

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO  
CENTRO UNIVERSITÁRIO NORTE DO ESPÍRITO SANTO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA TROPICAL**

**JOÃO ANTONIO DUTRA GILES**

**ESTUDOS GENÉTICOS EM POPULAÇÕES DE  
*Coffea canephora* E *Manihot esculenta***

**São Mateus - ES  
Fevereiro de 2017**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO  
CENTRO UNIVERSITÁRIO NORTE DO ESPÍRITO SANTO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA TROPICAL**

**ESTUDOS GENÉTICOS EM POPULAÇÕES DE  
*Coffea canephora* E *Manihot esculenta***

**JOÃO ANTONIO DUTRA GILES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Espírito Santo, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agricultura Tropical, para a obtenção do título de mestre em Agricultura Tropical.

Orientador: Prof. Dr. Fábio Luiz Partelli

**São Mateus - ES  
Fevereiro de 2017**

# **ESTUDOS GENÉTICOS EM POPULAÇÕES DE** ***Coffea canephora* E *Manihot esculenta***

**JOÃO ANTONIO DUTRA GILES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Espírito Santo, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agricultura Tropical, para a obtenção do título de mestre em Agricultura Tropical.

Aprovado: 17 de fevereiro de 2017

---

Prof. Dr. Henrique Duarte Vieira  
Universidade Estadual do Norte  
Fluminense Darcy Ribeiro  
(Membro Externo)

---

Dr. Marcos Góes Oliveira  
Universidade Federal do Espírito Santo  
(Membro Interno)

---

Prof. Dr. Fábio Luiz Partelli  
Universidade Federal do Espírito Santo  
(Orientador)

*A DEUS, que sem Ele nada sou e nada posso fazer.*

*A minha família, em especial meus pais.*

*Dedico!*

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por me conceder o dom de viver, e por me dar força para vencer as dificuldades.

Aos meus pais Juarez e Gláurea, por sempre acreditarem no meu potencial e me darem além de amor, todo suporte necessário para a concretização de meus objetivos.

As minhas irmãs, a minha namorada, e a todos meus amigos, que de diversas formas contribuíram para a realização dessa importante etapa da minha vida.

Ao professor Fábio Luiz Partelli, pela amizade, confiança, ensinamentos e orientação na execução deste e outros trabalhos.

A UFES, em especial os professores e funcionários ligados ao Programa de Pós Graduação em Agricultura Tropical, por todo serviço prestado.

Aos colegas Amanda D. Ferreira, Gilberto R. de Sousa Filho, Gleison Oliosí e Joice Paraguassú Rodrigues, pela participação efetiva na condução dos experimentos.

Aos produtores Hermes Joaquim Partelli e Valcir Meneguelli Rodrigues, pelo apoio e estrutura disponibilizada para realização dos experimentos.

A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Mandioca e Fruticultura, pela disponibilização de parte dos genótipos de mandioca estudados.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de mestrado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo apoio.

A todos que, de alguma forma, contribuíram direta e/ou indiretamente para a realização desta empreitada.

Obrigado a todos!

## **BIOGRAFIA**

JOÃO ANTONIO DUTRA GILES, filho de Juarez Carlos Giles e Gláurea Dutra Giles, nasceu dia 03 de maio de 1991, na cidade de Colatina, Espírito Santo. No ano de 2006 iniciou o curso de Técnico Agrícola no Instituto Federal do Espírito Santo, *Campus Itapina*, concluindo-o em 2008. Em março de 2010, ingressou no curso de Agronomia da Universidade Federal do Espírito Santo, *Campus São Mateus*, graduando-se em dezembro de 2014. Nesta mesma Instituição, iniciou o mestrado no Programa de Pós-Graduação em Agricultura Tropical em março de 2015, submetendo-se à defesa de dissertação no dia 17 de fevereiro de 2017.

# SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	vi
<b>ABSTRACT</b> .....	viii
<b>1. INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	1
<b>2. CAPÍTULOS</b> .....	4
<b>2.1. DIVERGÊNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS ENTRE GENÓTIPOS DE         <i>Coffea canephora</i></b> .....	5
Resumo .....	5
Abstract .....	6
Introdução .....	7
Material e métodos .....	8
Resultados e discussão .....	10
Conclusões .....	19
Referências.....	20
<b>2.2. CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E DIVERGÊNCIA GENÉTICA         ENTRE GENÓTIPOS DE <i>Manihot esculenta</i> CULTIVADOS NO         ESPÍRITO SANTO</b> .....	24
Resumo .....	24
Abstract .....	25
Introdução .....	26
Material e métodos .....	27
Resultados e discussão .....	29
Conclusões .....	36
Referências.....	36
<b>3. CONCLUSÕES GERAIS</b> .....	40
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	41

## RESUMO

GILES, João Antonio Dutra; M.Sc.; Universidade Federal do Espírito Santo; Fevereiro de 2017; **Estudos genéticos em populações de *Coffea canephora* e *Manihot esculenta***; Orientador: Fábio Luiz Partelli.

Conhecer a variabilidade genética de uma população, manifestada por meio de caracteres morfológicos e agronômicos, é essencial para orientar sua conservação e manejo, além de aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético. Após a caracterização dos acessos, o estudo da variabilidade genética pode ser realizado por meio de análises multivariadas, que se baseiam nas diferenças entre os materiais, integrando simultaneamente múltiplas informações do conjunto de caracteres. Dessa forma, considerando também a importância socioeconômica dos cultivos de *Coffea canephora* e *Manihot esculenta*, o objetivo geral foi realizar estudos genéticos em populações de ambas as espécies. Para isso, dois trabalhos foram desenvolvidos. O primeiro, intitulado “Divergência e parâmetros genéticos entre genótipos de *Coffea canephora*”, teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos, e estudar a divergência genética em uma população de *C. canephora*, utilizando procedimentos estatísticos uni e multivariados, aplicados sobre um conjunto de características morfoagronômicas (altura e diâmetro da planta; comprimento do entre-nós dos ramos ortotrópico e plagiotrópico; peso, volume e densidade de fruto maduro; rendimento; produtividade; índice de clorofila; comprimento, largura e área foliar; massa seca e massa seca específica de folha). E o segundo, intitulado “Caracterização agronômica e divergência genética entre genótipos de *Manihot esculenta* cultivados no Espírito Santo”, teve como objetivo realizar a caracterização morfoagronômica e estudar a divergência genética entre 12 genótipos de *M. esculenta*, por meio de procedimentos estatísticos uni e multivariados, aplicados sobre um conjunto de características morfoagronômicas (número de raízes tuberosas por planta; peso médio das raízes tuberosas; produtividade; peso total da planta; índice de colheita; altura da planta; altura da primeira ramificação; número de brotações; diâmetro do caule; número de gemas; peso médio de folha; comprimento do pecíolo). Os dois experimentos foram conduzidos no município de Vila Valério - ES, onde os genótipos foram dispostos no delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições. Foram detectadas diferenças significativas pelo teste F a 1% ou 5% de probabilidade entre



os genótipos para as características avaliadas, em ambos os experimentos, evidenciando a heterogeneidade na constituição genética das populações estudadas, o que é favorável ao melhoramento, pois indica a possibilidade de discriminar indivíduos superiores e promissores. Para a população de *C. canephora*, verificou-se: a variância fenotípica da maioria das características analisadas deveu-se predominantemente a causas genéticas; com base na distância generalizada de Mahalanobis, as combinações mais divergentes foram obtidas entre os genótipos 23 e 10 (256,43) e entre 23 e 17 (250,09); os agrupamentos formados pelos métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA foram concordantes, agrupando os genótipos em três grupos similarmente; entre as características analisadas, o peso do fruto maduro (19,08%) e a produtividade (15,50%) foram as mais eficientes em explicar a dissimilaridade entre os genótipos. E para os materiais genéticos de *M. esculenta*, verificou-se: os genótipos 3 (Camuquem) e 11 (Goiás) foram os mais produtivos; as maiores distâncias genéticas foram obtidas entre os genótipos 10 e 12 (222,37) e entre 1 e 12 (208,63); tanto o método de otimização quanto o hierárquico, ordenaram os genótipos em quatro grupos, similarmente; o comprimento do pecíolo (22,86%) e a produtividade (19,20%) foram as características mais eficientes em explicar a dissimilaridade entre os genótipos.

**Palavras-chave:** Café Conilon, mandioca, melhoramento de plantas, divergência genética, parâmetros genéticos, análise multivariada.

## ABSTRACT

GILES, João Antonio Dutra; M.Sc.; Universidade Federal do Espírito Santo; February 2017; **Genetic studies in populations of *Coffea canephora* and *Manihot esculenta***; Advisor: Fábio Luiz Partelli.

Know the genetic variability of a population, manifested through morphological and agronomic characters, is essential to guide its conservation and management, in addition to increasing the efficiency of breeding programs. After the characterization of the accessions, the study of genetic variability can be accomplished through of multivariate analyzes that are based on the differences between the materials, simultaneously integrating multiple information from the character set. In this way, also considering the socioeconomic importance of *Coffea canephora* and *Manihot esculenta*, the general objective was to carry out genetic studies in populations of both species. For this, two works were developed. The first, entitled "Divergence and genetic parameters among *Coffea canephora* genotypes", had as objective estimate the genetic parameters and to study genetic divergence in a population of *C. canephora*, using uni and multivariate statistical procedures, applied on a set of morphoagronomics characteristics (height and diameter of the plant; length between us of the orthotropic and plagiotropic branches; weight, volume and density of mature fruit; yield; productivity; chlorophyll index; length, width and leaf area; dry mass and specific dry mass of leaf). And the second, entitled "Agronomic characterization and genetic divergence among *Manihot esculenta* genotypes grown in Espírito Santo, had as objective was to perform the morpho-agronomic characterization and to study a genetic divergence among 12 genotypes of *M. esculenta*, using uni and multivariate statistical procedures, applied on a set of morphoagronomics characteristics (number of tuberous roots per plant; average weight of tuberous roots; productivity; total plant weight; harvest index; plant height; height of the first branch; number of shoots; stem diameter; number of buds; average sheet weight; petiole length). The two experiments were conducted in the municipality of Vila Valério - ES, where the genotypes were arranged in the experimental design of randomized blocks, with four replicates. Significant differences were detected by the F test at 1% or 5% probability among the genotypes for characteristics evaluated, evidencing the heterogeneity in the genetic constitution of the studied populations, which is favorable to breeding, because it indicates the possibility of discriminating superior

and promising individuals. For the population of *C. canephora*, it was verified: was verified that the phenotypic variance of most of the characteristics analyzed was predominantly due to genetic causes; based on the generalized distance of Mahalanobis, the most divergent combinations were obtained between genotypes 23 and 10 (256.43) and between 23 and 17 (250.09); the groupings by methods of optimization Tocher and hierarchical UPGMA were concordant, grouping the genotypes into three groups, similarly. Among the analyzed characteristics, the weight of the mature fruit (19.08%) and the productivity (15.50%) were the most efficient in explaining the dissimilarity among genotypes. And for the genetic materials of *M. esculenta*, it was verified: the genotypes 3 (Camuquem) and 11 (Goiás) were the most productive; the greatest genetic distances were obtained between genotypes 10 and 12 (222.37) and between 1 and 12 (208.63); both the method of optimization as the hierarchical, ordered the genotypes in four groups, similarly; the petiole length (22.86%) and the productivity (19.20%) were the most efficient in explaining the dissimilarity among genotypes.

