\sigma}_{gd}^2 = \frac{3}{4}\hat{\sigma}_A^2 = 3\hat{\sigma}_{gm}^2$$

- Variância genética aditiva:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_{gm}^2$$

- Variância fenotípica entre plantas no experimento:

$$\hat{\sigma}_{fp}^2 = \hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_b^2$$

2.4.2 Coeficientes de herdabilidade e de variação

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade em plantas individuais dentro de famílias e em médias de famílias, desprezando-se a ocorrência de endogamia, conforme CRUZ e CARNEIRO (2003), como a seguir:

- Coeficiente de herdabilidade, em nível de plantas individuais, para seleção entre plantas dentro de famílias:

$$h_d^2 = \frac{3\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2}$$

- Coeficiente de herdabilidade, em famílias, para seleção entre médias de famílias de meios-irmãos:

$$h_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gm}^2}{\text{QMF}/nb}$$

- Coeficiente de herdabilidade, em plantas individuais, para seleção entre plantas dentro de cada bloco (Seleção massal estratificada):

$$h_r^2 = \frac{4\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_{ee}^2 + \hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2}$$

- Coeficiente de herdabilidade, em plantas individuais, para seleção entre plantas dentro do experimento (Seleção massal no experimento):

$$h_e^2 = \frac{4\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_{ee}^2 + \hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2}$$

Os coeficientes de variação foram estimados conforme VENCOVSKY; BARRIGA (1992):

Coeficiente de variação experimental comparável ao de blocos ao acaso, sem informação dentro da parcela:

$$CV_{ex}(\%) = \frac{\sqrt{QME/n}}{\hat{m}}$$

em que \hat{m} é a média geral do experimento.

- Coeficiente de variação genética entre famílias:

$$CV_{ge}(\%) = 100 \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{gm}^2}}{\hat{m}}$$

- Coeficiente de variação genética dentro de famílias:

$$CV_{gd}(\%) = 100 \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{gd}^2}}{\hat{m}}$$

- Coeficiente de variação ambiental:

$$CV_e(\%) = 100 \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{ee}^2}}{\hat{m}}$$

O coeficiente de variação – CV é a estatística mais utilizada por pesquisadores na avaliação da precisão experimental - consiste no desvio padrão residual expresso em porcentagem da média geral. Conforme Gomes (1985), o CV dá uma ideia da precisão do experimento. Depois de analisar vários experimentos agrícolas, o autor classificou os CV's em baixos, quando inferiores a 10%; médios de 10 a 20%; altos de 20 a 30% e muito altos, quando superiores a 30%. A grande vantagem dessa estatística é a de permitir a comparação entre experimentos, sem a necessidade de igualdade de unidades. Entretanto, essa classificação é muito abrangente e não considera as particularidades da espécie estudada, e, principalmente, não faz distinção entre a natureza da variável analisada.

2.5- O TESTE DE DUNNETT

Segundo VIEIRA et al. (1989), deve-se aplicar o teste de Dunnett toda vez que se pretende comparar as médias dos tratamentos apenas com a média do controle. Para obter a diferença mínima significativa (d.m.s) aplica-se a fórmula:

$$\text{d.m.s.} = d \sqrt{\frac{2 * QMR}{r}}$$

em que d é um valor dado em tabela, ao nível de significância estabelecido, QMR é o quadrado médio do resíduo da análise de variância e r é o número de repetições.

Para as comparações múltiplas em que um tratamento serve de referência para os demais, ou seja, deseja-se comparar todos com apenas um Dunnett (1955) citado por SAMPAIO (2002) sugeriu a seguinte diferença mínima significativa:

$$\text{d.m.s}_{(\text{Dunnett})} = D \sqrt{se^2 + \Sigma C_i^2 / r_i}$$

em que D é o valor encontrado na tabela de Dunnett proposta em função dos (t – 1) graus de liberdade (t = número de tratamentos) e os graus de liberdade do resíduo, se 2 é a estimativa do quadrado médio do resíduo obtida da análise de variância e Ci é o coeficiente utilizado no contraste i com ri repetições.

Quando todos os tratamentos têm igual número de observações:

$$\text{d.m.s}_{(\text{Dunnett})} = D \sqrt{2 se^2 / r}$$

Que é semelhante ao teste t de Student, exceto pelo valor de D, aqui ajustado para um maior número de tratamentos.

2.6- SELEÇÃO

Os ganhos de seleção foram estimados, considerando as 26 famílias segregantes de meios-irmãos de café (robusta), em função de uma porcentagem de seleção de 20% entre e dentro, sendo as mesmas mantidas para todas as características, a fim de facilitar as interpretações e discussões dos resultados e comparação entre os diferentes critérios de seleção empregados neste estudo. Algumas características foram selecionadas no sentido positivo, isto é, de modo a obter acréscimo em suas médias originais, exceto florescimento, porte, ferrugem, mancha cercóspora, seca de

ponteiros, porcentagem de frutos boia e bicho mineiro para obter decréscimo em suas médias originais.

2.6.1-Seleção entre e dentro

Foram estimados os ganhos de seleção entre e dentro das famílias de meios-irmãos de cafeeiro robusta, em cada variável, conforme CRUZ et al. (2004):

- **Ganho de seleção entre famílias**

$$GS_e = h_e^2 DS \text{ e } GS_e(\%) = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0}$$

em que

GS = ganho de seleção entre;

h_e^2 = herdabilidade em nível de média de família;

$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_0$ = diferencial de seleção; e

\bar{X}_s e \bar{X}_0 = média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

- **Ganho de seleção dentro famílias**

$$GS_d = h_d^2 DS_m \text{ e } GS_d(\%) = \frac{100GS_d}{\bar{X}_0}$$

em que

GS_d = ganho de seleção dentro;

h_d^2 = herdabilidade em nível de plantas (entre plantas dentro de famílias);

DS_m = diferencial de seleção médio dentro das várias parcelas das famílias selecionadas.

- **Ganho de seleção entre e dentro famílias**

$$GS_{ed} = GS_e + GS_d$$

2.6.2- Seleção combinada

A seleção combinada consiste no estabelecimento de um índice para cada indivíduo, para determinada característica, cujos pesos que compõem esse índice foram obtidos do próprio indivíduo.

No presente trabalho, adotou-se o índice apresentado por PIRES et al. (1996), dado por:

$$I_{ijk} = b_i (Y_{ijk} - \bar{Y}_{.j}) + b_f (Y_{i..} - \bar{Y}_{...})$$

em que:

I_{ijk} = índice estimador do valor genético da k-ésima planta, da i-ésima família, na j-ésima repetição;

Y_{ijk} = é o valor fenotípico do indivíduo ijk ;

$\bar{Y}_{.j}$ = média da repetição j a que pertence o indivíduo ijk .

$\bar{Y}_{i..}$ = média da família i ;

$\bar{Y}_{...}$ = média geral do experimento;

b_i e b_f = pesos atribuídos à seleção de indivíduos e de média de famílias;

$D_i = Y_{ijk} - \bar{Y}_{.j}$ = desvio do valor fenotípico individual em relação à média da repetição a que pertence;

$D_f = Y_{i..} - \bar{Y}_{...}$ = desvio do valor fenotípico da família em relação à média geral.

2.6.3- Seleção massal

Os ganhos de seleção massal foram estimados para cada variável nas famílias de meios-irmãos de cafeeiro robusta, por meio das seguintes expressões:

$$GS_m = h_e^2 DS \qquad GS_m(\%) = \frac{100GS_m}{\bar{X}_0}$$

em que

GS_m = ganho de seleção massal;

h_e^2 = herdabilidade em plantas individuais, para seleção entre plantas dentro do experimento;

$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_0$ = diferencial de seleção; e

\bar{X}_s e \bar{X}_0 = média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

2.6.4- Seleção massal estratificada

$$GS_{me} = h_r^2 DS \qquad GS_{me} (\%) = \frac{100GS_{me}}{\bar{X}_0}$$

em que

GS_{me} = ganho de seleção massal estratificada;

h_e^2 = herdabilidade em plantas individuais, para seleção entre plantas dentro de cada bloco;

$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_0$ = diferencial de seleção; e

\bar{X}_s e \bar{X}_0 = média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

Para a realização das análises estatísticas, foi utilizado o aplicativo computacional em genética e estatística, denominado “Programa GENES” (CRUZ, 2013).

3- RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1- ANÁLISE DE VARIÂNCIA INDIVIDUAL E CONJUNTA

A análise de variância revelou a existência de diferenças significativas entre as progênies, a 5% de probabilidade pelo teste F, para as características maturação (MAT), tamanho do grão (T.G), porte (POR), vigor (VIG), ferrugem (FER), mancha de cercóspora (M. CE), seca de ponteiros (S.PO), escala geral (E.G) e porcentagem de frutos boia (%F.B) Tabela 1. Assim, pode-se inferir que existe variabilidade genética entre as famílias e há possibilidades de obtenção de ganhos genéticos pela aplicação de seleção nessa população.

As características que apresentaram variância genética não significativa a 5% de probabilidade pelo teste F foram florescimento (FLO), peso (PES) e bicho mineiro (B.M). Essas características não foram excluídas das análises subsequentes, a fim de identificar as principais famílias, mesmo que, para estas características, não apresentassem variabilidade suficiente. Os resultados das análises de variância e os parâmetros genéticos das 12 características mensuradas estão apresentados nas Tabelas 2, 7, 8, e 9.

O coeficiente de variação (CV) consiste no desvio-padrão residual expresso em porcentagem da média geral. É a estatística mais utilizada por pesquisadores na avaliação da precisão experimental. Assim sendo, podemos observar que os maiores coeficientes de variação experimental foram obtidos nas características peso (25,924) e porcentagem de frutos boia (39,412). Nas demais características, obtiveram-se coeficientes de variação experimentais mais baixos (Tabela 1). A julgar por esses coeficientes de variação experimentais, pode-se admitir a existência de boa precisão na obtenção e análise dos dados, proporcionando, portanto, confiabilidade nos resultados aqui obtidos. Essa teoria também foi utilizada por Cruz (1990), que em seus experimentos considerou como peso mais apropriado o uso do coeficiente de variação na predição de ganhos em milho. Entretanto, Martins (1999); Granate et al. (2002), em seus trabalhos com eucalipto e milho-pipoca, respectivamente, não obtiveram resultados desejados ao utilizá-los na predição de ganhos.

Tabela 1 – Resumo da análise de variância de 12 caracteres agrônômicos avaliados em 26 Famílias de meios-irmãos de *Coffea canephora* do grupo robusta, Incaper.

FV	GL	QM											
		FLO	MAT	T.GR	PES	POR	VIG	FER	M.CE	S.PO	E.GER	%F.B	B.M
Bloco	3	1260,81	3,119	3,184	110510816,37	0,766	7,060	2,261	1,501	2,798	27,109	1874,94	2,320
Genótipo	25	323,95	3,532*	1,893*	4700055,28	0,704*	2,034*	1,582*	0,452*	0,575*	5,783*	366,81*	0,473
Entre parcelas	75	204,14	1,293	0,244	3479903,87	0,194	0,551	0,135	0,216	0,229	1,503	184,63	0,305
Dentro de parcelas	412	144,01	0,838	0,236	2235485,14	0,126	0,468	0,099	0,082	0,144	0,750	108,80	0,134
Média		319,95	4,90	2,62	3233,46	2,47	6,51	1,882	1,89	1,86	5,070	15,51	2,74
CV _{exp.} (%)		2,00	10,41	8,45	25,92	8,01	5,12	8,79	11,03	11,56	10,86	39,41	9,04

*Significativo a 5% de probabilidade, pelo teste F.; FMI: famílias de meios-irmãos, FLO: florescimento (dias do florescimento a colheita); MAT: (época de maturação); T. GR: tamanho do grão; PES: produção (g); POR: porte; VIG: vigor; FER: ferrugem; M.CE: mancha cercóspera; S.PO: seca de ponteiros; E:GER: escala geral; %F.B: porcentagem de frutos boia (%); B.M: bicho mineiro

3.2- COMPARAÇÃO DE MÉDIAS PELO CRITÉRIO DE DUNNETT

Baseando nos dados da Tabela 2, observa-se que para a característica florescimento, a progênie 9 foi a mais precoce e com média semelhante a duas testemunhas. As demais 25 progênies foram semelhantes a todas as testemunhas.

Na característica maturação, as progênies 2, 12 e 17 foram as três que apresentaram a maior média, semelhante a duas testemunhas bc.

Na característica tamanho do grão, as progênies 1 e 5 apresentaram as maiores médias (3,07; 2,99), respectivamente, semelhantes apenas à testemunha T3, a qual possui a maior média (2,31) dentre as testemunhas.

Ainda pode-se observar que, em relação às características seca de ponteiros, peso e porte, todas as progênies foram semelhantes às testemunhas.

Analisando o vigor das plantas, verifica-se que as progênies 9 e 14 apresentaram semelhança com as testemunhas bd, e todas as outras foram semelhantes as quatro testemunhas. Na característica ferrugem, a progênie 10 foi semelhante somente à testemunha ac. As progênies 6, 9, 14 e 23 não apresentaram semelhança com nenhuma das quatro testemunhas e as demais progênies foram semelhantes à testemunha c.

Comparando a escala geral, observa-se que as progênies 6, 9, 12, 13, 14, 16, 21, 22, 23 e 25 não foram semelhantes a nenhuma das testemunhas aqui estudadas, e o mesmo ocorre para as progênies 6, 9 e 23 para a característica bicho mineiro, mostrando que tais progênies precisam ser melhor estudadas.

Portanto, as FMI semelhantes às testemunhas também são consideradas promissoras para o melhoramento genético.

Tabela 2- Comparação de médias de 26 famílias de meios-irmãos de café robusta colhidas na Fazenda Experimental de Bananal do Norte, Incaper

TRAT	FLO		MAT		T.GR		PES		POR		VIG	
1	322,35	abcd	5,26	bcd	2,99	c	3438,93	abcd	2,79	abcd	6,92	abcd
2	325,90	abcd	5,63	bc	2,47	abcd	3743,71	abcd	2,41	abcd	6,50	abcd
3	313,22	abcd	4,54	abcd	2,17	abcd	3388,92	abcd	2,28	abcd	6,59	abcd
4	314,91	abcd	4,77	abcd	2,81	cd	3204,96	abcd	2,34	abcd	6,73	abcd
5	321,30	abcd	5,22	bcd	3,07	c	3700,08	abcd	2,59	abcd	6,91	abcd
6	301,61	abcd	4,27	ab d	2,11	abcd	3062,78	abcd	1,77	abcd	5,81	abcd
7	323,00	abcd	4,71	abcd	2,89	cd	3050,80	abcd	2,39	abcd	6,38	abcd
8	322,16	abcd	4,66	abcd	2,11	abcd	3450,23	abcd	2,09	abcd	6,60	abcd
9	295,13	a d	3,98	ab d	1,84	abcd	2424,89	abcd	1,86	abcd	5,52	b d
10	318,5	abcd	4,32	ab d	1,70	abcd	4338,65	abcd	2,1	abcd	7,2	abcd
11	322,42	abcd	5,08	bcd	2,49	abcd	3610,48	abcd	2,54	abcd	6,84	abcd
12	323,10	abcd	5,64	bc	2,49	abcd	2085,86	abcd	2,39	abcd	6,35	abcd
13	320,90	abcd	5,2	bcd	2,84	cd	2711,95	abcd	2,51	abcd	6,12	abcd
14	303,45	abcd	4,43	abcd	2,49	abcd	2948,02	abcd	1,89	abcd	5,61	b d
15	311,78	abcd	4,42	abcd	2,71	cd	3748,49	abcd	2,81	abcd	6,81	abcd
16	316,06	abcd	4,11	ab d	2,49	abcd	2722,21	abcd	2,64	abcd	6,80	abcd
17	328,53	abcd	5,68	bc	2,89	cd	3947,71	abcd	2,45	abcd	5,94	abcd
18	321,53	abcd	4,64	abcd	2,73	cd	3713,76	abcd	2,43	abcd	6,60	abcd
19	320,26	abcd	4,69	abcd	2,71	cd	3064,40	abcd	2,40	abcd	6,07	abcd
20	322,04	abcd	5,23	bcd	2,71	cd	3286,09	abcd	2,52	abcd	6,34	abcd
21	319,24	abcd	4,90	bcd	2,89	cd	2949,20	abcd	2,68	abcd	6,11	abcd
22	317,57	abcd	4,55	abcd	2,66	a cd	2697,34	abcd	2,67	abcd	6,27	abcd
23	304,74	abcd	4,55	abcd	2,00	abcd	2922,35	abcd	1,84	abcd	5,82	abcd
24	320,85	abcd	4,84	abcd	2,65	abcd	3092,25	abcd	2,32	abcd	6,33	abcd
25	321,87	abcd	5,03	bcd	2,45	abcd	2818,85	abcd	2,83	abcd	6,91	abcd
26	320,38	abcd	4,30	ab d	2,51	abcd	3298,57	abcd	2,45	abcd	6,10	abcd
T1 (27)	309,86	a	3,37	a	1,72	a	2615,55	a	2,06	a	7,12	a
T2 (28)	327,55	b	5,05	b	1,68	b	3527,52	b	2,0	b	6,65	b
T3 (29)	329,13	c	5,9	c	2,31	c	2613,8	c	2,0	c	7,01	c
T4 (30)	317,1	d	4,05	d	1,95	d	2801,15	d	2,0	d	6,75	d

Comparação de médias de 26 famílias de meios-irmãos de café Robusta avaliadas na Fazenda Experimental Bananal do Norte, Incaper.

Continuação da Tabela 2- Comparação de médias de 26 famílias de meios-irmãos de café robusta colhidas na Fazenda Experimental de Bananal do Norte, Incaper

TRAT	FER		M.CE		S.PO		E.GE		%F.B		B.M	
1	1,74	c	1,81	abcd	1,92	abcd	4,91	d	16,32	bcd	2,60	a c
2	1,93	c	1,83	abcd	1,78	abcd	4,93	d	17,45	bcd	2,79	a cd
3	1,75	c	1,82	abcd	1,73	abcd	5,18	abcd	13,19	abcd	2,72	a cd
4	1,87	c	1,71	abcd	1,79	abcd	5,10	bcd	19,81	bc	2,69	a c
5	1,78	c	1,78	abcd	1,71	abcd	5,30	abcd	22,86	bc	2,83	abcd
6	1,27		1,22	A	1,27	abcd	4,14		18,65	bcd	1,98	
7	1,81	c	2,12	abcd	2,03	abcd	5,13	bcd	16,45	bcd	2,86	abcd
8	1,87	c	1,85	abcd	1,86	abcd	5,31	abcd	15,60	bcd	2,66	a c
9	1,22		1,50	ab d	1,50	abcd	3,61		17,85	bcd	2,13	
10	3,21	ac	2,32	abcd	1,46	abcd	7,06	abcd	17,08	bcd	3,17	abcd
11	1,78	c	1,67	abcd	1,80	abcd	5,44	abcd	11,31	abcd	2,66	a c
12	1,73	c	1,95	abcd	1,88	abcd	4,30		16,80	bcd	2,70	a c
13	1,87	c	1,86	abcd	2,01	abcd	4,43		11,11	abcd	2,86	abcd
14	1,20		1,28	ab	1,60	abcd	4,27		23,07	bc	2,44	a c
15	1,71	c	1,59	abcd	1,67	abcd	5,41	abcd	16,13	bcd	2,38	c
16	1,77	c	1,93	abcd	1,56	abcd	4,72		11,13	abcd	2,79	a cd
17	1,90	c	1,88	abcd	2,03	abcd	5,06	bcd	15,96	bcd	2,63	a c
18	1,90	c	2,01	abcd	1,74	abcd	5,57	abcd	6,95	a cd	2,80	a cd
19	1,92	c	1,86	abcd	2,12	abcd	4,92	d	15,72	bcd	2,88	abcd
20	1,87	c	1,97	abcd	2,00	abcd	5,27	abcd	16,71	bcd	2,60	a c
21	1,80	c	2,03	abcd	2,05	abcd	4,71		6,35	a cd	2,77	a cd
22	1,81	c	1,94	abcd	1,90	abcd	4,63		11,55	abcd	2,72	a cd
23	1,21		1,30	ab	1,26	abcd	4,14		17,50	bcd	2,05	
24	1,90	c	2,02	abcd	1,95	abcd	4,93	d	11,53	abcd	2,86	abcd
25	1,79	c	1,80	abcd	1,69	abcd	4,78		16,62	bcd	2,61	a c
26	2,03	c	1,94	abcd	1,87	abcd	5,65	abcd	13,32	abcd	2,81	a cd
T1 (27)	4,03	a	2,07	A	1,90	a	6,78	a	2,45	a	3,43	a
T2 (28)	4,32	b	2,23	B	1,88	b	6,61	b	20,11	b	3,85	b
T3 (29)	2,58	c	2,50	C	1,77	c	6,63	c	15,90	c	3,35	c
T4 (30)	4,30	d	2,35	D	1,75	d	6,45	d	6,09	d	3,75	d

Comparação de médias de 26 famílias de meios-irmãos de café Robusta avaliadas na Fazenda Experimental Bananal do Norte, Incaper.

3.3- ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

A quantificação da variabilidade genética e a estimação de parâmetros genéticos são de fundamental importância em programas de melhoramento, pois permitem identificar a estrutura genética da população e, portanto, constituem a base para a identificação das estratégias de melhoramento.

Porém, deve-se atentar para as diferenças encontradas nas estimativas dos parâmetros genéticos, pois as estimativas obtidas só são válidas, para a população da qual o material experimental constitui algum tipo de amostra e nas condições em que o estudo foi conduzido, ou seja, os genótipos devem constituir amostras que representem ao máximo a população em questão (FALCONER, 1981; VENCOVSKY, 1987).

Desse modo, o estudo da diversidade das populações fornece as bases para a identificação de indivíduos divergentes, auxiliando o melhorista na seleção de combinações mais promissoras e favoráveis aos cruzamentos (FALCONER, 1989).

3.3.1 Estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais

Pode-se observar que todas as características em estudo exibem níveis diferenciados de controle genético Tabela 3, o que mostra a magnitude das variâncias associadas, conforme pode-se observar ao comparar peso com porte, mancha de cercóspora e bicho mineiro, que apresentaram, em geral, as maiores e as menores estimativas de variância, respectivamente.

Tabela 3 – Estimativas da variância, genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância genética entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_{ef}^2$), variância genética dentro de família ($\hat{\sigma}_{df}^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{ep}^2$) e variância residual ($\hat{\sigma}_r^2$), avaliadas em 26 FMI na fazenda experimental Bananal do Norte, Incaper

CARACTERÍSTICAS												
PARÂMETROS GENÉTICOS	FIOR	MAT	T. GR	PES	POR	VIG	FER	M.CE	S. PO	E. GER	%F.B	B.M
$\hat{\sigma}_A^2$	24,191	0,452	0,333	246376,72	0,102	0,299	0,292	0,047	0,069	0,864	36,872	0,033
$\hat{\sigma}_{ef}^2$	6,047	0,113	0,083	61594,18	0,025	0,074	0,073	0,011	0,017	0,216	9,218	0,008
$\hat{\sigma}_{df}^2$	95,453	0,471	0,229	1230377,70	0,072	0,401	0,070	-0,025	0,074	0,141	47,399	-0,004
$\hat{\sigma}_f^2$	144,018	0,838	0,236	2235485,14	0,126	0,468	0,099	0,082	0,144	0,750	108,800	0,134
$\hat{\sigma}_{ep}^2$	18,143	0,339	0,249	184782,54	0,077	0,224	0,219	0,035	0,052	0,648	27,654	0,025
$\hat{\sigma}_r^2$	12,141	0,091	0,001	251276,85	0,013	0,016	0,007	0,027	0,017	0,152	15,350	0,034

FMI: famílias de meios-irmãos, FLO: florescimento (dias do florescimento a colheita); MAT: (época de maturação); T. GR: tamanho do grão; PES: produção (g); POR: porte; VIG: vigor; FER: ferrugem; M.CE: mancha cercóspera; S.PO: seca de ponteiros; E:GER: escala geral; %F.B: porcentagem de frutos boa (%); B.M: bicho mineiro

3.3.2 Estimativas de herdabilidade

As estimativas de herdabilidade (Tabela 4), com base em indivíduos no experimento e em indivíduos no bloco, apresentaram valores muito próximos, indicando que os blocos contribuíram pouco para a variância fenotípica, resultado também encontrado por PIRES, (1996); Nunes (2006) e Negreiros (2006) em maracujazeiro.