**Key words:** Conilon coffee, cassava, plant breeding, genetic divergence, genetic parameters, multivariate analysis.

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

Tendo em vista a frequente busca por materiais com maior potencial genético, e mais adaptados aos novos sistemas de cultivo, torna-se necessário a constante caracterização e identificação de genótipos a serem explorados nos programas de melhoramento genético.

Segundo Cruz et al. (2014), o sucesso de programas de melhoramento dependerá, principalmente, da divergência genética entre os materiais em estudo, que posteriormente permitirá intercruzamentos entre indivíduos superiores e divergentes. Pois, conforme Falconer (1987), a variabilidade genética de uma população segregante, necessária nos processos de seleção, é resultante da divergência genética entre os parentais envolvidos nos cruzamentos.

Dessa forma, os estudos de divergência genética, aliados a caracterização de genótipos, assumem grande importância no melhoramento, visto que fornecem informações determinantes na escolha dos genitores cujo cruzamento proporcione maior efeito heterótico, além de auxiliarem na definição da estratégia de melhoramento a ser adotada.

O estudo da divergência genética tem sido amplamente realizado por meio de análises multivariadas que se baseiam nas diferenças entre os acessos, integrando simultaneamente múltiplas informações de um conjunto de caracteres. O uso da análise multivariada na quantificação da divergência genética tem sido relatado para diversas culturas, tais como café (DALCOMO et al., 2015; MOURA et al., 2015; COVRE et al., 2016; RODRIGUES et al., 2016), mandioca (AGRE et al., 2015; MEHOUEOU et al., 2016; MOURA et al., 2016; ORTIZ et al., 2016),

jabuticaba (ZERBIELLI et al., 2016), banana (KOUKOUMA et al., 2016), sorgo (ALMEIDA FILHO et al., 2016), soja (FERREIRA JUNIOR et al., 2015), entre muitas outras.

Diversas análises multivariadas podem ser empregadas na quantificação da divergência genética. Portanto, a escolha do procedimento a ser realizado está amarrado ao que se pretende extrair dos dados, considerando ainda a precisão desejada, a facilidade de análise e a forma com que os dados foram obtidos (CRUZ et al., 2014). É possível expor tais análises sobre duas abordagens, as baseadas em métodos de agrupamento e as baseadas em dispersão gráfica. Os métodos de agrupamentos mais utilizados em divergência genética quantitativa são os de otimização e os hierárquicos (CRUZ et al., 2014).

As análises de agrupamento, também denominadas *clusters analysis*, têm por finalidade ordenar os elementos em grupos, seguindo algum critério de similaridade ou dissimilaridade, de modo que as distâncias entre os elementos de um grupo sejam mínimas e as distâncias entre os grupos sejam máximas, ou seja, homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (MINGOTI, 2005; HAIR et al., 2009).

Isto posto, nas análises de agrupamento, tanto pelo método de otimização, a exemplo Tocher, quanto pelo hierárquico, a exemplo UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*), ambos muito utilizados, se faz necessário definir *a priori* alguma medida de dissimilaridade, sendo as mais usuais a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis. Conforme Resende (2007) a distância generalizada de Mahalanobis apresenta a vantagem de considerar as correlações entre as variáveis avaliadas, e é invariante aos efeitos de escala de medição dos caracteres, o que a torna bastante usada. Entretanto, exige repetições das variáveis avaliadas.

Nos métodos de otimização ocorre a formação de grupos distintos e que não são conectados entre si, sendo o mais usual o método de Tocher, que preconiza minimizar a distancia média intragrupo e maximizar a distancia média intergrupo, de tal modo que a primeira seja menor que a segunda. No entanto, apresenta uma ineficiência, em casos de indivíduos com grande dissimilaridade, formando grupos com apenas um indivíduo, dada a influencia das distâncias dos indivíduos agrupados anteriormente (VASCONSCELOS et al., 2007; OLIVEIRA, 2016).

Já nos métodos hierárquicos, o objetivo principal é a obtenção do dendrograma, onde uma árvore com ramos conectados entre si, ilustra os possíveis agrupamentos, sendo um dos métodos mais utilizados no melhoramento vegetal o UPGMA, que tem por base a ligação média não ponderada entre os grupos, e não depende dos valores extremos (RESENDE, 2007; CRUZ et al., 2014).

Diante do exposto, e considerando também a importância socioeconômica dos cultivos de *Coffea canephora* e *Manihot esculenta*, objetivou-se com este trabalho proceder estudos genéticos em populações de ambas as espécies, realizando entre outras análises, a caracterização da divergência genética com base em características morfoagronômicas.

## 2. CAPÍTULOS

## 2.1. DIVERGÊNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS ENTRE GENÓTIPOS DE *Coffea canephora*

### Resumo

Objetivou-se com este trabalho estimar os parâmetros genéticos, e estudar a divergência genética em uma população formada por 30 genótipos de *Coffea canephora*, utilizando procedimentos estatísticos uni e multivariados, aplicados sobre um conjunto de características morfoagronômicas (altura e diâmetro da planta; comprimento do entre-nós dos ramos ortotrópico e plagiotrópico; peso, volume e densidade de fruto maduro; rendimento; produtividade; índice de clorofila; comprimento, largura e área foliar; massa seca e massa seca específica de folha). Os materiais empregados neste estudo constituem uma lavoura situada no município de Vila Valério - ES, onde os genótipos estão dispostos em um delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições. Foram detectadas diferenças significativas pelo teste F a 1% ou 5% de probabilidade entre os genótipos para todas as características avaliadas, evidenciando a heterogeneidade na constituição genética da população estudada, o que é favorável ao melhoramento, pois indica a possibilidade de discriminar indivíduos superiores e promissores. Pela estimativa dos parâmetros genéticos, verificou-se que a variância fenotípica da maioria das características analisadas deveu-se predominantemente a causas genéticas. Com base na distância generalizada de Mahalanobis, as combinações mais divergentes foram obtidas entre os genótipos 23 e 10 (256,43) e entre 23 e 17 (250,09). Os agrupamentos pelos métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA foram concordantes, ambos agrupando os genótipos em três



grupos, similarmente. Dentre as características analisadas, o peso do fruto maduro (19,08%) e a produtividade (15,50%) foram as mais eficientes em explicar a dissimilaridade entre os genótipos.

**Palavras-chave:** Café Conilon, melhoramento de plantas, dissimilaridade, análise multivariada.

### **Abstract**

The objective of this work was to estimate the genetic parameters and to study genetic divergence in a population composed of 30 genotypes of *Coffea canephora*, using uni and multivariate statistical procedures, applied on a set of morphoagronomics characteristics (height and diameter of the plant; length between us of the orthotropic and plagiotropic branches; weight, volume and density of mature fruit; yield; productivity; chlorophyll index; length, width and leaf area; dry mass and specific dry mass of leaf). The materials used in this study constitute a crop located in the municipality of Vila Valério - ES, where the genotypes are arranged in a experimental design of randomized blocks, with four replicates. Significant differences were detected by the F test at 1% or 5% probability among the genotypes for all characteristics evaluated, evidencing the heterogeneity in the genetic constitution of the studied population, which is favorable to breeding, because it indicates the possibility of discriminating superior and promising individuals. By the estimation of genetic parameters, was verified that the phenotypic variance of most of the characteristics analyzed was predominantly due to genetic causes. Based on the generalized distance of Mahalanobis, the most divergent combinations were obtained between genotypes 23 and 10 (256.43) and between 23 and 17 (250.09). The groupings by methods of optimization Tocher and hierarchical UPGMA were concordant, grouping the genotypes into three groups, similarly. Among the analyzed characteristics, the weight of the mature fruit (19.08%) and the productivity (15.50%) were the most efficient in explaining the dissimilarity among genotypes.

**Key word:** Conilon coffee, plant breeding, dissimilarity, multivariate analysis.

## Introdução

O café é cultivado em mais de 11 milhões de hectares, sendo um dos mais valiosos produtos da economia global, na qual seu setor de produção envolve mais de 80 países (DENOEU et al., 2014; MOHANAN et al., 2014). O gênero *Coffea* é representado por pelo menos 124 espécies (DAVIS et al., 2011), das quais *C. arabica* Linnaeu e *C. canephora* Pierre ex A. Froehner são as de maior destaque comercial, tendo em 2016 representado respectivamente cerca de 58% e 42% das 148 milhões de sacas de 60 kg produzidas no mundo (ICO, 2017). Deste montante, o Brasil, que é líder mundial na produção dessa *commodity*, produziu 51,37 milhões de sacas, sendo 43,38 milhões de Arábica e 7,99 milhões de Conilon (CONAB, 2017). No ano de 2015 o produto representou 7,0% de todas as exportações do agronegócio brasileiro, gerando uma receita de 6,2 bilhões de dólares com a exportação de 37,1 milhões de sacas (MAPA, 2016), caracterizando o agronegócio café como um dos mais importantes da balança comercial agrícola do país.

A espécie *C. canephora*, também conhecida como café Conilon ou Robusta, é diplóide ( $2n=2x=22$  cromossomos) e predominantemente alógama, possuindo auto-incompatibilidade gametofítica (CARVALHO et al., 1991), sendo esta do tipo monogênica, ou seja, ligada a um único loco gênico "S", com pelo menos três alelos interagindo (CONAGIN & MENDES, 1961). Esse mecanismo impossibilita que o grão de pólen portador de um determinado alelo fertilize qualquer óvulo portador do mesmo alelo, impedindo a autofecundação e cruzamento de indivíduos portadores de alelos semelhantes. Dessa forma, a reprodução natural da espécie promove indivíduos altamente heterozigotos e populações com grande variabilidade genética.

Neste contexto, a caracterização e a exploração da variabilidade genética dentro da espécie *C. canephora* podem revelar recursos genéticos de grande valor, sejam novas variedades para os sistemas de produção, seja na sua utilização em programas de melhoramento genético.

A estimativa de parâmetros genéticos, tais como coeficiente de variação genético, índice de variação e herdabilidade, é de grande importância no estudo da diversidade genética de populações, pois estes parâmetros permitem conhecer o controle genético dos caracteres avaliados, e o potencial da população para o melhoramento, fazendo inferências sobre a predição de ganhos com a seleção (CRUZ et al., 2014; CORREA et al., 2015).

O estudo da divergência genética entre acessos de uma cultura é fundamental para conhecer a variabilidade genética existente na coleção, gerando informações úteis para preservação e uso dos acessos, pois os parâmetros fornecidos permitem identificar materiais geneticamente distintos e/ou promissores, além de possibilitar o agrupamento desses materiais através de alguns procedimentos, de modo que, se obtenha homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos (CRUZ et al., 2014; CARMONA et al., 2015).

Procedimentos estatísticos multivariados são amplamente utilizados no estudo da divergência genética de populações, pois, através destes é possível integrar simultaneamente múltiplas informações de um conjunto de caracteres. Dentro do gênero *Coffea* o uso da análise multivariada tem sido relatada tanto para a espécie *C. arabica* (DIAS et al., 2005; GUEDES et al., 2013; SILVA et al., 2013; TEIXEIRA et al., 2013; MOURA et al., 2015; RODRIGUES et al., 2016) quanto para *C. canephora* (FONSECA et al., 2006; IVOGLO et al., 2008; ROCHA et al., 2013; DALCOMO et al., 2015; SILVA et al., 2015a; COVRE et al., 2016). Informações neste sentido trazem subsídios para serem incorporados a programas de melhoramento.

Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho estimar os parâmetros genéticos, e estudar a divergência genética em uma população de *C. canephora*, utilizando procedimentos estatísticos uni e multivariados empregados sobre um conjunto de características morfoagronômicas.

## **Material e métodos**

### População de estudos e descrição do experimento:

Os materiais empregados neste estudo constituem uma população formada por 30 genótipos de *C. canephora*, destes, 29 propagados vegetativamente por estaquia e um via seminífera (Tabela 1).

O experimento foi implantado em maio de 2012 no município de Vila Valério - ES, latitude 18° 58' 05" S e longitude 40° 20' 02" O. A altitude média é de 150 metros, com temperatura média anual de 23°C. A região possui clima tropical, caracterizado pelo verão quente e úmido, e inverno seco, classificado como Aw, de acordo com a classificação proposta por Köppen (ALVARES et al., 2013), apresentando precipitação média anual de 1200 mm (ANA, 2015).

**Tabela 1.** Genótipos de *Coffea canephora* avaliados no município de Vila Valério - ES.

Identificação	Nome	Identificação	Nome	Identificação	Nome
1	Vitória V1	11	Beira Rio 6	21	18a
2	Vitória V2	12	Beira Rio 8	22	Baiano 4a
3	Vitória V4	13	Beira Rio 9	23	Pirata
4	Vitória V5	14	Beira Rio 10	24	Cownga
5	Vitória V7	15	Bamburral	25	Verdim 1
6	Vitória V8	16	Clementino	26	Verdim 2
7	Vitória V9	17	P.Seminífera	27	P2
8	Vitória V10	18	Emcapa 153	28	P1
9	Beira Rio 3	19	Emcapa 143	29	LB1
10	Beira Rio 5	20	22a	30	A1

Nota: Genótipos de 1 a 8 pertencem a variedade "Vitória Incaper 8142" (FONSECA et al., 2004); Genótipos 18 e 19 pertencem a variedade Emcapa 8131 (BRAGANÇA et al., 2001).

Os genótipos foram dispostos em um delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições, sendo os tratamentos constituídos pelos diferentes genótipos, e cada unidade experimental contendo quatro plantas. O plantio foi realizado no espaçamento de 2,7 metros entre linhas e 1,2 metros entre plantas, estabelecendo uma densidade de 3086 plantas por hectare, as quais foram conduzidas com quatro hastes por planta. O sistema de irrigação adotado foi o de aspersão.

#### Características avaliadas:

Foram avaliadas 15 características morfoagronômicas, sendo estas: altura (Alt. Pla) e diâmetro (Diâm. Pla) da planta aos 477 dias após plantio (DAP); comprimento de entre-nós dos ramos ortotrópico (CENRO) e plagiotrópico (CENRP), verificado após a planta atingir a fase adulta, já em plena produção; peso (Peso FM), volume (Vol. FM) e densidade (Dens. FM) de fruto maduro, realizados em frutos coletados na segunda safra das plantas; rendimento (Rend.), referente à relação entre fruto maduro e grão beneficiado (% p/p); produtividade média das safras 2014 e 2015 (Prod. Méd.), expressa em sacas (60 kg) por hectare; índice de clorofila total (Clorof. T), verificado com o auxílio de um clorofilômetro manual da marca comercial clorofiLOG<sup>®</sup>; comprimento (Comp. F), largura (Larg. F) e área (Área F) foliar, sendo esta última estimada conforme metodologia proposta por Partelli et al. (2006); massa seca (MS F) e massa seca específica (MSE F) de folha, pela relação entre massa

seca e área foliar. Para estas avaliações da morfologia foliar, foram coletadas dez folhas por parcela, sendo as coletas realizadas no terceiro e/ou quarto par de folhas recém desenvolvidas, de ramos plagiotrópicos situados no terço médio das plantas. Na ocasião da coleta as plantas apresentavam aproximadamente dois anos e oito meses de idade.

#### Análises estatísticas:

Os dados foram submetidos à análise de variância, e a existência de variabilidade foi testada por meio do teste F. A partir dos componentes da variância, foram estimados para cada característica avaliada, os seguintes parâmetros: coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ), coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ), índice de variação (IV) e herdabilidade ( $h^2$ ). Para o estudo da divergência genética, determinou-se a matriz de distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), e essa foi utilizada como medida de dissimilaridade para as análises de agrupamento dos genótipos pelo método de otimização de Tocher, e pelo método hierárquico *Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages* (UPGMA). Obteve-se ainda a contribuição relativa dos caracteres para a diversidade genética entre os genótipos de *C. canephora*, pelo método de Singh (1981). Todas as análises estatísticas supracitadas foram realizadas utilizando-se os recursos do *software* Genes (CRUZ, 2013).

### **Resultados e discussão**

De acordo com a análise de variância foram detectadas diferenças significativas pelo teste F a 1% ou 5% de probabilidade entre os genótipos de *C. canephora* para todas as características morfoagronômicas avaliadas (Tabela 2). Este fato evidencia a heterogeneidade na constituição genética da população estudada, o que é importante para análises de divergência genética, e também favorável ao melhoramento, pois indica a possibilidade de discriminar indivíduos superiores e promissores.

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância para 15 características morfoagronômicas avaliadas em 30 genótipos de *Coffea canephora*, e respectivos parâmetros genéticos, coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ), coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ), índice de variação (IV) e herdabilidade ( $h^2$ ). Vila Valério - ES.

Características	Quadrado Médio		Média	$CV_e$ (%)	$CV_g$ (%)	IV	$h^2$ (%)
	Genótipo	Resíduo					
Alt. Pla	177,1452	28,1079**	78,95	6,72	7,73	1,15	84,13
Diâm. Pla	574,8038	76,6649**	107,67	8,13	10,36	1,27	86,66
CENRO	0,5013	0,0633**	2,81	8,96	11,78	1,32	87,36
CENRP	0,5795	0,0611**	3,06	8,07	11,76	1,46	89,46
Peso FM	0,0838	0,0055**	0,95	7,79	14,67	1,88	93,42
Vol. FM	0,0823	0,0067**	0,91	9,00	15,16	1,68	91,90
Dens. FM	0,0124	0,0057**	1,06	7,14	3,86	0,54	53,95
Rend.	15,9533	2,4831**	24,84	6,34	7,39	1,16	84,43
Prod. Méd.	893,9544	79,3112**	64,35	13,84	22,18	1,60	91,13
Clorof. T	46,5976	22,6726**	70,93	6,71	3,45	0,51	51,34
Comp. F	1,9338	0,6492**	14,71	5,48	3,85	0,70	66,43
Larg. F	0,3855	0,2236*	5,69	8,31	3,54	0,42	42,00
Área F	118,4598	38,9397**	56,96	10,95	7,83	0,71	67,13
MS F	17494,4300	6071,7240**	700,77	11,12	7,63	0,69	65,29
MSE F	4,1057	1,7074**	12,40	10,54	6,24	0,59	58,41

\*\* e \*, significativo a 1 e 5% respectivamente, pelo teste F.

Alt. Pla: altura de planta aos 477 DAP (cm); Diâm. Pla: diâmetro da planta aos 477 DAP (cm); CENRO: comprimento do entre-nós do ramo ortotrópico (cm); CENRP: comprimento do entre-nós do ramo plagiotrópico (cm); Peso FM: peso de fruto maduro (g); Vol. FM: volume de fruto maduro (mL); Dens. FM: densidade de fruto maduro; Rend.: rendimento (%); Prod. Méd.: produtividade média das safras 2014 e 2015 (sacas  $ha^{-1}$ ); Clorof. T: índice de clorofila total; Comp. F: comprimento de folha (cm); Larg. F: largura de folha (cm); Área F: área foliar ( $cm^2$ ); MS F: massa seca de folha (mg); MSE F: massa seca específica de folha ( $mg\ cm^{-2}$ ).

O coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ), que expressa o desvio padrão residual como porcentagem da média geral, é frequentemente utilizada para estimar a precisão de experimentos. Neste trabalho ocorreram valores entre 5,48 e 13,84%, com média de 8,61% (Tabela 2), sendo todos esses, segundo Pimentel-Gomes (2009), classificados como baixos ( $CV_e < 10\%$ ) ou médios ( $CV_e < 20\%$ ), evidenciando conforme Cruz et al. (2014), uma boa precisão experimental nas avaliações realizadas.

O coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ), por estar diretamente ligado a variabilidade genética, permite ao melhorista ter uma noção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio da seleção (FERREIRA et al., 2016), de modo que, quanto maior a variação genética existente, maiores são as possibilidades de ganhos genéticos com a seleção (OLIVEIRA et al., 2015). Para as

características avaliadas, este parâmetro variou entre 3,45 e 22,18%, sendo o maior valor apresentado pela produtividade média (Tabela 2). Estimativas elevadas de  $CV_g$  para produtividade também foram observadas por Ramalho et al. (2016), na avaliação de quatro safras para seleção de clones de cafeeiro Conilon, com valores entre 32,3 e 56,7%. Entre os valores de  $CV_g$  obtidos por Carias et al. (2016) o maior também foi para produtividade (6,59%), entretanto, estando este abaixo do comumente encontrado na literatura. Rodrigues et al. (2012) avaliando 20 materiais genéticos de café Conilon de ciclos precoce, intermediário e tardio, ao longo de quatro colheitas, também observaram os maiores valores de  $CV_g$  para as características tamanho de frutos, produtividade média e porte da planta.

No entanto, as variações ambientais podem ofuscar as de natureza genética, e nesse sentido, o índice de variação (IV), que corresponde à razão entre as variações genéticas e ambientais ( $CV_g/CV_e$ ), torna-se um parâmetro de importância no melhoramento, pois ele permite identificar os caracteres cuja variação se deve mais as causas genéticas do que as ambientais (NASCIMENTO et al., 2014). As características avaliadas apresentaram valores de índice de variação promissores ao melhoramento, pois conforme Faluba et al. (2010) tal fato se dá quando os valores são próximos ou superiores à unidade. Neste trabalho, o menor valor (0,42) foi apresentado pela largura foliar. As características altura e diâmetro da planta aos 477 DAP, comprimento do entre-nós dos ramos ortotrópico e plagiotrópico, peso e volume de fruto maduro, rendimento, e produtividade média, apresentaram valores superiores a 0,80, estando estas na faixa (0,70 – 2,00) considerada por Ferrão et al. (2008) como favorável para um programa de melhoramento de café Conilon. Esses valores de IV indicam predominância do efeito dos genótipos na expressão das características. Ramalho et al. (2016), na avaliação de clones de cafeeiro Conilon, também observaram valores de IV superiores a unidade para a produtividade ao longo de quatro safras. Já Carias et al. (2016) observaram valores da razão  $CV_g/CV_e$  de 0,53 para tamanho de grão, 0,56 para produtividade e 0,62 para o porte da planta, e relatam a possibilidade de sucesso na seleção de progênies, em função da magnitude para essas características ter sido maior que 0,5. Neste trabalho, apenas a largura foliar apresentou valor inferior a essa magnitude.