A herdabilidade não é um parâmetro fixo, portanto, as estimativas de herdabilidade em uma população podem variar de acordo com as características avaliadas, a diversidade na população, o tamanho da amostra avaliada, o nível de endogamia da população, o número e tipos de ambientes considerados, a precisão na condução do experimento e na coleta de dados e com a unidade experimental considerada BORÉM (2001).

As estimativas de herdabilidade por expressarem a confiabilidade com que os fenótipos representam os genótipos, talvez representem o principal parâmetro genético, portanto muito importante para melhoramento. Características com maiores coeficientes de herdabilidade respondem mais facilmente à seleção. Assim, a escolha do método de seleção depende naturalmente das estimativas de herdabilidade.

As estimativas de herdabilidade em médias de famílias foram superiores às estimativas de herdabilidade em indivíduos dentro de famílias para a maioria dos caracteres, exceto Tamanho do grão, ferrugem e escala geral. Esses valores indicam maiores possibilidades de sucesso em família do que dentro de família (Tabela 4). Essa superioridade está em conformidade com aqueles encontrados por outros autores que trabalham com espécies do gênero *Eucalyptus* (PAULA, 1997; PIRES, 1996).

Tabela 4 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidade em médias de famílias (h_{mf}^2), de indivíduos dentro de famílias (h_{df}^2), indivíduos no bloco (h_b^2) e de indivíduos no experimento (h_{ie}^2), estimados para as características em estudo, nas famílias de meios-irmãos de *Coffea canephora*

Coeficientes de Herdabilidade	Características											
	FLO	MAT	T. GR	PES	POR	VIG	FER	M.CE	S. PO	E.GER	%F. B	B.M
h_{mf}^2	0,369	0,634	0,870	0,259	0,723	0,729	0,914	0,520	0,600	0,740	0,496	0,354
h_{df}^2	0,126	0,404	1,058	0,082	0,607	0,479	2,196	0,431	0,362	0,864	0,254	0,189
h_b^2	0,149	0,433	1,037	0,096	0,617	0,534	1,622	0,391	0,389	0,772	0,276	0,190
h_{ie}^2	0,142	0,427	0,968	0,072	0,601	0,490	1,486	0,361	0,350	0,656	0,251	0,175

FMI: famílias de meios-irmãos, FLO: florescimento (dias do florescimento a colheita); MAT: (época de maturação); T. GR: tamanho do grão; PES: produção (g); POR: porte; VIG: vigor; FER: ferrugem; M.CE: mancha cercóspera; S.PO: seca de ponteiros; E:GER: escala geral; %F.B: porcentagem de frutos boa (%); B.M: bicho mineiro.

3.3.3 - Estimativas dos coeficientes de variação

As estimativas do coeficiente de variação genética (CV_g) é de considerável importância, pois quanto maior o seu valor, mais heterogêneos são os genótipos avaliados (SHIMOYA, 2000). Desse modo, as estimativas desse coeficiente demonstram a heterogeneidade dos genótipos para as características estudadas, o que é desejável para a seleção de materiais em um programa de melhoramento, tornando possível a seleção de genótipos superiores. Em seus estudos, FERRÃO et al., (2008) encontraram 38% dos casos estudados, que o CV_g se mostraram maior do que o CV_e , com valores do índice de variação (CV_g/CV_e) superiores a 1,00, o que caracteriza predominância de fatores genéticos sobre ambientais. Neste trabalho, encontramos que em 70% dos casos estudados, o CV_g se mostraram maior do que o CV_g , com valores do índice de variação (CV_g/CV_e) superiores a 1,00. E com magnitudes diferentes encontradas por FERRÃO, 2008, o qual encontrou 0,70 e 2,00. Aqui essa magnitude teve uma faixa um pouco maior.

Os resultados apresentados na Tabela 9 indicam situação favorável para obtenção de ganhos, pois segundo VENCOVSKY (1987), quando a relação entre os coeficientes de variação genética entre famílias e de variação ambiental tender a um ou mais, é um indicativo para obtenção de ganhos na seleção.

Pois quando essa relação é superior a um, a variação genética supera a variação ambiental, favorecendo a seleção. Para a relação CV_{ge}/CV_e , essa condição foi verificada, neste trabalho, nas características: maturação, tamanho do grão, porte, vigor, ferrugem, seca de ponteiros e escala geral, com exceção de florescimento, peso, mancha cercóspera, porcentagem de frutos boia e bicho mineiro, como está representado na Tabela 9. Indicando, portanto que tais características valores acima de um, possuem perspectivas favoráveis de ganhos na seleção entre famílias. Já para a relação CV_{gd}/CV_e , essa condição foi verificada nas características: florescimento, maturação, tamanho do grão, peso, porte, vigor, ferrugem, seca de ponteiros e porcentagem de frutos boia, com exceção de mancha cercóspera, escala geral e bicho mineiro.

Tanto o CV_{ge} como o CV_{gd} foram superiores aos CV_e nas características maturação, tamanho do grão, porte, vigor, ferrugem e seca de ponteiros,

evidenciando perspectivas favoráveis de ganhos na seleção entre tanto quanto dentro de famílias nessas características (Tabela 5).

Altos coeficientes de variação também foram verificados em experimentos de avaliações de progênies e clones de café, com magnitudes de 20 a 40%; (FONSECA, 1999; BRAGANÇA et al., 2000; BONOMO, 2002; FERRÃO et al., 2003).

Os altos CV_e podem ter as seguintes causas: longo ciclo da cultura; respostas diferenciadas dos genótipos aos estresses de altas temperaturas e seca; respostas diferenciadas dos materiais à incidência de pragas e doenças; e mudanças nas equipes de trabalhos, que fazem as avaliações de campo, colheita e de pós-colheita.

Tabela 5 – Estimativas dos coeficientes de variação genético entre famílias (CV_{ge}), genético dentro de família (CV_{gd}), ambiental (CV_e), e da relação entre os coeficientes de variação genético entre famílias e ambiental (CV_{ge} / CV_e), e entre os coeficientes de variação genético dentro família e ambiental (CV_{gd} / CV_e), para as características avaliadas em famílias de meios-irmãos de *Coffea canephora*

Características												
Coeficiente de variação (%)	FLO	MAT	T. GR	PES	POR	VIG	FER	M.CE	S. PO	E.GER	%F.B	B.M
CV_{ge}	0,768	6,854	10,982	7,675	6,475	4,199	14,351	5,752	7,082	9,167	19,574	3,346
CV_{gd}	3,053	13,993	18,220	34,304	10,848	9,727	14,111	0,0	14,668	7,417	44,386	0,0
CV_e	1,089	6,176	1,574	15,502	4,728	1,984	4,533	8,683	7,065	7,692	25,259	6,771
CV_{ge} / CV_e	0,705	1,109	6,977	0,495	1,369	2,116	3,165	0,662	1,002	1,191	0,774	0,494
CV_{gd} / CV_e	2,803	2,265	11,576	2,212	2,294	4,901	3,112	0,0	2,076	0,964	1,757	0,0

FMI: famílias de meios-irmãos, FLO: florescimento (dias do florescimento a colheita); MAT: (época de maturação); T. GR: tamanho do grão; PES: produção (g); POR: porte; VIG: vigor; FER: ferrugem; M.CE: mancha cercóspera; S.PO: seca de ponteiros; E.GER: escala geral; %F.B: porcentagem de frutos boa (%); B.M: bicho mineiro. CV_{ge} : coeficiente de variação genético entre; CV_{gd} : coeficiente de variação genético dentro; CV_e : coeficiente de variação ambiental.

4- Ganhos Genéticos

Os ganhos genéticos foram obtidos com aplicação de diferentes estratégias de seleção: a) Seleção entre e dentro FMI, com índice de seleção 20%; b) Seleção massal com base na herdabilidade entre plantas individuais dentro do experimento; c) Seleção massal estratificada com base na herdabilidade entre plantas individuais dentro de cada bloco; d) Seleção combinada baseado no índice estimado do valor genético da K-ésimo planta de i-ésima família na j-ésima repetição.

4.1- GANHO DE SELEÇÃO COM BASE NA SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FMI

Na Tabela 6, encontram-se os resultados referentes à utilização da seleção entre e dentro de FMI, com índice de seleção de 20%. Verificam-se ganhos significativos para a maioria das características.

Podemos observar que tanto na seleção dentro quanto na seleção entre, houve ganhos bastante diferenciados. Nas características florescimento, porte, ferrugem, mancha cercóspora, seca de ponteiros, porcentagem de frutos boa e bicho mineiro, tiveram ganhos negativos, devido a seleção ter sido feita em sentido de decréscimo, ou seja, objetivou-se obter indivíduos com menores valores dessas características.

Os menores ganhos estimados, tanto pela seleção entre médias de famílias como dentro, foram obtidos nas características FLO (florescimento), B.M (bicho mineiro), com totais de -2,27% e -9,13%, respectivamente. Observaram-se ganhos genéticos positivos para as características: PES (produção de grãos por planta) (21,39%); T.GR (tamanho do grão) (37,76%); VIG (vigor) e E.GER (escala geral) (14,09% e 29,05%) e para MAT (maturação) (21,87%). Segundo Allard (1971), na seleção o objetivo é identificar os melhores indivíduos ou melhores famílias que permaneceram no programa de melhoramento, gerando populações mais produtivas, de acordo com os interesses do melhorista. É importante salientar que a seleção não cria variabilidade e sim atua na variabilidade já existente. Desse modo, os maiores ganhos genéticos serão funções das estruturas genéticas das populações em estudo.

A seleção de indivíduos ou famílias por meio de fenótipos superiores é muito importante para o melhoramento, pois para ter populações melhoradas passa

pela seleção e recombinação desses indivíduos ou famílias. Assim, a seleção entre famílias pode ser uma interessante opção (MARTINS, 1999).

Tabela 6- Ganhos de seleção entre (GSe), dentro (GSd) e entre e dentro (GSed) e médias preditas e originais para as características estudadas nas 26 famílias de meio-irmãos de café robusta, avaliadas na Fazenda Experimental Bananal do Norte, Incaper

Características	GSe (%)	GSd (%)	GSed (%)	Média predita	Média Original
FLO	-0,65	-1,51	-2,16	313,42	319,95
MAT	7,63	12,45	20,08	5,50	4,90
T. GR	14,34	23,41	37,76	2,99	2,62
PES	5,47	15,92	21,39	3898,46	3233,46
POR	-7,70	-13,46	-21,17	2,22	2,47
VIG	5,01	9,07	14,09	6,96	6,51
FER	-19,20	-20,52	-39,73	1,73	1,88
M. CER	-5,81	-10,38	-16,19	1,70	1,89
S. PON	-7,68	-14,62	-22,30	1,62	1,86
E. GER	11,03	18,02	29,05	5,83	5,07
% F.B	-19,30	-39,93	-59,24	9,37	15,51
B. M	-2,78	-6,34	-9,13	2,55	2,74

FMI: famílias de meio-irmãos, FLO: florescimento (dias do florescimento a colheita); MAT: (época de maturação); T. GR: tamanho do grão; PES: produção (g); POR: porte; VIG: vigor; FER: ferrugem; M.CE: mancha cercóspera; S.PO: seca de ponteiros; E:GER: escala geral; %F.B: porcentagem de frutos boa (%); B.M: bicho mineiro.

4.2-GANHOS DE SELEÇÃO COM BASE EM CINCO ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO

Ganhos entre famílias, dentro famílias, massal, estratificada e combinada. Os resultados a seguir (Tabela 7), evidenciam que ganhos de seleção massal e massal estratificada foram superiores aos ganhos da seleção entre e dentro para algumas características, exceto para peso, porcentagem de frutos boia e bicho mineiro e inferiores aos da seleção combinada, exceto para florescimento, porte e escala geral.

Verifica-se ganhos positivos expressivos para maturação, tamanho do grão, peso, vigor, e escala geral, considerando que as intensidades de seleção foram as mesmas aplicadas na seleção convencional entre e dentro de famílias, massal e massal estratificada, em todas as características, no sentido positivo, isto é, de acréscimo. Já para florescimento, porte, ferrugem, mancha de cercóspora, seca de ponteiros, porcentagem de frutos boia e bicho mineiro, tiveram ganhos negativos, pois o critério de seleção para essas características foi decréscimo. Mesmo assim, o ganho foi expressivo, pois o que se queria era realmente reduzir esses valores.

Tabela 7 – Estimativas dos ganhos esperados entre (GSE), dentro (GSD), massal (GSM) e massal estratificada (GSME) e seleção combinada (GSC) e eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro, para as características em estudo, nas famílias de meio-irmãos de *Coffea canephora*

Variável	FLOR	MAT	T. GR	PES	POR	VIG	FER	M. CE	S. PO	E. GER	% F. B	B. M
GSe (%)	-0,65	7,63	14,34	5,47	-7,70	5,01	-19,20	-5,81	-7,68	11,03	-19,30	-2,78
GSd (%)	1,51	12,45	23,41	15,92	-13,46	9,07	-20,52	-10,38	-14,62	18,02	-39,93	-6,34
GSM (%)	-1,74	16,75	39,97	11,16	-23,90	10,62	-33,21	-13,11	-13,51	31,16	-24,71	-4,85
GSME (%)	-1,67	16,68	39,14	11,63	-23,17	10,76	-31,75	-13,79	-14,66	35,48	-27,02	-4,86
GSC(%)	1,46	19,81	45,46	12,10	-21,64	13,12	-78,87	-16,25	-19,62	34,50	-47,27	-6,90

FMI: famílias de meio-irmãos, FLO: florescimento (dias do florescimento a colheita); MAT: (época de maturação); T. GR: tamanho do grão; PES: produção (g); POR: porte; VIG: vigor; FER: ferrugem; M.CE: mancha cercóspora; S.PO: seca de ponteiros; E:GER: escala geral; %F.B: porcentagem de frutos boa (%); B.M: bicho mineiro.

Como apresentado na Tabela 7, a seleção combinada apresentou resultados superiores aos dos processos de seleção entre e dentro, massal e massal estratificada para maioria das características, exceto para florescimento, peso, porte e escala geral. Esses resultados corroboram com FALCONER & MACKAY (1996), apontando a seleção combinada como superior à seleção entre e dentro de famílias. É comum encontrar na literatura a comparação do índice combinado com a seleção entre e dentro famílias. Alguns autores também encontraram maiores ganhos do índice combinado em relação à seleção entre e dentro: em eucalipto (PIRES, et al., 1996; MARTINS, 1999; ROSADO, 2003), pinus (CORNACCHIA et al., 1995a), em seringueira (COSTA et al., 2000), em maracujazeiro-amarelo (GONÇALVES et al., 2005).

Apesar de a seleção combinada apresentar uma aparente superioridade, deve-se ressaltar que os processos de seleção entre e dentro devem ser considerados como instrumentos de seleção, pois também proporcionaram expressivos ganhos genéticos.

4.3- PROGÊNIES DE FMI SELECIONADAS NAS DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO

Na Tabela 8 tem-se a relação das famílias e das plantas selecionadas de FMI, por repetição, para todas as características avaliadas. Para as quatro estratégias de seleção estudadas, nas características peso, vigor, escala geral, porte, e seca de ponteiros, a família 10 foi selecionada, indicando possível superioridade, portanto, promissora para que seja utilizada em futuras recombinações com o objetivo de gerar uma população melhorada. As famílias 1, 2, 5, 11, 12, 14, 17, 14, 18, e 26 para as características de acréscimo e as famílias 1, 3, 4, 6, 8, 9, 11, 12, 15, 18, 24 para as características de decréscimo também se mostraram promissoras.

Para designar as famílias e plantas dentro de famílias e blocos, foi utilizada a seguinte nomenclatura F para FMI, B para bloco e P para planta.

Assim, na característica maturação, as F17B1P4; F2B2P2; F12B3P2 foram selecionadas pelos quatro métodos de seleção. Já as famílias F12B4P1;

F6B1P5; F17B2P5; F5B1P1 foram selecionadas pelos métodos massal, massal estratificada e seleção combinada.

Na característica tamanho do grão, as F14B1P1; F14B4P1 foram selecionadas pelos quatro métodos de seleção. Já as famílias F5B2P2; F5B4P2; F21B4P2; F5B1P4; F7B2P4 foram selecionadas por pelo menos três dos quatro métodos. Para a característica peso, as F17B2P5; F18B4P1 foram selecionadas nos quatro métodos de seleção e as F2B2P2; F1B3P4 foram selecionadas por pelo menos três dos quatro métodos.

Na característica vigor, as F1B1P2; F11B2P5; F5B4P2 foram selecionadas pelos quatro métodos de seleção. Já as famílias F1B3P1; F25B3P2; F2B2P5; F1B1P4; F5B2P5 foram selecionadas por pelo menos três dos quatro métodos estudados.

Na característica escala geral, as F26B2P5; e a F11B2P4; foram selecionadas pelos quatro métodos de seleção. Já as famílias F10B1P1; F10B2P1; F24B2P3; F8B4P3; F10B3P2; F10B3P4; F10B3P3; F10B3P5 foram selecionadas por pelo menos três dos quatro métodos estudados.

Na característica florescimento, as F3B1P2; a F15B1P3; F15B3P4; F4B3P3; F9B4P1 e F3B4P1 foram selecionadas pelos três métodos analisados seleção entre e dentro, seleção massal e seleção massal estratificada.

Na característica porte, as F8B3P5 a F3B3P2; F24B1P4; F8B2P1; F8B4P2 e F6B4P1 foram selecionadas pelos três métodos analisados seleção entre e dentro, seleção massal e seleção massal estratificada.

Na característica ferrugem, a família F23B3P5; F12B1P2; F1B1P3 e F15B4P1 foram selecionadas pelos três métodos analisados seleção entre e dentro, seleção massal e seleção massal estratificada.

Na característica mancha de cercóspora, as F4B1P5; F11B2P4; F15B3P3; F11B1P5; F6B1P4; F11B3P5 e F4B4P2 foram selecionadas pelos três métodos analisados seleção entre e dentro, seleção massal e seleção massal estratificada.

Na característica seca de ponteiros, apenas a F16B1P3 foi selecionada pelos três métodos analisados seleção entre e dentro, seleção massal e seleção massal estratificada.

Na característica porcentagem de frutos boa, as F18B2P1; F18B4P2; F18B1P2; F11B2P3; F18B3P3 e F21B4P3 foram selecionadas pelos três

métodos analisados seleção entre e dentro, seleção massal e seleção massal estratificada.

Na característica bicho mineiro, as F1B1P4; F1B3P2; F6B4P3; F6B1P4 foram selecionadas pelos três métodos analisados seleção entre e dentro, seleção massal e seleção massal estratificada.

Tabela 8 – Famílias selecionadas nas diferentes estratégias de seleção

CARACTERÍSTICAS	SELEÇÃO ENTRE E DENTRO		SELEÇÃO MASSAL		SELEÇÃO MASSAL ESTRATIFICADA		SELEÇÃO COMBINADA	
MAT	F17B1P4	F12B1P2	F9B3P1	F12B3P2	F17B1P4	F17B2P5	F6B1P5	F17B1P4
	F2 B1P2	F23B1P4	F12B4P1	F12B4P4	F9B3P1	F12B4P1	F2B3P4	F5B1P1
	F1 B1P3	F17B2P4	F13B4P4	F17B2P5	F6B1P5	F25B2P3	F20B3P2	F12B1P2
	F12B2P2	F2B2P2	F25B2P3	F2B2P2	F12B3P2	F12B4P4	F13B2P4	F17B3P4
	F23B2P4	F1B2P3	F5B2P1	F17B1P4	F20B1P4	F2B2P2	F20B4P1	F2B2P2
	F17B3P4	F12B3P2	F25B2P4	F1B3P1	F1B3P1	F13B4P4	F17B4P1	F12B2P1
	F2B3P2	F23B3P4	F6B1P5	F6B2P2	F5B1P1	F5B2P1	F12B2P5	F2B4P4
	F1 B3P3	F17B4P4	F20B1P4	F26B2P1	F2B3P4	F3B4P3	F2B4P5	F12B3P2
	F12B4P2	F2B4P2	F3B4P3	F13B4P1	F20B1P2	F25B2P4	F12B4P1	F12B4P4
	F23B4P4	F1B4P3	F13B4P5	F5B1P1	F13B3P3	F13B4P1	F13B3P5	F17B2P5
T. GR	F14B1P1	F5B1P4	F6B3P5	F14B2P4	F19B1P4	F14B2P4	F19B1P4	F17B3P1
	F1B1P5	F21B1P2	F7B2P4	F15B2P2	F6B3P5	F14B4P1	F23B2P1	F14B2P4
	F17B1P4	F14B2P4	F19B1P4	F20B2P3	F14B1P1	F7B2P4	F21B4P2	F14B1P1
	F5B2P2	F1B2P2	F23B2P1	F5B2P2	F17B3P1	F5B4P2	F1B3P1	F7B4P4
	F21 B2P1	F17B2P2	F17B3P1	F13B3P1	F5B1P4	F15B2P2	F6B3P5	F5B4P2
	F14B3P1	F5B3P3	F18B3P4	F1B2P2	F13B3P1	F21B4P2	F14B4P1	F18B3P4
	F1B3P1	F21B3P5	F1B2P4	F5B2P1	F13B1P1	F20B2P3	F22B4P3	F7B2P4
	F17B3P1	F14B4P1	F5B2P3	F14B1P1	F18B3P4	F22B4P3	F5B1P4	F5B3P3
	F5 B4P2	F1B4P4	F14B2P5	F14B4P1	F21B1P2	F23B2P1	F19B4P3	F5B2P2
	F21B4P2	F17B4P1	F17B2P2	F19B2P5	F1B3P1	F7B4P4	F13B3P1	F15B2P2

FMI: famílias de meio- irmãos, MAT: maturação; T. GR: tamanho do grão.

Continuação Tabela 8 – Famílias selecionadas nas diferentes estratégias de seleção

PES	F10B1P1	F17B1P5	F19B2P5	F17B2P5	F19B1P1	F19B2P5	F19B2P5	F17B2P5
	F15B1P5	F2B1P4	F21B2P1	F8B2P4	F1B3P4	F18B4P1	F18B4P1	F17B2P3
	F18B1P3	F10B2P1	F5B2P2	F2B2P2	F3B1P2	F17B2P5	F2B4P2	F1B3P4
	F17B2P5	F15B2P3	F17B2P3	F7B2P2	F14B3P2	F9B4P4	F2B2P2	F8B4P3
	F2B2P2	F18B2P1	F5B2P4	F20B2P2	F18B1P3	F21B2P1	F5B2P2	F10B1P1
	F10B3P1	F17B3P5	F8B2P2	F24B2P4	F23B3P2	F8B4P3	F10B1P2	F10B1P3
	F15B3P5	F2B3P4	F19B1P1	F3B1P2	F19B1P4	F8B2P4	F10B1P4	F10B1P5
	F18B3P4	F10B4P1	F1B3P4	F14B3P2	F1B3P5	F24B4P5	F10B2P1	F10B2P2
	F17B4P4	F15B4P3	F16B2P4	F24B2P3	F20B1P1	F5B2P2	F10B2P3	F10B2P4
	F2B4P2	F18B4P1	F15B2P3	F18B4P1	F6B3P3	F3B4P1	F10B2P5	F10B3P1
VIG	F10B1P1	F1B1P2	F2B2P5	F11B2P5	F19B1P1	F2B2P5	F5B4P2	F1B1P2
	F5B1P4	F25B1P3	F19B1P1	F1B1P2	F1B3P1	F5B4P2	F1B1P4	F8B4P3
	F11B1P5	F10B2P1	F1B1P4	F4B2P2	F1B1P2	F11B2P5	F16B4P3	F23B3P2
	F1B2P1	F5B2P5	F5B2P5	F5B4P2	F2B3P4	F12B4P1	F1B3P1	F2B2P5
	F25B2P1	F11B2P5	F12B4P1	F18B2P4	F1B1P4	F4B2P2	F11B2P5	F25B3P2
	F10B3P1	F1B3P1	F4B2P5	F9B2P3	F14B3P4	F6B4P3	F2B4P4	F15B2P5
	F5B3P3	F25B3P2	F16B2P4	F4B2P4	F20B1P4	F5B2P5	F25B1P3	F6B4P3
	F11B3P5	F10B4P1	F5B2P2	F8B2P1	F23B3P2	F16B4P3	F5B2P5	F1B4P1
	F1B4P1	F5B4P2	F11B2P2	F18B2P1	F3B1P1	F18B2P4	F5B1P4	F5B1P5
	F25B4P5	F11B4P2	F20B1P4	F25B2P1	F25B3P2	F3B4P2	F16B2P4	F1B4P3
E. Ger	F10B1P1	F26B1P3	F11B2P4	F21B2P1	F3B1P2	F11B2P4	F11B2P4	F8B4P3
	F18B1P4	F11B1P1	F24B2P3	F26B2P5	F10B3P1	F8B4P3	F24B2P3	F26B2P5
	F15B1P5	F10B2P1	F8B4P3	F3B1P2	F12B1P1	F21B2P1	F14B3P2	F10B1P1
	F26B2P5	F18B2P2	F7B2P2	F10B3P1	F10B3P2	F19B4P2	F10B1P2	F10B1P3
	F11B2P4	F15B2P3	F10B3P2	F10B3P3	F19B1P1	F24B2P3	F10B1P4	F10B1P5
	F10B3P1	F26B3P1	F10B3P4	F10B3P5	F10B3P3	F10B4P1	F10B2P1	F10B2P2
	F18B3P1	F11B3P1	F12B1P1	F5B2P3	F7B1P3	F26B2P5	F10B2P3	F10B2P4
	F15B3P5	F10B4P1	F10B2P1	F10B2P2	F10B3P4	F10B4P2	F10B2P5	F10B3P1
	F26B4P1	F18B4P4	F10B2P3	F10B2P4	F10B1P1	F7B2P2	F10B3P2	F10B3P3
	F11B4P1	F15B4P3	F10B2P5	F19B1P1	F10B3P5	F10B4P3	F10B3P4	F10B3P5