O coeficiente de herdabilidade ( $h^2$ ), que expressa a relação entre a variância genotípica e a variância fenotípica, apresentou-se majoritariamente com altos valores ( $h^2 > 50\%$ ) para as características avaliadas, sendo a largura foliar (42%) a

única característica com herdabilidade abaixo de 50%. Segundo Ferreira et al. (2016), valores de baixa magnitude de herdabilidade podem ocorrer devido à interferência ambiental na característica. Para maior obtenção de ganhos genéticos com a seleção, Falconer (1983) recomenda que se trabalhe com valores acima de 80%. As características que apresentaram valores de herdabilidades com essa elevada magnitude ( $h^2 > 80\%$ ) foram altura (84,1%) e diâmetro (86,6%) da planta aos 477 DAP, comprimento do entre-nós dos ramos ortotrópico (87,4%) e plagiotrópico (89,5%), peso (93,4%) e volume (91,9%) de fruto maduro, rendimento (84,4%), e produtividade média (91,1%). Dessa forma, a seleção baseada nessas características pode ser realizada com maior eficiência, pois a variância fenotípica das mesmas, em sua maior parte é de origem genética, ou seja, elevada correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético. Herdabilidade com elevada magnitude, ocorrendo entre 92 e 97% para produtividade também foram observadas por Ramalho et al. (2016), na avaliação de genótipos de cafeeiro Conilon. Silva et al. (2015b) obtiveram para tamanho de fruto, altura e diâmetro da planta valores de 90, 73 e 59%, respectivamente, avaliando 46 clones de *C. canephora* var. robusta.

Observa-se variações nos valores obtidos por alguns diferentes estudos para um mesmo caractere. Esta variação ocorre em função das condições ambientais em que as estimativas foram obtidas, da variabilidade genética presente na população estudada, ou ainda, do método utilizado para a obtenção dos valores de estimativa (RAMALHO et al., 1993).

Os valores de dissimilaridade máxima e mínima para cada um dos 30 genótipos de *C. canephora*, obtidos com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), apresentaram magnitude variada, com valores oscilando entre 5,003 e 256,433, indicando uma ampla diversidade genética na população estudada (Tabela 3). Dalcomo et al. (2015), avaliando 22 genótipos de café Conilon do programa de melhoramento do Incaper, também verificaram elevada magnitude para dissimilaridade genética, com valores entre 7,32 e 168,37.



**Tabela 3.** Dissimilaridade média, máxima e mínima, para 30 genótipos de *Coffea canephora*, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), considerando 15 características morfoagronômicas<sup>1</sup>. Vila Valério - ES.

Genótipo	Dissimilaridade média	Mais dissimilares		Menos dissimilares	
		Genótipo	Distância	Genótipo	Distância
1	44,56455	23	159,139842	11	16,338563
2	42,37869	23	171,486173	6	8,380784
3	42,86718	23	160,405796	6	5,309058
4	45,72179	23	138,149287	7	15,940578
5	44,36534	23	121,645149	19	18,294495
6	34,70369	23	136,208307	15	5,003676
7	27,95849	23	108,498885	19	8,787921
8	62,69844	23	156,749164	5	32,325622
9	54,94184	23	152,761368	14	25,273979
10	66,19208	23	256,432611	17	25,995628
11	42,73313	23	156,990554	21	7,673506
12	85,16450	17	125,760347	22	31,701214
13	35,69210	23	82,246938	7	12,512651
14	29,94187	23	131,795703	7	8,899016
15	39,34052	23	131,736855	6	5,003676
16	43,51350	23	115,003605	7	16,578355
17	59,97461	23	250,088603	20	22,282136
18	44,66841	23	172,942595	25	10,809870
19	34,89041	23	125,698329	7	8,787921
20	48,43194	23	224,798217	2	21,668399
21	36,51560	23	144,725625	11	7,673506
22	43,97228	23	128,370045	7	16,221329
23	145,71600	10	256,432611	30	76,313264
24	44,18330	23	118,254270	14	15,618320
25	47,43553	23	187,401413	18	10,809870
26	73,29632	23	126,203228	5	34,716500
27	41,08602	23	150,359086	14	14,049508
28	37,21266	23	93,131116	7	12,989153
29	45,66103	23	142,243507	18	13,493561
30	49,40958	10	89,263453	28	15,767228

<sup>1</sup> Altura e diâmetro da planta aos 477 DAP; comprimento do entre-nós dos ramos ortotrópico e plagiotrópico; peso, volume e densidade de fruto maduro; rendimento; produtividade média das safras 2014 e 2015; índice de clorofila total; comprimento, largura e área foliar.; massa seca e massa seca específica de folha;

A maior dissimilaridade média (145,72) foi observada para o genótipo 23 (Pirata), estando este presente em 93,3% dos pares mais dissimilares, ou seja, apresentou-se como o genótipo mais distante para 28 dos 30 avaliados. As combinações mais divergentes foram obtidas entre os genótipos 23 e 10 (256,43) e entre 23 e 17 (250,09). Por outro lado, os genótipos 6 e 15 foram os mais similares, em razão de terem exibido a menor distância (5,00) entre os pares menos dissimilares.

Vale ressaltar que os genótipos pertencentes a variedade Vitoria (V1, V2, V4, V5, V7, V8, V9, V10 e Emcapa 153), não necessariamente apresentaram as menores distâncias combinando-se entre eles, corroborando com os resultados obtidos por Fonseca et al. (2006) na avaliação de 32 genótipos de café Conilon componentes de três variedades clonais. Esses autores destacaram que nem sempre os cruzamentos de maior interesse encontram-se entre germoplasmas de variedades distintas.

O agrupamento pelo método de otimização de Tocher, utilizando como medida de dissimilaridade genética a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), a partir de 15 características morfoagronômicas, agrupou os 30 genótipos em três grupos distintos (Tabela 4).

**Tabela 4.** Agrupamentos entre 30 genótipos de *Coffea canephora*, obtido pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), considerando 15 características morfoagronômicas<sup>1</sup>. Vila Valério - ES.

Grupos	Genótipos																		
1	6	15	3	2	21	14	7	19	13	11	28	5	1	20	27	18	25	29	24
							4	16	22	30	17	9	10	8	26				
2											12								
3											23								

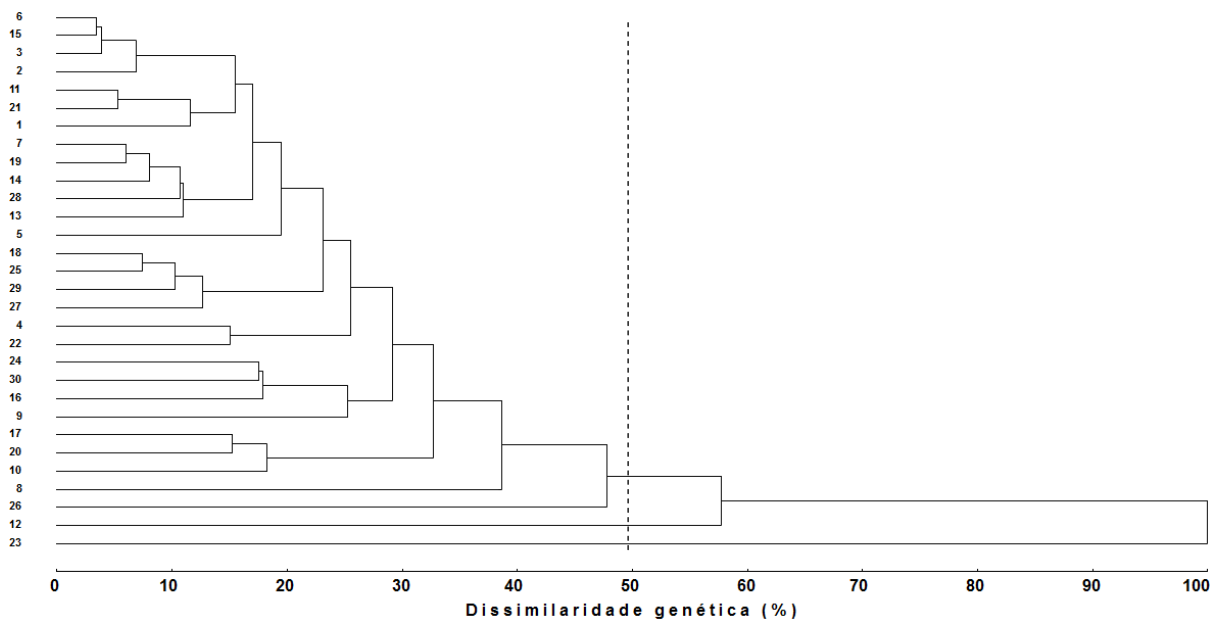
<sup>1</sup> Altura e diâmetro da planta aos 477 DAP; comprimento do entre-nós dos ramos ortotrópico e plagiotrópico; peso, volume e densidade de fruto maduro; rendimento; produtividade média das safras 2014 e 2015; índice de clorofila total; comprimento, largura e área foliar.; massa seca e massa seca específica de folha;

O primeiro grupo foi constituído por 28 genótipos, compreendendo cerca de 93% do total dos genótipos estudados. Tal fato está relacionado a grande dissimilaridade apresentada pelo genótipo 23, sendo esta superior na ordem de 192,4% comparativamente à média geral de dissimilaridade média (Tabela 3). Resultados similares foram encontrados Silva et al. (2015a), avaliando 56 genótipos do grupo Robusta, também verificaram 91% dos indivíduos associados ao primeiro grupo.

Os genótipos 12 (Beira Rio 8) e 23 (Pirata) formaram isoladamente o segundo e o terceiro grupo respectivamente, evidenciando que estes sejam mais divergentes. O método de otimização de Tocher preconiza minimizar a distância intragrupo e maximizar a distância intergrupos (CRUZ et al., 2014), dessa forma, combinações mais divergentes devem ser obtidas por genótipos alocados em grupos distintos.

Estudos reportando a utilização do método de Tocher para o agrupamento em *C. canephora* também foram realizados por Fonseca et al. (2006), trabalhando com 32 clones componentes de três variedades clonais, Ivoglo et al. (2008), com 21 progênies de meios-irmãos, e Covre et al (2016), com 34 genótipos promissores, que observaram a formação de três, quatro e oito grupos, respectivamente.

O agrupamento pelo método hierárquico UPGMA, utilizando como medida de dissimilaridade genética a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), permitiu a formação do dendrograma que ilustra a distância genética entre os genótipos estudados. Ao se estabelecer o limite máximo de 50% de dissimilaridade entre os genótipos, para que fossem incluídos em um mesmo grupo, foi observado a formação de três grupos (Figura 1).



**Figura 1.** Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 30 genótipos de *Coffea canephora*, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), considerando 15 características morfoagronômicas. Nota: Coeficiente de correlação cofenética (CCC): 87,27%.

Os grupos formados pelo método UPGMA, admitindo-se limite máximo de 50% de dissimilaridade entre os genótipos, ocorreram de forma semelhante aos formados pelo método de Tocher, aumentando a consistência dos agrupamentos. Semelhanças entre os métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA, também foram observados por Ivoglo et al. (2008), Guedes et al. (2013) e Covre et al. (2016), ao estabelecerem o limite máximo de dissimilaridade entre os genótipos em 15%, 45% e 50%, respectivamente.

Vale salientar, que com exceção dos genótipos 30 e 10, todos os demais que constituíram os pares mais dissimilares, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) (Tabela 3), foram alocados em grupos distintos tanto pelo método de otimização de Tocher (Tabela 4), quanto pelo hierárquico UPGMA (Figura 1), aumentando a confiabilidade no uso dos agrupamentos a fim de se estabelecer combinações divergentes. Motta et al. (2014) avaliando genótipos de *C. arabica* e *C. canephora*, também observaram que os genótipos mais dissimilares com base no índice Jaccard, alocaram-se majoritariamente em grupos distintos pelo UPGMA.

O estudo da contribuição relativa das 15 características morfoagronômicas para diversidade genética entre os 30 genótipos de *C. canephora*, conforme método de Singh (1981), mostrou valores entre 0,015 e 19,080% (Tabela 5).

**Tabela 5.** Contribuição relativa de 15 características morfoagronômicas para diversidade genética em 30 genótipos de *Coffea canephora*, conforme método de Singh (1981), distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). Vila Valério - ES.

Características	S.j	Valor (%)
Alt. Pla	1299,638652	6,010
Diâm. Pla	2685,260696	12,418
CENRO	2366,094264	10,942
CENRP	1893,711330	8,758
Peso FM	4125,755056	19,080
Vol. FM	968,399258	4,478
Dens. FM	3,284616	0,015
Rend.	1728,743733	7,995
Prod. Méd.	3352,028483	15,502
Clorof. T	602,932788	2,788
Comp. F	188,668397	0,872
Larg. F	272,011552	1,258
Área F	382,716226	1,770
MS F	1542,608442	7,134
MSE F	211,840563	0,980

Alt. Pla: altura de planta aos 477 DAP; Diâm. Pla: diâmetro da planta aos 477 DAP; CENRO: comprimento do entre-nós do ramo ortotrópico; CENRP: comprimento do entre-nós do ramo plagiotrópico; Peso FM: peso de fruto maduro; Vol. FM: volume de fruto maduro; Dens. FM: densidade de fruto maduro; Rend.: rendimento; Prod. Méd.: produtividade média das safras 2014 e 2015; Clorof. T: índice de clorofila total; Comp. F: comprimento de folha; Larg. F: largura de folha; Área F: área foliar; MS F: massa seca de folha; MSE F: massa seca específica de folha.

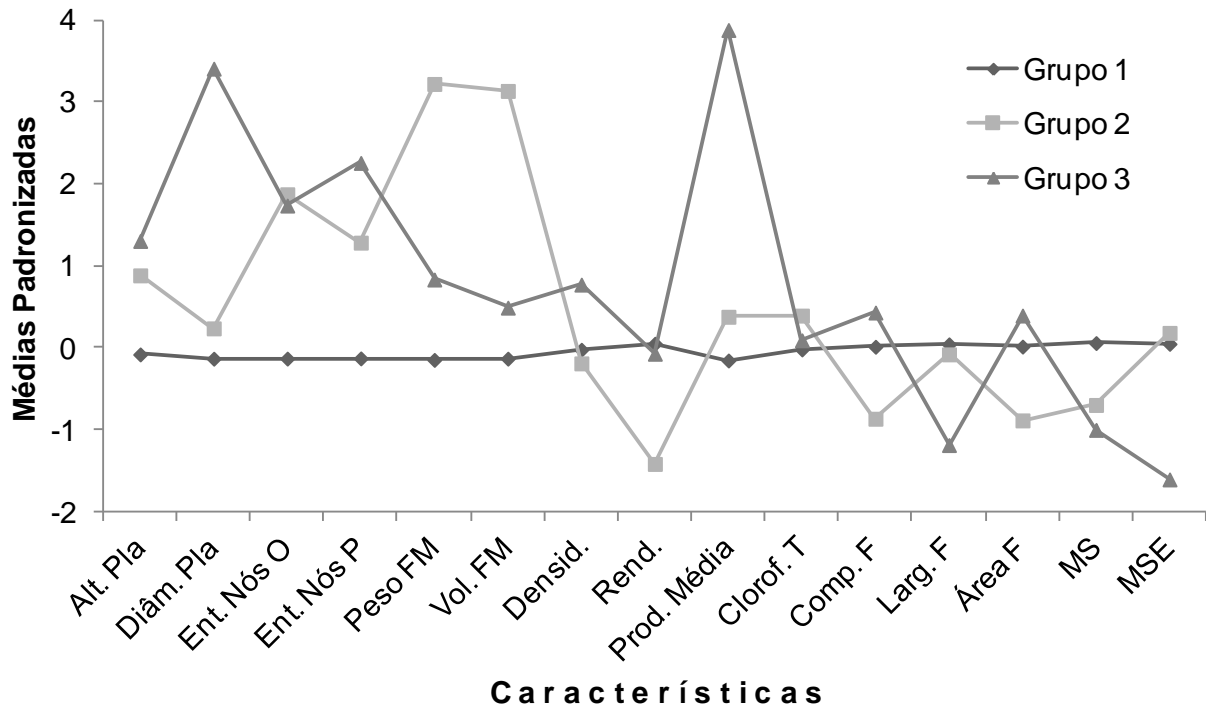
Verificou-se que as características que mais contribuíram foram o peso de fruto maduro (19,08%), a produtividade média (15,50%), o diâmetro da planta (12,42%) e o comprimento de entre-nós do ramo ortotrópico (10,94%), representando essas quatro, aproximadamente 58% da divergência genética entre

genótipos estudados. Guedes et al. (2013), avaliando 27 características em 12 acessos de cafeeiros do grupo *C. arabica* L. var. Maragogipe, e Ivoglo et al. (2008), avaliando 14 características em 21 progênies de meios-irmãos de *C. canephora*, também observaram a produtividade entre as características que mais contribuíram para a divergência entre os indivíduos estudados, com valores de 22,7 e 10,5% respectivamente.

A densidade de fruto maduro (0,015), por sua vez, foi a característica que menos contribuiu para diversidade genética, e ao ser descartada não promoveu alterações significativas nos agrupamentos obtidos pelo método de otimização de Tocher, portanto, em avaliações posteriores pode-se dar menor importância a essa característica.

Na Figura 2, são indicadas as médias padronizadas das características morfoagronômicas para cada grupo, formado pelo método de otimização de Tocher. Este gráfico permite conhecer as características que diferenciam cada grupo. É notório que entre as características de maior contribuição relativa (Tabela 5), as que caracterizam o grupo 2 são frutos de maior peso e volume, e menor rendimento. Já o grupo 3 é caracterizado por plantas de maior diâmetro e produtividade (Figura 2).

Apesar da diversidade genética verificada entre os genótipos, geralmente interessam aos melhoristas apenas os indivíduos superiores em relação a determinadas características e que apresentem divergência suficiente para gerar variabilidade na população segregante (GUEDES et al., 2013). Nos programas de melhoramento genético de *C. canephora*, busca-se genótipos, que entre outras características, promovam o aumento da produtividade e do tamanho dos grãos (FERREIRA et al., 2005). Nesse contexto, os genótipos do grupo 2 e 3, mostraram-se promissores, pois além da grande divergência genética, apresentam características de interesse agrônomo (Figura 2).



**Figura 2.** Médias padronizadas das 15 características morfoagronômicas para cada grupo formado pelo método de otimização de Tocher. Vila Valério - ES.

## Conclusões

Há divergência genética entre os 30 genótipos de *C. canephora* avaliados, apresentando, portanto, elevado potencial para aproveitamento em futuras ações de melhoramento;

A variância fenotípica das características analisadas, em sua maioria, deveu-se predominantemente a causas genéticas;

Os genótipos 23 (Pirata) e 12 (Beira Rio 8) foram os mais dissimilares;

Os métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA apresentaram consistência no agrupamento dos genótipos, ordenando-os em três grupos, similarmente;

Dentre as características analisadas, o peso de fruto maduro, a produtividade média, o diâmetro da planta, e o comprimento do entre-nós do ramo ortotrópico foram as mais eficientes em explicar a dissimilaridade entre os genótipos.

## Referência

- ALVARES, C.A.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; GONÇALVES, J.L.M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v.22, n.6, p.711-728, 2013.
- ANA, Agência Nacional de Águas. **A bacia do Rio Doce: características da bacia**. Disponível em: <<http://www.ana.gov.br/cbhriodoce/bacia/caracterizacao.asp#clima>>. Acesso em: 19 mar. 2015.
- BRAGANÇA, S.M.; CARVALHO, C.H.S.; FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, R.G. Variedades clonais de café Conilon lançadas para o estado do Espírito Santo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.5, p.765-770, 2001.
- CARIAS, C.M.O.M.; GRAVINA, G.A.; FERRÃO, M.A.G. FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, R.G.; VIVAS, M. VIANA, A.P. Predição de ganhos genéticos via modelos mistos em progênies de café Conilon. **Coffee Science**, v.11, n.1, p.39-45, 2016.
- CARMONA, P.A.O.; PEIXOTO, J.R.; AMARO, G.B.; MENDONÇA, M.A. Divergência genética entre acessos de batata-doce utilizando descritores morfoagronômicos das raízes. **Horticultura Brasileira**, v.33, n.2, p.241-250, 2015.
- CARVALHO, A.; MEDINA FILHO, H.P.; FAZUOLI, L.C.; GUERREIRO FILHO, O.; LIMA, M.M. A. Aspectos genéticos do cafeeiro. **Revista Brasileira de Genética**, v.14, n.1, p.135-183, 1991.
- CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira: Café**. Brasília: CONAB, v. 4, n. 3, 2017. 98p. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17\\_01\\_17\\_14\\_51\\_54\\_boletim\\_cafe\\_-\\_janeiro\\_de\\_2017.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_01_17_14_51_54_boletim_cafe_-_janeiro_de_2017.pdf)>. Acesso em: 25 jan. 2017.
- 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.
- CORREA, A.M.; BRAGA, D.C.; CECCON, G.; OLIVEIRA, L.V.A.; LIMA, A.R.S.; TEODORO, P.E. Variabilidade genética e correlações entre caracteres de feijão-caupi. **Revista Agro@mbiente**, v.9, n.1, p.42-47, 2015.
- COVRE, A.M.; CANAL, L.; PARTELLI, F.L.; ALEXANDRE, R.S.; FERREIRA, A.; VIEIRA, H.D. Development of clonal seedlings of promising Conilon coffee (*Coffea canephora*) genotypes. **Australian Journal of Crop Science**, v.10, n.3, p.385-392, 2016.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. rev. ampl. Viçosa: UFV, 2014. 668p.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- DALCOMO, J.M.; VIEIRA, H.D.; FERREIRA, A.; LIMA, W.L.; FERRÃO, R.G.; FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G.; PARTELLI, F.L. Evaluation of genetic

divergence among clones of conilon coffee after scheduled cycle pruning. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.4, p.15417-15426, 2015.

DAVIS, A.P.; TOSH, J.; RUCH, N.; FAY, M.F. Growing coffee: *Psilanthus* (Rubiaceae) subsumed on the basis of molecular and morphological data; implications for the size, morphology, distribution and evolutionary history of *Coffea*. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v.167, p.357-377, 2011.

DENOEUDE, F.; CARRETERO-PAULET, L.; DEREPPER, A.; DROC, G.; GUYOT, R.; PIETRELLA, M.; ZHENG, C.; ALBERTI, A.; ANTHONY, F.; APREA, G., et al. The coffee genome provides insight into the convergent evolution of caffeine biosynthesis. **Science**, v.345, p.1181-1184, 2014.

DIAS, F.P.; SOUZA, C.A.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P.N.; RASO, B.S.M.; BOTELHO, C.E. Caracterização de progênies do cafeeiro (*Coffea arabica* L.) selecionadas em Minas Gerais: III - Divergência genética. **Revista Ceres**, n.52, v.299, p.101-114, 2005.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 2. ed. London: Longman, 1983. 340p.