FMI: famílias de meio-irmãos, PES: peso (g); VIG: vigor; E:GER: escala geral

Continuação Tabela 8 – Famílias selecionadas nas diferentes estratégias de seleção

M. CE	F15B1P2	F11B1P5	F1B1P3	F6B1P4	F1 B1P3	F11B2P4	F11B2P4	F9B4P2
	F4B1P5	F6B1P4	F11B2P4	F25B1P1	F11B3P5	F16B4P5	F8B4P4	F14B4P5
	F5B1P4	F15B2P4	F26B2P5	F4B1P5	F6B1P4	F26B2P5	F15B2P4	F15B3P3
	F11B2P4	F4B2P1	F11B1P5	F1B1P4	F15B3P3	F4B4P2	F15B4P2	F11B1P5
	F6 B2P2	F5B2P2	F11B2P3	F11B3P5	F25B1P1	F11B2P3	F11B3P5	F25B1P1
	F15B3P3	F11B3P5	F15B3P3	F16B4P5	F8B3P2	F12B4P2	F6B1P4	F16B4P5
	F4 B3P3	F6B3P4	F20B1P4	F22B1P3	F4B1P5	F1B2P3	F12B3P4	F4B3P3
	F5B3P2	F15B4P2	F4B4P2	F8B3P2	F12B3P4	F12B4P3	F2B1P1	F26B2P5
	F11B4P5	F4B4P2	F12B3P4	F12B4P2	F11B1P5	F7B2P2	F11B4P5	F15B3P2
	F6B4P5	F5B4P1	F12B4P3	F14B4P5	F15B3P2	F14B4P5	F11B2P3	F4B4P2
S. PO	F10B1P1	F16B1P3	F4B2P2	F6B1P4	F6B1P4	F4B2P2	F16B3P4	F16B1P3
	F15 B1P1	F25B1P2	F11B2P4	F12B4P1	F2B3 P4	F12B4P1	F10B1P1	F10B1P2
	F5 B1P4	F10B2P1	F16B1P3	F20B2P2	F16B1P3	F11B2P4	F10B1P3	F10B1P4
	F16B2P4	F15B2P2	F26B2P5	F2B1P1	F3B3P1	F4B4P4	F10B1P5	F10B2P1
	F25B2P1	F5B2P1	F4B4P4	F8B2P2	F2B1P1	F20B2P2	F10B2P2	F10B2P3
	F10B3P1	F16B3P4	F11B2P5	F16B1P1	F10 B3P1	F6B4P4	F10B2P4	F10B2P5
	F15B3P4	F25B3P3	F16B2P4	F19B1P1	F16B1P1	F26B2P5	F10B3P1	F10B3P2
	F5B3P2	F10B4P1	F1 B1P4	F2B2P5	F10B3P2	F12B4P2	F10B3P3	F10B3P4
	F16B4P3	F15B4P3	F2B3P4	F3B2P4	F19B1P1	F8B2P2	F10B3P5	F10B4P1
	F25B4P3	F5B4P1	F3B3P1	F6B1P5	F10B3P3	F13B4P5	F10B4P2	F10B4P3

FMI: famílias de meio- irmãos, M.CE: mancha cercóspora; S.PO: seca de ponteiros.

Continuação Tabela 8 – Famílias selecionadas nas diferentes estratégias de seleção

% F. B	F21B1P1	F18B1P2	F21B4P3	F7B3P2	F12B1P2	F18B2P1	F13B3P5	F18B4P2
	F13B1P5	F16B1P4	F7B4P3	F22B3P1	F7B3P2	F21B4P3	F18B3P3	F21B4P3
	F11B1P4	F21B2P5	F12B1P2	F18B2P1	F12B1P3	F1B2P1	F18B4P3	F13B3P4
	F18B2P1	F13B2P3	F21B4P5	F1B2P1	F22B3P1	F7B4P3	F21B4P5	F21B3P4
	F16B2P1	F11B2P3	F26B4P4	F12B1P3	F18B1P2	F11B2P3	F21B3P2	F1B4P3
	F21B3P4	F18B3P3	F18B3P3	F11B2P3	F18B3P3	F21B4P5	F21B1P1	F21B1P5
	F13B3P5	F16B3P5	F11B2P2	F8B2P4	F11B1P4	F11B2P2	F11B4P2	F22B4P2
	F11B3P1	F21B4P3	F15B3P3	F18B1P2	F15B3P3	F26B4P4	F21B2P5	F18B4P5
	F18B4P2	F13B4P2	F18B4P2	F19B4P3	F21B1P1	F8B2P4	F21B2P4	F18B2P1
	F16B4P3	F11B4P2	F7B3P4	F13B3P5	F7B3P4	F18B4P2	F18B1P2	F18B3P1
B. M.	F15B1P3	F6B1P4	F14B1P5	F1B1P4	F14B1P5	F26B2P5	F1B3P2	F12B4P1
	F1B1P4	F20B1P3	F1B3P2	F3B4P2	F1 B3P2	F3B4P2	F15B2P3	F15B1P3
	F25B1P5	F15B2P3	F6B1P4	F6B4P3	F1B1P4	F1B2P3	F6B4P3	F15B4P2
	F6B2P2	F1B2P3	F11B1P3	F11B3P4	F11B3P4	F6B4P3	F15B2P4	F15B4P1
	F20B2P3	F25B2P2	F12B1P2	F12B3P3	F6B1P4	F7B2P3	F25B2P2	F6B1P4
	F15B3P3	F6B3P5	F12B4P1	F13B1P1	F12B3P3	F12B4P1	F15B3P5	F25B1P5
	F1B3P2	F20B3P1	F13B1P4	F15B1P3	F11B1P3	F15B2P3	F15B1P1	F19B3P4
	F25B3P1	F15B4P2	F17B1P4	F18B3P3	F18B3P3	F8B4P1	F6B3P5	F11B3P4
	F6B4P3	F1B4P4	F19B1P4	F23B3P5	F12B1P2	F20B2P3	F20B4P1	F23B4P3
	F20B4P1	F25B4P3	F25B3P1	F25B3P3	F23B3P5	F15B4P2	F23B4P4	F4B3P2

FMI: famílias de meio-irmãos, %F.B: porcentagem de frutos boa (%); B.M: bicho mineiro

5- ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICA, GENOTÍPICA E DE AMBIENTE.

No melhoramento genético de plantas, as estimativas de correlações fenotípica, genotípica e de ambiente são muito importantes, pois possibilitam selecionar por meio de características de fácil medição e de altas herdabilidades, que possuem correlação com outra(s), cuja avaliação é difícil e demanda mais tempo, levando, assim, a um ganho genético mais demorado e menos eficiente.

Na Tabela 15, encontram-se as estimativas dos coeficientes de correlações fenotípica (r_f), genotípica (r_g) e de ambiente (r_e) entre os caracteres FLOR: florescimento ; MAT: maturação; T. GR: tamanho do grão; PES: peso; POR: porte; VIG: vigor; FER: ferrugem; M.CE: mancha cercóspera; S.PO: seca de ponteiros; E:GER: escala geral; %F.B: porcentagem de frutos boa (%) e B.M: bicho mineiro, com base na análise das cinco colheitas.

Observa-se que, na maioria dos casos, as correlações fenotípicas tenderam a superar as das correlações genotípicas. Resultados contrários foram encontrados por Fonseca (1999), o que mostra que tais características são mais influenciadas pelo ambiente. Apenas as características peso; seca de ponteiros e porcentagem de frutos boa apresentaram correlações genotípicas superiores as correlações fenotípicas.

Verificou-se superioridade das estimativas de correlação ambiental em relação às fenotípicas e genotípicas para FLOR com MAT; T.GR; POR; VIG; FER; M.CE; S.PO; E.GER e B.M. Para MAT com, T.GR; PES; POR; VIG; FER; M.CE; E.GER e B.M. Para T.GR com PES; POR; VIG; M.CE e B.M. Para PES com POR; VIG; FER; M.CE; E.GER e B.M. Para POR com VIG; FER; M.CE; E.GER e B.M. Para VIG com FER; M.CE e B.M. Para M.CE com %F. B e por fim % F.B com B.M indicando maior influência do ambiente nessas determinações. Esses resultados foram diferentes ao encontrado por FERRÃO (2004). Para Falconer (1981), o ambiente é causa de correlação quando dois caracteres estão influenciados pelas mesmas variações ambientais.

As correlações genotípicas positivas mais expressivas foram entre os seguintes caracteres: FLO e PES ($r_g = 0,895$), FLO e S.PO ($r_g = 0,99$), MAT e S.PO ($r_g = 0,99$), MAT e % F.B ($r_g = 0,498$), T.GR e S.PO ($r_g = 0,99$), PES e S.PO ($r_g =$

0,99), PES e % F.B ($r_g = 0,824$), POR e S.PO ($r_g = 0,99$), VIG e S.PO ($r_g = 0,99$), VIG ($r_g = 0,797$), FER e M.CE ($r_g = 0,933$), FER e S.PO ($r_g = 0,99$), FER e E.GER ($r_g = 0,909$), FER e B.M ($r_g = 1,00$), M.CE e S.PO ($r_g = 0,99$), S.PO e E.GER ($r_g = 0,99$), S.PO e % F.B ($r_g = 0,99$), S.PO e B.M ($r_g = 0,99$), E.GER e B.M ($r_g = 0,960$).

Pode-se observar, na Tabela 15, que os coeficientes de correlações fenotípicas positivas variaram de 0,013 a 0,816. Os maiores coeficientes de correlações fenotípicas foram: E.GER com B.M (0,816), M.CE com E.GER (0,742), T.GR com POR (0,734), VIG com E.GER (0,724), FER com M.C (0,704) e FLO com MAT (0,702). Os menores coeficientes de correlações foram: MAT com B.M (0,013), PES com B.M (0,043), PES com M.CE (0,043), MAT com VIG (0,057), PES com FER (0,080), T.GR com % F.B (0,081) e VIG com S.PO (0,090).

Verificou-se que a colheita (florescimento) está correlacionada positivamente com maturação, apresentando alto valor de correlação fenotípico 0,702.

Também observou-se que o florescimento está correlacionado positivamente com o porte, com o nível (0,479) de correlação, portanto quanto maior os dias de florescimento maior será o porte da planta.

O FLO também apresenta correlacionado positivamente com as características mancha cercóspera, seca de ponteiros e bicho mineiro, com os valores de correlação 0,683; 0,662 e 0,535 respectivamente, isso significa que quanto maior o tempo entre o florescimento e a colheita maior a incidência das doenças mancha cercóspera, seca de ponteiros e da praga bicho mineiro.

As correlações genotípicas negativas e de maior magnitude foram entre M.CE e %F.B (-0,994), T.GR e FER (-0,797), T.GR e B.M (-0,774), T.GR e E.GER (-0,703), T.GR e VIG (-0,681), POR e B.M (-0,653), POR e M.CE (-0,664), POR e FER (-0,552), FER e %F.B (-0,521). Demonstrando assim, que quanto maior for grão, menor será a concentração de ferrugem, bicho mineiro, esses resultados corroboram com o objetivo de selecionar plantas com maior grão e menores incidência de pragas e doenças. Quanto maior o grão, mais nutrientes a planta precisa ceder, tornando a menos vigorosa (perda de folhas) isso foi comprovado neste resultado em que apresentou a correlação T.GR e VIG (-0,681), uma correlação relativamente alta.