FALUBA, J.S.; MIRANDA, G.V.; LIMA, R.O; SOUZA, L.V.; DEBEM, E.A.; OLIVEIRA, A.M.C. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, v.40, n.6, p.1250-1256, 2010.

FERRÃO, R.G.; CRUZ, C.D.; FERREIRA, A.; CECON, P.R.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, A.F.A.; CARNEIRO, P.C.D.; SILVA, M.F. Parâmetros genéticos em café Conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.1, p.61-69, 2008.

FERREIRA, A.; CECON, P.R.; CRUZ, C.D.; FERRÃO, R.G.; SILVA, M.F.; FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G. Seleção simultânea de *Coffea canephora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, n.12, p.1189-1195, 2005.

FERREIRA, R.T.; VIANA, A.P.; SILVA, F.H.L.; SANTOS, E.A.; SANTOS, J.O. Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.38, n.1, p.158-166, 2016

FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G.; FERRÃO, R.G.; VERDIN FILHO, A.C.; VOLPI, P.S.; ZUCATELI, F. 'Conilon Vitória - Incaper 8142': improved *Coffea canephora* var. kouillou clone cultivar for the state of Espírito Santo. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, n.2, p.503-505, 2004.

FONSECA, A.F.A.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D.; SAKAIYAMA, N.S.; FERRÃO, M.A.G.; FERRÃO, R.G.; BRAGANÇA, S.M. Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.4, p.599-605, 2006.

GUEDES, J.M.; VILELA, D.J.M.; REZENDE, J.C.; SILVA, F.L.; BOTELHO, C.E.; CARVALHO, S.P. Divergência genética entre cafeeiros do germoplasma Maragogipe. **Bragantia**, v.72, n.2, p.127-132, 2013.

ICO - INTERNATIONAL COFFEE ORGANIZATION. **Dados Históricos**. Disponível em: <<http://www.ico.org/prices/po-production.pdf>>. Acesso em: 25 jan. 2017.



IVOGLO, M.G.; FAZUOLI, L.C.; OLIVEIRA, A.C.B.; GALLO, P.B.; MISTRO, J.C.; SILVAROLLA, M.B.; TOMA-BRAGHINI, M. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, v.67, n.4, p.823-831, 2008.

MAPA - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Informe estatístico do café**. Outubro/2016. Disponível em: <[http://www.agricultura.gov.br/arq\\_editor/file/vegetal/Estatistica/Caf%C3%A9/Informe-Estatistico-cafe-Outubro-2016.xlsx](http://www.agricultura.gov.br/arq_editor/file/vegetal/Estatistica/Caf%C3%A9/Informe-Estatistico-cafe-Outubro-2016.xlsx)>. Acesso em: 25 jan. 2017.

MOHANAN, S.; SATYANARAYANA, K.V.; SRIDEVI, V.; GOWDA, K.; GIRIDHAR, P.; CHANDRASHEKAR, A.; RAVISHANKAR, G.A. Evaluating the effect and effectiveness of different constructs with a conserved sequence for silencing of *Coffea canephora* N-methyltransferases. **J. Plant Biochem. Biotechnol**, v.23, n.4, p.399-409, 2014.

MOTTA, L.B.; SOARES, T.C.B.; FERRÃO, M.A.G.; CAIXETA, E.T.; LORENZONI, R.M.; SOUZA NETO, J.D. Molecular characterization of Arabica and Conilon coffee plants genotypes by SSR and ISSR markers. **Braz. Arch. Biol. Technol**, v.57, n.5, p.728-735, 2014.

MOURA, E.F.; SOUSA, N.R.; MOURA, M.F.; DIAS, M.C.; SOUZA, E.D.; FARIAS NETO, J.T.; SAMPAIO, J.E. Molecular characterization of accessions of a rare genetic resource: sugary cassava (*Manihot esculenta* Crantz) from Brazilian Amazon. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.63, p.583-593, 2016.

NASCIMENTO, W.M.O.; GURGEL, F.L.; BHERING, L.L.; RIBEIRO, O.D. Pré-melhoramento do camucamuzeiro: estudo de parâmetros genéticos e dissimilaridade. **Rev. Ceres**, v.61, n.4, p.538-543, 2014.

OLIVEIRA, N.S.; CARVALHO FILHO, J.L.S.; SILVA, D.O; PASTORIZA, R.J.G.; MELO, R.A.; SILVA, J.W.; MENEZES, D. Seleção e parâmetros genéticos de progênies de coentro tolerantes ao calor. **Hortic. bras.**, v.33, n.3, p.319-323, 2015.

PARTELLI, F.L.; VIEIRA, H.D.; DETMANN, E.; CAMPOSTRINI, E. Estimativa da área foliar do cafeeiro a partir do comprimento da folha. **Revista Ceres**, v.53, n.306, p.204-210, 2006.

PIMENTEL-GOMES, P. **Curso de Estatística Experimental**. 15. ed. Piracicaba: Fealq, 2009. 451p.

RAMALHO, A.R.; ROCHA, R.B.; SOUZA, F.F.; VENEZIANO, W.; TEIXEIRA, A.L. Progresso genético da produtividade de café beneficiado com a seleção de clones de cafeeiro 'Conilon'. **Revista Ciência Agronômica**, v.47, n.3, p.516-523, 2016.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

ROCHA, R.B.; SANTOS, D.V.; RAMALHO, A.R.; TEIXEIRA, A.L. Caracterização e uso da variabilidade genética de banco ativo de germoplasma de *Coffea canephora* Pierre ex Froehner. **Coffee Science**, v.8, n.4, p.478-485, 2013.

RODRIGUES, W.N.; TOMAZ, M.A.; FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, A.F.A.; MIRANDA, F.D.; Estimativa de parâmetros genéticos de grupos de clones de café Conilon. **Coffee Science**, v.7, n.2, p.177-186, 2012.

RODRIGUES, W.P.; VIEIRA, H.D.; TEODORO, P.E.; PARTELLI, F.L.; BARBOSA, D.H.S.G. Assessment of genetic divergence among coffee genotypes by Ward-MLM procedure in association with mixed models. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n.2, p.1-7, 2016.

SILVA, F.L.; BAFFA, D.C.F.; OLIVEIRA, A.C.B.; PEREIRA, A.A.; BONOMO, V.S. Integração de dados quantitativos e multicategóricos na determinação da divergência genética entre acessos de cafeeiro. **Bragantia**, v.72, n.3, p.224-229, 2013.

SILVA, F.L.; BAFFA, D.C.F.; REZENDE, J.C.; OLIVEIRA, A.C.B.; PEREIRA, A.A.; CRUZ, C.D. Variabilidade genética entre genótipos de café robustas no estado de Minas Gerais. **Coffee Science**, v.10, n.1, p. 20-27, 2015a.

SILVA, F.L.; REZENDE, J.C.; RODRIGUES, F.C.; SOLES, L.C.T.C.; PEREIRA, V.V.; MALTA, M.R. Seleção de clones de café robusta com potencial produtivo para a Zona da Mata Mineira. **Coffee Science**, v.10, n.4, p.464-474, 2015b.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, n.2, p.237-245, 1981.

TEIXEIRA, A.L.; GONÇALVES, F.M.A.; REZENDE, J.C.; ROCHA, R.B.; PEREIRA, A.A. Análise e componentes principais em caracteres morfológicos de café arábica em estágio juvenil. **Coffee Science**, v.8, n.2, p.205-210, 2013.

## 2.2. CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE *Manihot esculenta* CULTIVADOS NO ESPÍRITO SANTO

### Resumo

Objetivou-se com este trabalho realizar a caracterização morfoagronômica e estudar a divergência genética entre 12 genótipos de *Manihot esculenta*, utilizando procedimentos estatísticos uni e multivariados, aplicados sobre um conjunto de características morfoagronômicas (número de raízes tuberosas por planta; peso médio das raízes tuberosas; produtividade; peso total da planta; índice de colheita; altura da planta; altura da primeira ramificação; número de brotações; diâmetro do caule; número de gemas; peso médio de folha; comprimento do pecíolo). O experimento foi conduzido durante os anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015 (duas colheitas) no município de Vila Valério – ES, onde os genótipos foram dispostos em um delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições. Com exceção do peso total da planta, em todas as demais características morfoagronômicas avaliadas, foram detectadas diferenças significativas pelo teste F a 1% ou 5% de probabilidade entre os genótipos de *M. esculenta*, o que é importante para análises de divergência genética, e também favorável ao melhoramento. Os genótipos 3 (Camuquem) e 11 (Goiás) foram os mais produtivos. Com base na distância generalizada de Mahalanobis, as maiores distâncias genéticas foram obtidas entre os genótipos 10 e 12 (222,37) e entre 1 e 12 (208,63). Os agrupamentos pelos métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA foram coerentes, ambos agrupando os genótipos em quatro grupos, similarmente.

Dentre as características avaliadas, o comprimento do pecíolo (22,86%) e a produtividade (19,20%) foram as mais eficientes em explicar a dissimilaridade entre os genótipos.

**Palavras-chave:** Mandioca, melhoramento de plantas, dissimilaridade, análise multivariada.

### **Abstract**

The objective of this work was to morpho-agronomic characterization and to study a genetic divergence among 12 genotypes of *Manihot esculenta*, using uni and multivariate statistical procedures, applied on a set of morphoagronomics characteristics (number of tuberous roots per plant; average weight of tuberous roots; productivity; total plant weight; harvest index; plant height; height of the first branch; number of shoots; stem diameter; number of buds; average sheet weight; petiole length). The experiment was conducted during the agricultural years 2013/2014 and 2014/2015 (two harvests) in the municipality of Vila Valério - ES, where the genotypes were arranged in a experimental design of randomized blocks, with four replicates. Except for the total weight of the plant, in all other morphoagronomic characteristics evaluated, significant differences were detected by the 1% or 5% probability F test among the genotypes of *M. esculenta*, which is important for analysis of genetic divergence, and also favorable for breeding. The genotypes 3 (Camuquem) and 11 (Goiás) were the most productive. Based on the generalized distance of Mahalanobis, the greatest genetic distances were obtained between genotypes 10 and 12 (222.37) and between 1 and 12 (208.63). The groupings by methods of optimization Tocher and hierarchical UPGMA were coherent, grouping the genotypes into four groups, similarly. Among the characteristics evaluated, the petiole length (22.86%) and the productivity (19.20%) were the most efficient in explaining the dissimilarity among genotypes.

**Key word:** Cassava, plant breeding, dissimilarity, multivariate analysis.

## Introdução

De acordo com Rogers e Appan (1973), o gênero *Manihot* contém 98 espécies. Destas, o único táxon domesticado é *M. esculenta* ssp. *Esculenta* (BROWN et al., 2013). A mandioca (*M. esculenta*) é um arbusto lenhoso perene que pertence a família Euphorbiaceae, nativa da América do Sul (KANAGARASU et al., 2014). É uma das principais fontes de carboidratos nas regiões tropicais e subtropicais da África, Ásia e América Latina, desempenhando um papel fundamental para garantir a segurança alimentar de milhões de famílias, sobretudo nas regiões em desenvolvimento, onde é cultivada como cultura de subsistência (POOTAKHAM et al., 2014; SILVA et al., 2014a; VIDAL et al., 2015; SCHMITZ et al., 2016; BOAS et al., 2017). Além disso, esta planta é uma importante matéria prima para extração de amido, que tem vários usos nas indústrias alimentar, química, de cosméticos e farmacêutica. Em 2014 a produção de mandioca a nível global foi de 268,28 milhões de toneladas, sendo cultivada em 23,87 milhões de hectares, com produtividade média de 11,24 t ha<sup>-1</sup> (FAO, 2017). O Brasil por sua vez, teve 1,5 milhões de hectares ocupados pelo cultivo da mandioca em 2015, colhendo neste mesmo ano 23,1 milhões de toneladas da raiz, com produtividade média de 15,2 t ha<sup>-1</sup> (IBGE, 2016).

A mandioca é uma espécie diploide (2n=36 cromossomos) e monoica, reproduzindo-se predominantemente por alogamia, tornando a espécie altamente heterozigota (POOTAKHAN et al., 2014) que, embora propagada vegetativamente, é considerada uma espécie de ampla diversidade genética (COSTA et al., 2013; OLIVEIRA et al 2014; SILVA et al., 2014a). Dessa forma, possui indivíduos capazes de se adaptarem a diferentes condições edafoclimáticas, apresentando tolerância a seca e solos de baixa fertilidade (VIDAL et al., 2015; SCHMITZ et al., 2016), o que a torna uma cultura atraente para os agricultores com recursos limitados. Segundo Silva et al. (2014a), os cultivos realizados por pequenos agricultores são de grande importância na conservação dos recursos genéticos usados em programas de melhoramento.

Conhecer e caracterizar a variabilidade genética de uma dada população, manifestada por meio de caracteres morfológicos e agrônômicos, é fundamental para orientar sua conservação e manejo, e subsidiar programas de melhoramento, permitindo a identificação de genótipos superiores e mais adaptados aos novos

sistemas de produção (DIAS et al., 2015; ZERBIELLI et al., 2016). Nesse contexto, por se tratar de procedimentos que permitem integrar simultaneamente múltiplas informações de um conjunto de caracteres, a estatística multivariada tem sido amplamente utilizada para quantificar a divergência genética em diversas culturas, tais como mandioca (AGRE et al., 2015; MEHOUEYOU et al., 2016; MOURA et al., 2016; ORTIZ et al., 2016), café (DALCOMO et al., 2015; RODRIGUES et al., 2016), jabuticaba (ZERBIELLI et al., 2016), banana (KOUKOUMA et al., 2016), sorgo (ALMEIDA FILHO et al., 2016), soja (FERREIRA JUNIOR et al., 2015), entre muitas outras.

Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho realizar a caracterização morfoagronômica e estudar a divergência genética entre 12 genótipos de *Manihot esculenta*, utilizando procedimentos estatísticos uni e multivariados.

## **Material e métodos**

### População de estudos e descrição do experimento:

O experimento foi conduzido durante os anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015 (duas colheitas) no município de Vila Valério - ES, latitude 18° 57' 01" S e longitude 40° 18' 35" O. A altitude média é de 140 metros, com temperatura média anual de 23°C. A região possui clima tropical, caracterizado pelo verão quente e úmido, e inverno seco, classificado como Aw, de acordo com a classificação de Köppen (ALVARES et al., 2013), apresentando precipitação média anual de 1200 mm (ANA, 2015).

Foram avaliados por dois cultivos 12 genótipos de *M. esculenta*, estes dispostos em um delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições, sendo os tratamentos constituídos pelos diferentes genótipos, e cada unidade experimental por quatro linhas de sete plantas, sendo avaliadas as três plantas centralizadas em cada uma das duas linhas centrais, por parcela.

Os genótipos avaliados foram: Gema de Ovo (1), Eucalipto (2), Camuquem (3), Aipim do Sol (4), Paraguai (5), Cacauzinho (6), Saracura (7), São Rafael (8), Cacau (9) (disponibilizados pela Embrapa Mandioca e Fruticultura), Amarela (10), Goiás (11) e Mandioca Grande (12) (genótipos cultivados tradicionalmente na região).

Na ocasião de ambos os plantios, realizados em outubro de 2013 e outubro

de 2014, o solo foi inicialmente preparado com a utilização de uma grade aradora, seguida de rotativa de microtrator, e sulcado com espaçamento de 1,0 m entre sulcos, onde, as manivas com 15 a 20 cm de comprimento foram colocadas manualmente a cada 0,6 m e cobertas com aproximadamente 10 cm de solo. Em ambos os cultivos, a correção da acidez e a adequação da fertilidade do solo foi realizada perante a análise química do mesmo, de acordo com as indicações técnicas para a cultura da mandioca (PREZZOTI et al., 2007; PARTELLI et al., 2010), não tendo sido necessário a aplicação de calcário. Nas adubações de plantio foram aplicados o equivalente 330 kg ha<sup>-1</sup> de superfosfato simples e 100 kg ha<sup>-1</sup> de cloreto de potássio. As adubações de cobertura foram realizadas 50 dias após o plantio, com a aplicação de 65 kg ha<sup>-1</sup> de ureia. Durante os cultivos das plantas, sobretudo na fase inicial, foram adotadas medidas básicas de manejo, tais como a capina manual e irrigação por aspersão.

#### Características avaliadas:

As plantas foram colhidas 12 meses após o plantio, e as seguintes características morfoagronômicas foram avaliadas: número de raízes tuberosas por planta (NRP); peso médio das raízes tuberosas (PMR), obtido pela razão entre o peso total de raízes e o número de raízes colhidas; produtividade (Prod.), obtido pela multiplicação do peso médio de raízes por planta e o número de plantas por hectare; peso total da planta (PTP), obtido pela soma do peso de raízes, peso da cepa e peso da parte aérea de cada planta; índice de colheita (IC), expresso em %, obtido pela relação entre o peso de raízes tuberosas e o peso total da planta; altura da planta (AP), obtida pela medição a partir do nível do solo até o broto terminal; altura da primeira ramificação (AR), obtida pela medição do nível do solo até a primeira ramificação; número de brotações (NB), obtido pela contagem do número de brotações originadas de cada maniva; diâmetro do caule (DC), verificado a 20 cm a partir do nível do solo, com auxílio de um paquímetro digital; número de gemas (NG), verificado em um segmento de 20 cm do terço médio do caule; peso médio de folha (PF), aferida em balança analítica, após serem acondicionadas em estufa de circulação forçada de ar a 60°C até atingirem o peso constante; comprimento do pecíolo (CP), verificado em folhas completamente desenvolvidas, com auxílio de uma régua graduada. Nota: as características número e peso de raízes tuberosas, e produtividade, referem-se a média dos dois cultivos, as demais características (morfológicas) foram avaliadas apenas no segundo cultivo.

### Análises estatísticas:

Os dados foram submetidos à análise de variância, e a existência de variabilidade foi testada por meio do teste F. As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ( $p < 0,05$ ). Para o estudo da divergência genética, determinou-se a matriz de distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), e essa foi utilizada como medida de dissimilaridade para as análises de agrupamento dos genótipos pelo método de otimização de Tocher, e pelo método hierárquico *Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages* (UPGMA). Obteve-se ainda a contribuição relativa dos caracteres para a diversidade genética entre os genótipos de *M. esculenta*, pelo método de Singh (1981). Todas as análises estatísticas supracitadas foram realizadas utilizando-se os recursos do *software* Genes (CRUZ, 2013).

### Resultados e discussão

De acordo com a análise de variância, foram detectadas diferenças significativas pelo teste F a 1% ou 5% de probabilidade entre os genótipos de *M. esculenta* para todas as características morfoagronômicas avaliadas, exceto para o peso total da planta (Tabela 1), evidenciando a heterogeneidade na constituição genética da população estudada, o que é importante para análises de divergência genética, e também favorável ao melhoramento, pois indica a possibilidade de discriminar indivíduos superiores.

**Tabela 1.** Resumo da análise de variância para 12 características morfoagronômicas avaliadas em 12 genótipos de *Manihot esculenta*. Vila Valério - ES.

FV	GL	Quadrados Médios					
		NRP	PMR	Prod.	PTP	IC	AP
Blocos	3	11,1410	0,0005	17,4176	6,1532	84,5596	0,8311
Genótipos	11	14,8181**	0,0057**	263,4025**	1,6654 <sup>ns</sup>	374,0109**	0,6095**
Resíduo	33	1,3462	0,0009	29,5897	0,9553	76,9305	0,0633
Média		7,95	0,19	26,28	3,67	29,95	2,80
CV (%)		14,59	15,54	20,7	26,66	29,29	8,98

FV	GL	Quadrados Médios					
		AR	NB	DC	NG	PF	CP
Blocos	3	0,1189	0,3957	4,4877	9,7326	0,0084	12,5396
Genótipos	11	0,2231**	0,9329**	27,833**	20,0824**	0,0973*	68,0157**
Resíduo	33	0,0703	0,1887	2,2052	1,6843	0,0395	6,2871
Média		0,89	2,15	23,42	8,94	1,08	28,14
CV (%)		29,67	20,19	6,34	14,52	18,38	8,91

<sup>ns</sup>, \*\* e \*, não significativo, significativo a 1 e 5% respectivamente, pelo teste F.



NRP: número de raízes tuberosas por planta; PMR: peso médio das raízes tuberosas; Prod.: produtividade; PTP: peso total da planta; IC: índice de colheita; AP: altura da planta; AR: altura da primeira ramificação; NB: número de brotações; DC: diâmetro do caule; NG: número de gemas; PF: peso médio de folha; CP: comprimento do pecíolo.

As características avaliadas apresentaram valores de coeficientes de variação ambiental ( $CV_e$ ) entre 6,34 e 29,67%, com média de 17,81% (Tabela 1). A maioria das características apresentaram valores que segundo Pimentel-Gomes (2009), são classificados como baixos ( $CV_e < 10\%$ ) ou médios ( $CV_e < 20\%$ ), indicando conforme Cruz et al. (2014), uma boa precisão experimental nas avaliações realizadas.

O teste de Scott-Knott possibilitou a detecção de variabilidade entre os genótipos em onze características morfoagronômicas, agrupando os genótipos em até quatro grupos (Tabela 2).

**Tabela 2.** Médias de 12 características morfoagronômicas avaliadas em 12 genótipos de *Manihot esculenta*, conforme procedimento de Scott-Knott. Vila Valério - ES.

Genótipo	NRP	PMR	Prod.	PTP	IC	AP	AR	NB	DC	NG	PF	CP
1	6,89b	0,14c	16,63d	4,35a	15,94b	2,74b	0,81b	1,88b	28,21a	10,25b	1,21a	36,18a
2	7,30b	0,20b	25,15c	3,50a	30,80a	2,79b	1,01a	2,25a	21,53b	8,44c	1,35a	28,76b
3	10,63a	0,22a	39,57a	4,32a	46,06a	2,68b	0,66b	2,88a	22,02b	8,31c	1,19a	28,24b
4	5,35c	0,24a	22,33c	2,87a	20,20b	3,24a	1,00a	1,75b	25,38a	8,13c	1,11a	32,08a
5	7,28b	0,19b	23,62c	3,63a	25,76b	3,46a	1,19a	1,53b	25,96a	7,13c	0,97b	24,15c
6	9,63a	0,14c	22,86c	3,15a	23,33b	2,86b	1,23a	2,79a	21,38b	6,88c	1,04b	23,49c
7	9,02a	0,17b	26,92c	2,91a	34,29a	2,50b	0,59b	2,54a	19,53b	10,63b	0,87b	27,81b
8	10,20a	0,18b	31,04b	4,57a	34,38a	2,65b	0,66b	1,34b	26,83a	8,25c	1,25a	29,38b
9	7,57b	0,18b	21,96c	3,81a	33,93a	2,91b	1,15a	2,00b	23,78b	7,56c	1,01b	24,30c
10	6,59b	0,25a	27,56c	2,69a	35,79a	1,89c	0,60b	2,46a	21,12b	14,94a	1,17a	33,61a
11	10,10a	0,25a	42,31a	4,21a	42,23a	2,82b	0,81b	2,37a	22,32b	9,56b	0,84b	25,62c
12	4,91c	0,19b	15,38d	3,99a	16,68b	3,08a	1,04a	2,04b	22,99b	7,19c	0,99b	24,10c
Média	7,95	0,19	26,28	3,67	29,95	2,80	0,89	2,15	23,42	8,94	1,08	28,14

Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo agrupamento, pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

NRP: número de raízes tuberosas por planta; PMR: peso médio das raízes tuberosas (kg); Prod.: produtividade ( $t\ ha^{-1}$ ); PTP: peso total da planta (kg); IC: índice de colheita; AP: altura da planta (m); AR: altura da primeira ramificação (m); NB: número de brotações; DC: diâmetro do caule (mm); NG: número de gemas; PF: peso médio de folha (g); CP: comprimento do pecíolo (cm).