Tabela 9- Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f), genotípica (r_g) e ambiental (r_e), estimados a partir das combinações entre 12 características avaliadas em 26 FMI de Café Robusta na Fazenda Experimental de Bananal do Norte, Incaper

	R	FLO	MAT	T.GR	PES	POR	VIG	FER	M.CE	S.PO	E.GER	%F.B	B.M
FLO	r_f		0,702**	0,376*	0,309	0,479**	0,468**	0,293	0,683**	0,662**	0,439*	-0,085	0,535**
	r_g		0,597	0,086	0,895	0,072	0,112	0,218	0,662	0,990	0,486	-0,236	0,344
	r_e		0,841	0,721	0,106	0,789	0,729	0,774	0,695	0,748	0,513	0,041	0,776
	r_f			0,494**	0,153	0,331	0,057	-0,208	0,182	0,379*	-0,083	0,362*	0,013
MAT	r_g			0,405	0,149	0,082	-0,457	-0,439	-0,242	0,990	-0,321	0,498	-0,427
	r_e			0,655	0,179	0,649	0,684	0,684	0,589	0,628	0,476	0,156	0,746
	r_f				0,104	0,734**	-0,081	-0,527**	-0,090	0,509**	-0,363*	0,081	-0,273
T.GR	r_g				-0,120	0,701	-0,681	-0,797	-0,863	0,990	-0,703	0,108	-0,774
	r_e				0,294	0,807	0,783	0,671	0,760	0,696	0,586	0,0311	0,7135
	r_f					0,172	0,294	0,080	0,043	-0,022	0,385*	0,212	0,043
PES	r_g					0,031	0,179	0,103	-0,185	0,990	0,271	0,824	-0,042
	r_e					0,262	0,375	0,145	0,133	0,049	0,679	-0,1395	0,1111

Continuação da Tabela 15

POR	r_f	0,32	-0,244	0,123	0,491**	-0,109	-0,165	-0,070
	r_g	-0,151	-0,552	-0,664	0,990	-0,466	-0,306	-0,653
	r_e	0,807	0,729	0,752	0,810	0,597	0,0157	0,7501
VIG	r_f		0,529**	0,572**	0,090	0,724**	-0,222	0,562**
	r_g		0,593	0,515	0,990	0,797	-0,387	0,435
	r_e		0,653	0,624	0,619	0,692	-0,019	0,7513
FER	r_f			0,704**	0,184	0,842**	-0,368*	0,911**
	r_g			0,933	0,990	0,909	-0,521	1,00
	r_e			0,725	0,763	0,509	0,133	0,8
M,CE	r_f				0,496**	0,742**	-0,413*	0,854**
	r_g				0,990	1,035	-0,994	1,011
	r_e				0,844	0,500	0,121	0,762

Continuação da Tabela 15

S,PO	r_f	0,161	-0,296	0,409*
	r_g	0,990	0,990	0,990
	r_e	0,431	0,1552	0,7592
E.GER	r_f		-0,280	0,816**
	r_g		-0,325	0,960
	r_e		-0,1918	0,4724
%F.B	r_f			-0,355
	r_g			-0,691
	r_e			0,214

** * : Significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t; FMI: famílias de meio-irmãos, FLO: florescimento (dias) ; MAT: maturação; T. GR: tamanho do grão; PES: peso (g); POR: porte; VIG: vigor; FER: ferrugem; M.CE: mancha cercóspera; S.PO: seca de ponteiros; E:GER: escala geral; %F.B: porcentagem de frutos boia (%); B.M: bicho mineiro.

6- CONCLUSÕES

Verificou-se na análise de variância variabilidade genética entre as FMI de café Robusta estudadas, o que caracteriza condição favorável para a seleção.

A avaliação da média das FMI de café Robusta comparados com as testemunhas de café do grupo Conilon, mostrou que para algumas características as FMI foram superiores, como

Verificaram-se diferenças significativas a 5%, pelo teste F, evidenciando-se, assim, a existência de variabilidade genética no material estudado quanto aos diferentes caracteres evidenciando a possibilidade de ganhos consideráveis com a seleção;

As estimativas de herdabilidades individuais associadas à média de progênie sugerem ganhos genéticos com a seleção na população.

Observamos a eficiência do processo de seleção combinada em comparação ao processo de seleção entre e dentro foi na maioria das características superior à unidade.

Os ganhos de seleção massal e massal estratificada foram superiores aos ganhos da seleção entre e dentro de famílias, sendo na maioria das avaliações inferiores a seleção combinada.

Todas as características apresentaram níveis diferenciados de variabilidade genética, conforme evidenciado pelos seus respectivos coeficientes de variação genética.

7- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BONOMO, P. **Metodologias biométricas para seleção de progênies no melhoramento genético do cafeeiro**. 2002. 130f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, 2002.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2001. 500p.

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

BRAGANÇA, S. M.; FONSECA, R. G.; CARVALHO, C. H. S. Seleção de café Conilon (*Coffea canephora* Pierre ex Foenher) para o Estado do Espírito Santo. I – “Marilândia 87/1” – “Marilândia 87/2”. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 1., 2000, Poços de Caldas. **Anais...** MG: EMBRAPA CAFÉ/MINASPLAN, 2000. p. 399-401.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000.

CORNACCHIA, G.; CRUZ, C. D.; PIRES, W. Seleção combinada e seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos de três espécies do gênero *Pinus*. **Revista Árvore**, v. 19, n. 2, p. 200-212, 1995a.

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba: ESALQ, 1990, 188p. Tese (Doutorado em Agronomia)- Escola Superior Luiz de Queiroz, 1990.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. v.1, 480 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. **Programa Genes**: estatística experimental e matrizes. Viçosa: UFV, 2006b. 285 p.

CRUZ, Cosme Damião. **GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics**. *Acta Sci., Agron.* [online]. 2013, vol.35, n.3, pp. 271-276. ISSN 1807-8621.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1981. 279 p.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3.ed. New York: Longman, 1989, 489p.

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

FERRÃO, R. G. et al. **Café Conilon**. Vitória: INCAPER, 2007. 702 p. Parâmetros genéticos em café Conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 1, p. 61-69, jan. 2008.

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

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, M. A. G; CARNEIRO, P. S. CRUZ, C. D. Estimativa do coeficiente de repetibilidade por diferentes métodos

em *Coffea canephora*. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 3., 2003, Porto Seguro. **Anais...** Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ – Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, 2003. p. 236.

FONSECA, A.F.A. **Análise biométrica em café conilon** (*Coffea canephora* Pierre). 1999. 115f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; PEREIRA, M.G.; BEZERRA NETO, F.V. Predição de ganhos de seleção em características produtivas de maracujazeiro-amarelo baseada no delineamento I. In: REUNIÃO TÉCNICA DE PESQUISAS EM MARACUJAZEIRO, 4. Planaltina, 2005. **Anais...** Planaltina, DF: Embrapa. P. 172- 176, 2005.

GRANATE, M.J.; CRUZ, C.D.; PACHECO, C.A.P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho-pipoca CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.1001-1008, 2002.

KOMINAKIS, A.P. Phenotypic correlations as substitutes to genetic correlations in dairy sheep and goats. *J. Anim. Breed. Genet.*, Berlin, v. 120, n. 4, p. 268-281, 2003.

MARTINS, I.S. **Comparação entre métodos uni e multivariados aplicados na seleção em *Eucalyptus grandis***. 1999. 94p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa.

NEGREIROS, J. R. S. **Seleção combinada, massal e entre e dentro, análise de trilha e repetibilidade em progênies de meios-irmãos de maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)**. 2006. 128 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2006.

NUNES, E. S. **Seleção entre e dentro de famílias de irmãos completos de maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)**. 2006. 85 f. Dissertação

(Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2006.

PAULA, R. C. de. **Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal**. Viçosa: UFV, 1997. 74p. (Doutorado em Ciências Florestais) – Universidade Federal de Viçosa, 1997.

PIRES, I.E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucaliptus* spp.** Viçosa, MG: UFV, 1996. 116 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.

PIRES, I. E.; CRUZ, C. D.; BORGES, R. C. G.; REGAZZI, A. I. Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, v. 20, n. 2, p. 191-197, 1996.

RESENDE, M.D.V. de; FURLANI JUNIOR, E.; MORAES, M.L.T. de; FAZUOLI, L.C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v.3, p.185-193, 2001.

ROSADO, A.M. **Seleção entre e dentro de famílias e baseada nos valores genéticos obtidos pelo índice combinado e BLUP em eucalipto**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 76 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, 2003.

SAMPAIO, I. B. M. **Estatística aplicada à experimentação animal**. 2^a.ed. Belo Horizonte: Fundação de Estudo e Pesquisa em Medicina Veterinária e Zootecnia, 2002. 265p.

SHIMOYA, A. **Comportamento per se, divergência genética e repetibilidade em capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schumacher)**. Viçosa, MG: DFT/UFV, 2000. 147 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa.

VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**.
Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 406p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P.
(Ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação
Cargill, 1987. p.135-214.

VIEIRA, S.; HOFFMANN, R. Estatística experimental. São Paulo: Atlas, 1989.
175p.

CAPÍTULO 2

DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE CAFEEIRO CONILON

Resumo: Diante da importância que o cafeeiro Conilon representa para Estado do Espírito Santo, como uma das principais atividades ligadas ao comércio agrícola, garantindo a geração de trabalho e contribuindo para a fixação do homem no meio rural, o objetivo deste trabalho foi investigar a diversidade genética e a formação de agrupamentos entre vinte e seis famílias de café robusta, comparando-as com quatro testemunhas conilon. O presente trabalho foi instalado em julho de 2005, na Fazenda Experimental de Bananal do Norte, conduzida pelo Incaper, no distrito de Pacotuba, município de Cachoeiro de Itapemirim, região Sul do Estado. Foram analisados e estudados dados de cinco anos em que se avaliaram doze características: (florescimento, maturação, tamanho do grão, peso, porte, vigor, ferrugem, mancha de cercóspora, seca de ponteiros, escala geral, porcentagem de frutos boia e bicho mineiro). Os dados foram submetidos às análises de variância e multivariada, aplicando-se a técnica de agrupamento e UPGMA. Na técnica de agrupamento, foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, e na delimitação dos grupos, o método de Tocher. Três grupos de genótipos puderam ser formados. Com esses agrupamentos, a família Dez obteve destaque, apresentando, portanto, um possível interesse para o melhoramento genético da espécie.

Palavras-Chave: Cafeeiro conilon. Espírito Santo. Diversidade genética.

GENETIC DIVERSITY IN PROGENIES OF CONILON COFFEE

Abstract: Given the importance that the Conilon coffee represents for the State of Espírito Santo, as one of the main activities related to agricultural trade, ensuring the creation of employment, and contributing to keeping people in rural areas, the objective of this experiment was to investigate the genetic diversity and the formation of clusters among twenty-six families of robusta coffee comparing them with four conilon witnesses. This experiment was installed in July, 2005, at the Experimental Farm of Bananal do Norte, managed by INCAPER in Pacotuba district, municipality of Cachoeiro de Itapemirim, southern region of the state. Five-year data were analyzed and studied, which assessed twelve characteristics: (flowering, maturation, grain size, weight, tree size, vigor, rust, Cercospora spot, tip blight, general scale, percentage of float fruit and leaf miner). The data were submitted to variance and multivariate analysis, applying the technique of clustering and UPGMA. In the clustering technique, the Mahalanobis distance was used as dissimilarity measure, and at the delineation of the groups, the method of Tocher. Three groups of genotypes could be formed. With these clusters of family Ten was superior, showing, therefore, a possible interest for the genetic improvement of the species.

Keywords: conilon Coffee. State of Espírito Santo. Genetic diversity.

1-INTRODUÇÃO

O cultivo do café é uma das atividades mais importante no aspecto socioeconômico do mundo. Existe mais de 100 espécies diferentes de café, porém as espécies *Coffea arabica* e *C. canephora* respondem por quase todo o café produzido e comercializado no mundo. E considerando a grande importância da cultura, o Incaper iniciou em 1985 um programa de pesquisa com a espécie *C. canephora*.

A cafeicultura de Conilon expandiu no Espírito Santo devido à multiplicação sexuada de plantas-matriz selecionadas pelos próprios agricultores ao longo dos anos, proporcionando o estabelecimento de populações com ampla variabilidade genética, tendo em vista a característica da autoincompatibilidade genética e fecundação exclusivamente cruzada da variedade. BRAGANÇA et al., 1993; FONSECA, 1999; FERRÃO et al., 2000abc; FONSECA et al., 2004).

No melhoramento, o estudo da diversidade genética por meio de análises biométricas é de primordial importância, principalmente, em início de programas para definição de estratégias de trabalhos.

A quantificação da diversidade genética tem sido estudada por diferentes técnicas de agrupamento com base na distância generalizada de Mahalanobis (D2), proposta por MAHALANOBIS (1936) e de análises multivariadas.

O objetivo deste trabalho foi estudar a diversidade genética por meio de diferentes metodologias de análise multivariada de 26 famílias de meio-irmãos de café Robusta e quatro testemunhas de café Conilon, avaliadas no estado do Espírito Santo.

2-MATERIAL E MÉTODOS

Estudou-se 26 famílias de meio-irmão de café Robusta, do Programa de Melhoramento Genético de Café Conilon do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper) do Espírito Santo, juntamente com quatro testemunhas do grupo Conilon. A descrição dos materiais genéticos encontram no item 2.2, Capítulo I, desta dissertação.

O experimento foi instalado em julho de 2004, na Fazenda Experimental de Bananal do Norte (FEBN), município de Cachoeiro do Itapemirim-ES, região sul do estado, sem irrigação, no delineamento experimental em blocos casualizados, com quatro repetições e avaliados por cinco colheitas (2007 a 2011). Cada parcela foi constituída por cinco plantas, no espaçamento de 3,0 m entre linhas e 1,2 m entre plantas, perfazendo uma população final de 2.777 plantas por hectare. A condução dos trabalhos em campo seguiu-se as recomendações técnicas da cultura do café Conilon (FERRÃO et al., 2012).

Foram estudadas as seguintes características:

Florescimento (FLO) – determinado pelo período de tempo decorrido entre o dia da floração e o dia da colheita, para cada um dos materiais.

Maturação (MAT) - análise visual a partir de uma amostra de café vindo do campo, separando-os em frutos verdes, cereja ou secos. Associando notas de 1 a 7, sendo: 1 = PP super precoce; 2 = P precoce; 3 = P/M precoce/médio; 4 = M médio; 5 = M/T médio/tardio; 6 = T tardio; 7 = TT super tardio.

Tamanho dos grãos (T.GR) – associando notas de 1 a 4, sendo 1= P – pequeno; 2 = M – médio; 3 = G – graúdo; 4 = GG – muito graúdo. De acordo com as classes de tamanho de fruto, seguindo a relação de descritores do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares – SNPC – que apresenta cinco classes: muito pequeno, pequeno, médio, grande e muito grande, respectivamente (GUERREIRO FILHO et al., 2008).

Peso (PES) – em sacas de 60 quilogramas, por hectare produzidos.

Vigor (VIG) – potencial de desenvolvimento da planta avaliado por meio de notas de 1 a 10, sendo: 1 - Muito fraco; 3 – Fraco; 5 – Intermediário; 7 – Vigoroso; 9 - Muito vigoroso.

Porte (POR) – dado em escala de 1 a 3, sendo: 1, baixo; 2 médio; 3, alto.

Escala Geral (E.GER) – é a soma de atributos planta: vigor+carga pendente + incidência de pragas e doenças + uniformidade de maturação + adaptação. Associando as notas de 1 a 10, sendo: 1 muito ruim; 3 ruim; 5 intermediário; 7 bom; 9 muito bom; 10 excelente.

Seca de ponteiros (S. PO) - associando as notas de 1 a 9, sendo: 1 Sem sintomas visíveis; 3 Infecções leve, poucos ramos, secos; 5 Infecção moderada, vários ramos secos; 7 Elevado número de ramos secos; 9 Sintomas muito severos, planta com maioria dos ramos secos.

Mancha cercospora (M.CER) - associando as notas de 1 a 9, sendo: 1 Sem sintomas visíveis na folha; 3 Presenças de poucas lesões nas folhas; 5 Lesões nas folhas e presença moderada nos frutos; 7 Presenças de muitas lesões nas folhas; 9 Sintomas muito severos nas folhas e frutos.

Ferrugem (FER) - associando as notas de 1 a 9, sendo: 1 Sem sintomas visíveis; 3 Algumas folhas com poucas pústulas; 5 Folhas com infecção moderada sem desfolha; 7 Folhas com infecção alta, pústula abundantes, ocorrendo desfolha; 9 Sintomas muito severos com grande desfolha.

Bicho mineiro (B.M) - associando as notas de 1 a 9, sendo: 1 Sem sintomas visíveis; 3 Algumas folhas com minas; 5 Folhas moderadamente minadas, sem desfolha; 7 Folhas com muitas minas, ocorrendo desfolha; 9 Sintomas muito severos com grande desfolha.

Porcentagem de frutos boia (% F.B) - para determinação dos frutos boia são colhidos 100 frutos de cada planta no estádio de cereja. A seguir, as amostras são colocadas em recipiente com água e os frutos que flutuam são contados e

eliminados da amostra. Em seguida, os frutos restantes são despulpados manualmente, novamente imersos em água e as sementes que passam a flutuar são contadas. Considera-se como resultado a soma das duas contagens, expresso em porcentagem.

Na análise estatística, inicialmente, os dados foram submetidos à análise de variância. Depois, foi realizada a análise multivariada, aplicando-se a técnica de agrupamento UPGMA. Na técnica de agrupamento, foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis (MAHALANOBIS, 1936), como medida de dissimilaridade, e na delimitação dos grupos, o método de otimização de Tocher, citado por RAO (1952), adotando-se o critério de que a média das medidas de divergência dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos.

O estudo da variabilidade genética e a formação de grupos de genótipos permiti visualizar e planejar cruzamentos em programas de melhoramento, bem como predizer os seus resultados. Para obter ganho genético, conhecer relações entre os genótipos e sua similaridade genética é fundamental (SOLTANI et al., 2001).

2.1- ANÁLISE DE AGRUPAMENTO

O uso de métodos de agrupamento visa reunir, por critérios de classificação, as unidades amostrais em vários grupos, com base nas medidas das características mensuradas, de tal forma que seja minimizada a variação dentro do grupo e maximizada a variância entre grupos (CRUZ,1990). Esse processo de aglomeração envolve, basicamente, duas etapas: estimação da medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os indivíduos a serem agrupados e o emprego de técnicas de agrupamento para a formação dos grupos. Neste trabalho, utilizou-se como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis, enquanto para a formação dos grupos foi empregada a técnica de otimização proposta por Tocher, citado por Rao (1952).

2.1.1- Distância generalizada de Mahalanobis (D_{ii}^2)

Para estimar a divergência genética pela distância generalizada de Mahalanobis D_{ii}^2 , é necessário levar em consideração a correlação residual entre os caracteres.

Assim, D_{ii}^2 pode ser estimado a partir dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais (matriz de dispersão) ou a partir dos dados transformados, via condensação pivotal aplicada à matriz de dispersão.

2.1.2- Métodos de agrupamento

Existem vários métodos de agrupamento disponível, dos quais o pesquisador deve escolher o mais adequado para o seu trabalho, uma vez que as variadas técnicas podem levar a diferentes padrões de agrupamentos. Dentre os métodos de agrupamento mais utilizados no melhoramento de plantas, citam-se os hierárquicos e os de otimização (CRUZ, 2005).

2.1.3- Métodos hierárquicos

Nos métodos hierárquicos, é formado um dendrograma a partir do agrupamento em vários níveis dos genitores. O dendrograma permite ao pesquisador verificar o grau de similaridade entre os genitores, genitores e grupos similares, ou entre dois grupos distintos. A formação dos grupos é feita de forma subjetiva, tendo por base as mudanças acentuadas de níveis, associadas ao conhecimento prévio que o pesquisador tem do material avaliado, dentro desse princípio, pode-se pressupor, por exemplo a existência de grupos. (CRUZ, 2005)

2.1.4 - Métodos de otimização Tocher

Nos métodos de otimização, os grupos são formados pela adequação de critérios de agrupamento, visando alcançar uma partição dos indivíduos que otimize por meio da maximização ou minimização de medida. Um dos métodos mais comumente utilizados no melhoramento genético é o proposto por Tocher, citado por Rao (1952) (CRUZ, 2005).

3-Resultados e Discussão

3.1-AGRUPAMENTO PELO MÉTODO DE TOCHER

Na Tabela 01, encontra-se a análise de agrupamento pelo método de Tocher dos 30 genótipos estudados (26 do grupo robusta e quatro do grupo Conilon). A formação desses grupos propicia informação valiosa na escolha de genitores dentro de um programa de melhoramento, pois, segundo Bertan et al. (2006), as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem embasar-se na magnitude de suas dissimilaridades. O cruzamento entre linhagens de diferentes grupos amplia a variabilidade genotípica na população de seleção e com isso aumenta a probabilidade de seleção de indivíduos transgressivos superiores.

Para a realização das análises de divergência genética, utilizou-se o programa GENES (CRUZ, 2013).

Na Tabela 1, encontra-se o agrupamento obtido pelo método de Tocher, utilizando-se como medida de dissimilaridade genética a distância generalizada de Mahalanobis. Observa-se a formação de três grupos de progênies. Verifica-se que a progênie 29, a qual é uma testemunha, mostrou-se dissimilar as demais, constituindo o grupo III. As progênies 27, 30, 28, 10, ambas no grupo II. As progênies 6, 23, 9, 2, 12, 11, 20, 3, 24, 22, 4, 18, 7, 1, 5, 19, 13, 21, 26, 15, 17, 25, 16, 8, ambas no grupo I.

É interessante observar que o acesso 10 se manteve junto às testemunhas no grupo II, o que também o torna dissimilar às mesmas.

Tabela 1- Grupos de similaridade genética estabelecidos pelo método de Tocher, baseado na distância generalizada de Mahalanobis, de 26 genótipos de café Robusta e quatro de Conilon, avaliadas na Fazenda Experimental de Bananal do Norte, Incaper

Grupo	Progenies com testemunha
I	6 23 9 2 12 11 20 3 24 22 4 18 7 1 5 19 13 21 26 15 17 25 16 8
II	27 30 28 10
III	29

Na Tabela 2, encontra-se o agrupamento obtido pelo método de Tocher, utilizando-se como medida de dissimilaridade genética a distância generalizada de Mahalanobis, porém sem as testemunhas. Assim observa-se que houve a formação de apenas dois grupos de genótipos. Verifica-se que a FMI 10 demonstrou a sua divergência pronunciada, constituindo o grupo II seguido pelas progênies, 6, 23, 20, 4, 24, 11, 3, 18, 22, 7, 19, 5, 13, 2, 21, 9, 12, 26, 15, 1, 17, 25, 16, 8, 14, ambas no grupo I.

Tabela 2- Grupos de similaridade genética estabelecidos pelo método de Tocher, baseado na distância generalizada de Mahalanobis, de 26 genótipos de café Robusta e quatro de Conilon, avaliadas na Fazenda Experimental de Bananal do Norte, Incaper

Grupo	Acessos com testemunha											
I	6	23	20	4	24	11	3	18	22	7	19	
	5	13	2	21	9	12	26	15	1	17	25	
					16	8	14					
II	10											

Esses resultados foram esclarecedores, pois corroboraram e fortaleceram os resultados de agrupamento UPGMA a seguir nas (figuras 1 e 2).

3.2- MÉTODO UPGMA (“UNWEIGHTED PAIR-GROUP METHOD USING ARITHMETIC AVERAGES”)

As 26 FMI de café Robusta analisadas foram também agrupadas pelo método hierárquico UPGMA, com e sem as quatro testemunhas (clones 27, 28, 29, 30), conforme apresentado nas Figuras 1 e 2, respectivamente. Essa metodologia apresentou resultados similares aos observados pelo método de Tocher.

Adotando esse critério, na análise com as testemunhas, evidenciou-se a correspondência perfeita entre os três grupos formados pelo método de Tocher (Tabela1) e os três grupos exibidos pelo método UPGMA . Assim, o grupo I do método UPGMA foi composto exatamente pelas mesmas FMI constituintes do grupo I do método de otimização de Tocher (FMI 6, 23, 9, 2, 12, 11, 20, 3, 24, 22, 4, 18, 7, 1, 5, 19, 13, 21, 26, 15, 17, 25, 16, 8). O grupo II pelas progênies (27, 30, 28, 10) e o grupo III pela (progênie 29).

A análise sem as testemunhas demonstrou correspondência perfeita entre os dois grupos formados pela distância x e agrupamento pelo método de Tocher

(Tabela 2) e os dois grupos exibidos pela distância y e o agrupamento pelo método UPGMA (Figura 2). Assim, o grupo I do método UPGMA foi composto exatamente pelas mesmas progênies constituintes do grupo 1 do método de otimização de Tocher (Progênies 6, 23, 20, 4, 24, 11, 3, 18, 22, 7, 19, 5, 13, 2, 21, 9, 12, 26, 15, 1, 17, 25, 16, 8,14) e Grupo II (progênie 10).

Em concordância com o método de Tocher, a técnica de agrupamento UPGMA identificou a FMI 10 como a mais dissimilar entre todas avaliadas, já que não foi agrupada com outras famílias em nenhuma das metodologias aplicadas.

É interessante ressaltar que esses grupos foram estabelecidos apenas analisando o dendrograma e buscando identificar mudanças abruptas de níveis. Isso significa que esses grupos não são mutuamente exclusivos, eles estão associados. Sendo esta uma desvantagem dos métodos hierárquicos, pois pode ocorrer uma determinação errada do grupo que o acesso deve pertencer, principalmente quando envolve um número maior de acessos.

FIGURA 1- Dendrograma da análise de agrupamento de 26 genótipos de café Robusta e quatro de Conilon de *Coffea Canephora* avaliados na Fazenda Experimental Bananal do Norte, Incaper, pelo método UPGMA, utilizando complemento do índice de coincidência simples como medida de distância genética

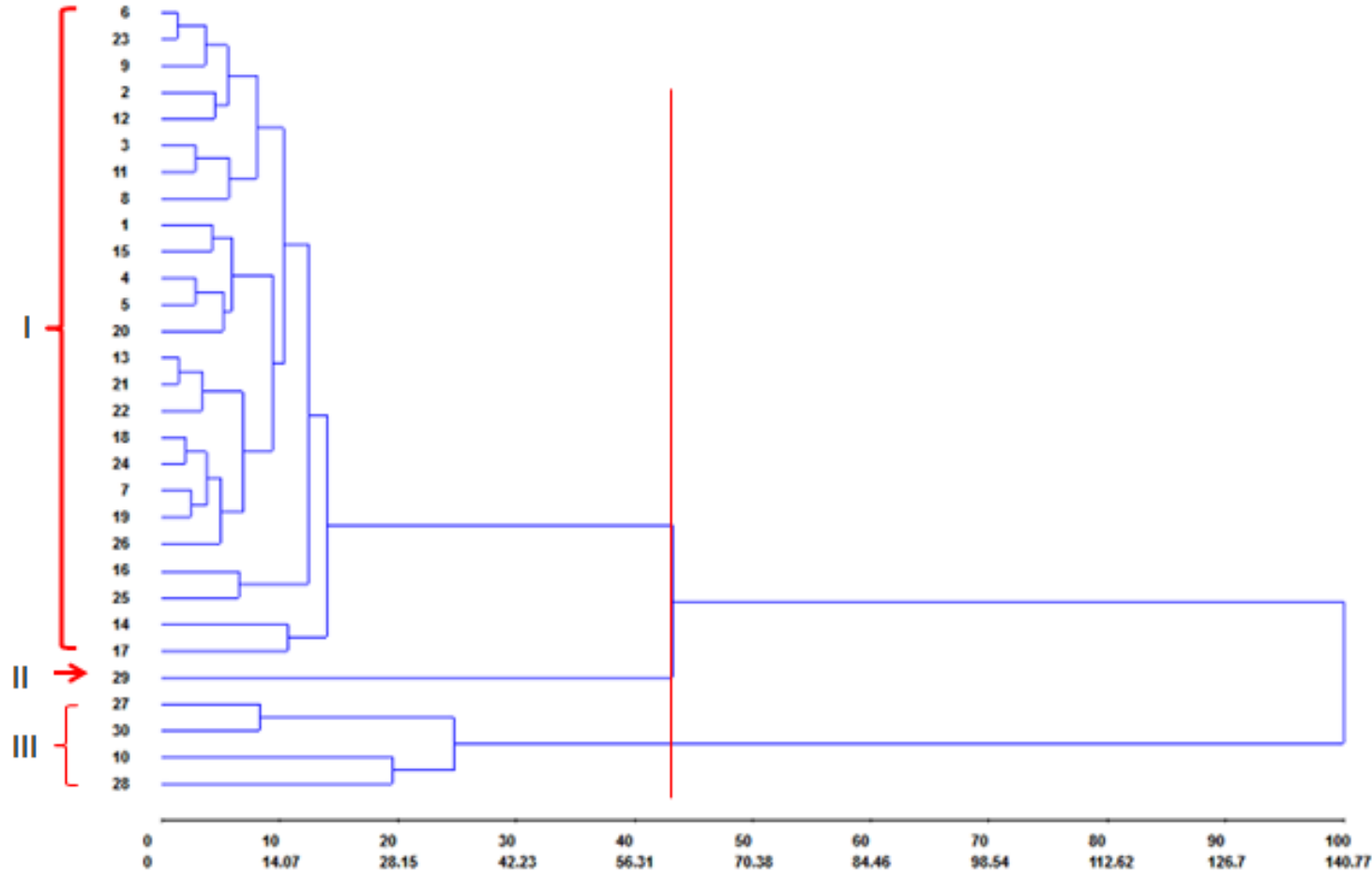
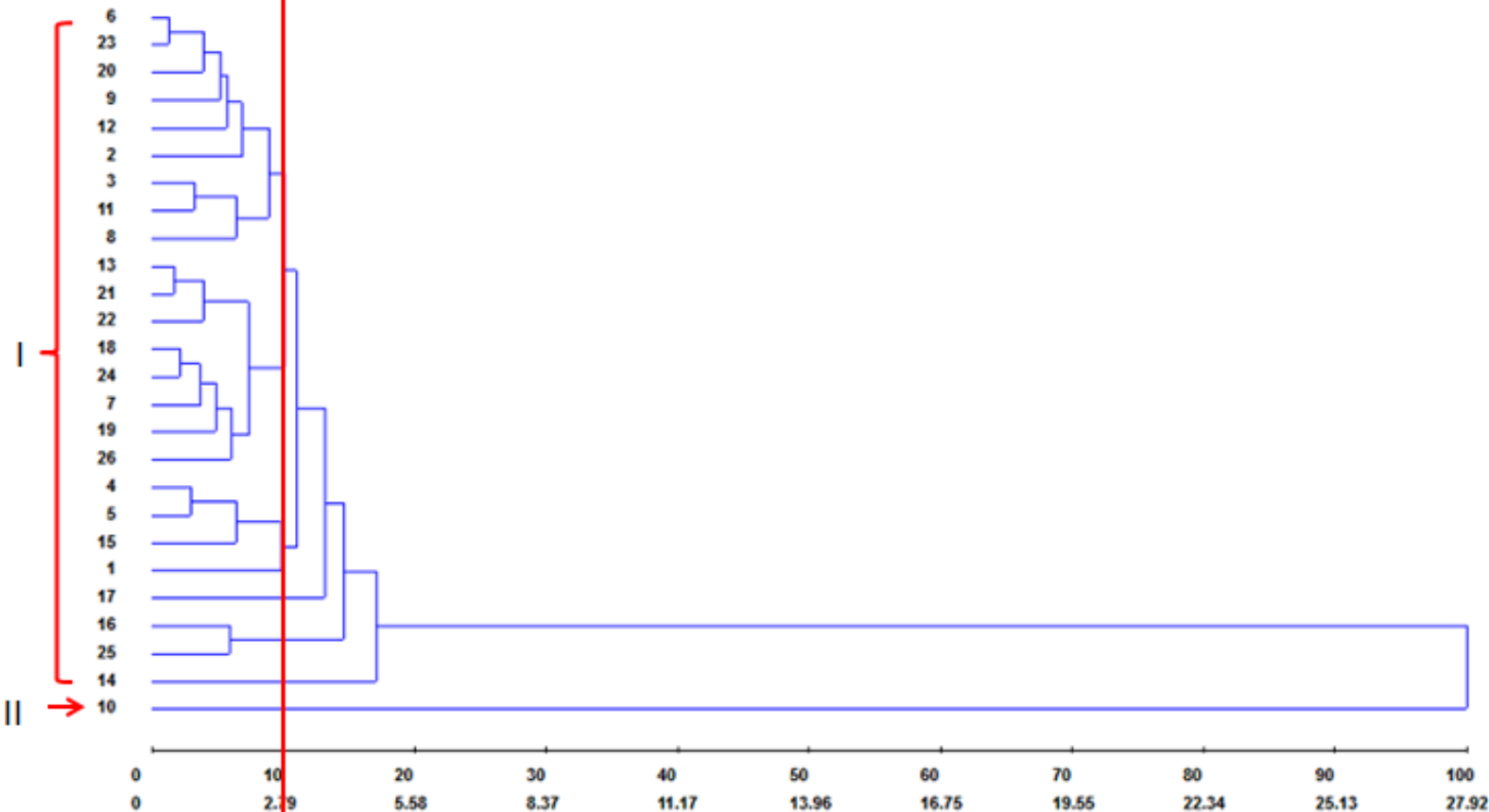


FIGURA 2- Dendrograma de análise de agrupamento de 26 genótipos de café Robusta avaliados na Fazenda Experimental Bananal do Norte, Incaper, pelo método UPGMA, utilizando complemento do índice de coincidência simples como medida de distância genética



4-CONCLUSÕES

Similaridades puderam ser verificadas, com o agrupamento das progênes nas quatro metodologias.

Com esses agrupamentos, a FMI 10 se destacou, indicando sua potencial utilização em programas de melhoramento genético da espécie.

5- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; SILVA, J.A.G.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A.; SILVA, G.O.; HARTWIG, I.; VALERIO, I.; FINATTO, T. Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio. **Bragantia**, v.65, p.55-63, 2006.

BRAGANÇA, S. M.; CARVALHO, C. H. S. de; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, R. G.; SILVEIRA, J. S. M. „EMCAPA 8111, EMCAPA 8121, EMCAPA 8131: **Primeiras variedades clonais de café conilon lançadas para o Estado do Espírito Santo**. Vitória, ES: Emcapa, 1993. 2 p. (Emcapa. Comunicado Técnico, 68).

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba: ESALQ, 1990, 188p. Tese (Doutorado em Agronomia)- Escola Superior Luiz de Queiroz, 1990.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 2005. 394p.

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da; SILVEIRA, J. S. M.; FERRÃO, M. A. G.; BRAGANÇA, S. M. EMCAPA 8141 – Robustão Capixaba, variedade clonal de café conilon tolerante à seca, desenvolvida para Estado do Espírito Santo. **Revista Ceres**, n. 273, p. 555-560, 2000a.

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da.; FERRÃO, M. A. G. Banco ativo de germoplasma de Coffea canephora, variedade Conilon do Estado do Espírito Santo. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 1., 2000, Poços de Caldas. **Anais...** Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ/MINASPLAN, 2000b. p. 405-407.

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da.; FERRÃO, M. A. G.; BRAGANÇA, S.M. Avaliação de clones de café conilon no Estado do Espírito Santo. In:

SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 2000, Poços de Caldas.
Anais... Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ/MINASPLAN, 2000c. p. 389- 392.

FONSECA, A.F.A. **Análise biométrica em café conilon** (*Coffea canephora* Pierre). 1999. 115f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, M. A. G.; FERRÃO, R. G.; VERDIN FILHO, A. C.; VOLPI, P. S.; ZUCATELI, F. **Conilon Vitória ‘Incaper 8142’**: variedade clonal de café Conilon. Vitória: Incaper, 2004. 24 p.

MAHALANOBIS, P.C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Science of India**, New Delhi, v.2, p. 49-55, 1936.

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

SOLTANI, A.; ZEINALI, E.; GALESHI, S.; LATIFI, N. Genetic variation for and interrelationships among seed vigor traits in wheat from the Caspian Sea coast of Iran, **Seed Science and Technology**, v. 29, p. 653-662, 2001