O número de raízes tuberosas por planta (NRP) variou entre 4,91 e 10,63, e o peso médio das raízes (PMR) entre 0,14 e 0,25 kg, apresentando médias de 7,95 e 0,19 kg, respectivamente. Para ambas as características os genótipos foram alocados em três grupos. Para o NRP o grupo com maiores valores foi formado por cinco genótipos (3, 8, 11, 6 e 7), apresentando todos estes, valores acima de 9,02, com média de 9,92 raízes por planta. Para o PMR o grupo com maiores valores foi

formado por quatro genótipos (10, 11, 4 e 3), destes, apenas dois coincidentes ao grupo de maiores valores de NRP, e um pertencente ao grupo de menores valores de NRP. O mesmo ocorre ao analisar o grupo de maiores médias de NRP, indicando não haver correlação entre estas características.

A maior variabilidade foi detectada para a produtividade (Prod.), sendo os genótipos divididos em quatro grupos, com valores entre 15,38 e 42,31 t ha<sup>-1</sup>. O grupo de maior média (40,94), foi 55,78% superior a média geral, sendo este formado pelos genótipos 11 (42,31) e 3 (39,57), ambos coincidentes aos grupos de maiores valores tanto de NRP, quanto de PMR, ou seja, as plantas mais produtivas apresentaram maior número de raízes tuberosas, e maior peso médio de raízes. Os genótipos 1 (16,63) e 12 (15,38) formaram o grupo de menor média. Rós e São João (2016), também associaram os maiores de valores de produtividade ao maior número de raízes por planta. Fato reafirmado por Tumuhimbise et al. (2015) e Silva et al. (2016) que verificaram correlação positiva entre essas características.

O índice de colheita (IC) apresentou valores entre 15,94 (1) e 46,06 (3), com média de 29,95, sendo formados dois grupos para esta característica, que representa a relação entre o peso das raízes e o peso total da planta. O grupo de maior média foi formado por sete genótipos (3, 11, 10, 8, 7, 9 e 2), todos com valores superiores 30,8. Silva et al. (2002) relatam que variedades com maiores índices de colheita nem sempre apresentam maiores produções de raízes, visto que, plantas com baixa produção de raízes, mas que também tenham baixa produção de parte aérea, proporcionam elevados valores de IC. Concordando com o fato supracitado, o genótipo 9, apesar de sua baixa produção de raízes, apresentou valor de IC relativamente elevado, pois também apresentou baixa produção da parte aérea. Situação semelhante foi relatada por Gomes et al. (2007).

Para a altura da planta (AP) ocorreram valores entre 1,89 (10) e 3,46 m (5), com média de 2,8 m, sendo formados três grupos. Os genótipos 5 (3,46), 4 (3,24) e 12 (3,08) formaram o grupo de plantas mais altas, e o segundo grupo, este o mais numeroso, foi formado por 8 genótipos, com valores entre 2,50 e 2,91 m. O genótipo 10 formou isoladamente o grupo de plantas menores. Apesar de não haver definições a respeito do tamanho ideal das plantas de mandioca, é possível inferir que plantas mais altas podem favorecer a realização de alguns tratos culturais, contudo, também tornam-se mais susceptíveis ao acamamento. Vale salientar que os três genótipos que formaram o grupo de plantas mais altas (5, 4, 12),

apresentaram produtividades abaixo da média. Nesse sentido, Gomes et al. (2007) relataram que plantas com elevado vigor vegetativo, em determinadas condições, podem gerar um desequilíbrio entre a parte aérea e a produção de raízes tuberosas, ocasionando baixa produção.

Quanto a altura da primeira ramificação (AR), houve a formação de dois grupos, sendo os maiores valores apresentados pelos genótipos 6, 5, 9, 12, 2 e 4, formando o primeiro grupo, com média de 1,10 m. O segundo grupo, também formado por seis genótipos (1, 11, 2, 8, 10 e 7), apresentou média de 0,69 m. Vidigal Filho et al. (2000) julgam que uma maior altura da primeira ramificação tende a facilitar, de modo geral, o manejo da cultura, principalmente atividades relacionadas à colheita e ao manejo de plantas daninhas. Ainda neste contexto, Gomes et al. (2007) salientam que produtores preferem as cultivares cuja arquitetura se expressa em maior altura da primeira ramificação, pois além das vantagens supracitadas, facilitam os cultivos consorciados.

Os valores de dissimilaridade máxima e mínima para cada um dos 12 genótipos de *M. esculenta*, obtidos com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), indicam uma ampla diversidade genética entre os indivíduos, com valores entre 12,279 e 222,372 (Tabela 3).

**Tabela 3.** Dissimilaridade média, máxima e mínima para 12 genótipos de *Manihot esculenta*, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), considerando 12 características morfoagronômicas<sup>1</sup>. Vila Valério - ES.

Genótipo	Dissimilaridade média	Mais dissimilares		Menos dissimilares	
		Genótipo	Distância	Genótipo	Distância
1	126,26150	12	208,634067	8	51,782532
2	51,10381	1	131,758819	9	13,223786
3	67,68456	12	143,259622	11	20,836267
4	61,17200	1	112,669245	5	31,145170
5	65,88590	10	167,893705	9	13,998441
6	63,35243	10	144,985400	9	12,279067
7	57,05195	12	124,419137	11	23,925858
8	68,56685	12	154,162333	3	35,480786
9	61,70703	10	158,086828	6	12,279067
10	123,09394	12	222,372449	7	54,543594
11	65,80012	12	135,781810	3	20,836267
12	110,12085	10	222,372449	9	26,234547

<sup>1</sup> Número de raízes tuberosas por planta; peso médio das raízes tuberosas; produtividade; peso total da planta; índice de colheita; altura da planta; altura da primeira ramificação; número de brotações; diâmetro do caule; número de gemas; peso médio de folha; comprimento do pecíolo.

As menores distâncias genéticas foram verificadas entre os genótipos 6 e 9 (12,28), e entre 2 e 9 (13,22), sendo estas combinações as menos divergentes. Já a maior distância encontrada foi entre os genótipos 10 (Amarela) e 12 (Mandioca Grande) (222,37), seguida por 1 (Gema de Ovo) e 12 (Mandioca Grande) (208,63), e conforme Folconer (1983), estas combinações tendem a proporcionar maior efeito heterótico, de forma que, se tenha maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes.

O agrupamento pelo método de otimização de Tocher, utilizando como medida de dissimilaridade genética a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), a partir de 12 características morfoagronômicas, agrupou os 12 genótipos em quatro grupos distintos (Tabela 4). Tal fato evidencia a variabilidade genética entre os genótipos avaliados, visto que, o método preconiza minimizar a distância intragrupo e maximizar a distância intergrupos.

**Tabela 4.** Agrupamentos entre 12 genótipos de *Manihot esculenta*, obtido pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), considerando 12 características morfoagronômicas<sup>1</sup>. Vila Valério - ES.

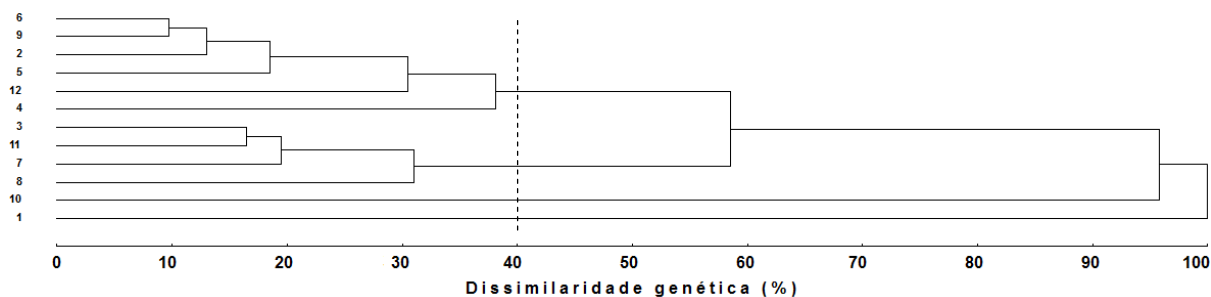
Grupos	Genótipos
1	5 9 12 4 2 6
2	3 11 7 8
3	10
4	1

<sup>1</sup> Número de raízes tuberosas por planta; peso médio das raízes tuberosas; produtividade; peso total da planta; índice de colheita; altura da planta; altura da primeira ramificação; número de brotações; diâmetro do caule; número de gemas; peso médio de folha; comprimento do pecíolo.

O primeiro grupo foi formado por seis genótipos (5, 9, 12, 4, 2 e 6), sendo este o maior, com 50% do total de genótipos avaliados. No segundo grupo foram alocados quatro genótipos (3, 11, 7 e 8). O terceiro e quarto grupo foram constituídos por apenas um genótipo cada, sendo estes o 10 (Amarela) e o 1 (Gema de Ovo), respectivamente. O fato de esses genótipos agruparem-se isoladamente aponta na direção que eles sejam mais divergentes. Nick et al. (2010) trabalhando com 100 subamostras de mandioca e Zuin et al. (2009) com 43 acessos coletados na região Noroeste do Estado do Paraná, observaram a formação de nove grupos, e em ambos trabalhos o primeiro grupo englobou mais de 50% da população estudada, de forma semelhante a este trabalho.

O agrupamento pelo método hierárquico UPGMA, utilizando como medida de dissimilaridade genética a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), permitiu a

formação do dendrograma que ilustra a distância genética entre os genótipos estudados, a partir do qual, ao se estabelecer o limite máximo de 40% de dissimilaridade entre os genótipos, para que fossem incluídos em um mesmo grupo, foi observado a formação de quatro grupos (Figura 1).



**Figura 1.** Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 12 genótipos de *Manihot esculenta*, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), considerando 12 características morfoagronômicas. Nota: Coeficiente de correlação cofenética (CCC): 76,27%.

Os grupos formados pelo método UPGMA, apresentam similaridade aos formados pelo método de Tocher. Sendo todos os grupos constituídos de forma idêntica a algum grupo formado pelo método de Tocher. Zuin et al. (2009) também observaram uma tendência em discriminar os acessos de mandioca por grupos de forma semelhante pelos métodos de otimização de Tocher e hierárquico do “Vizinho Mais Próximo” ao estabelecer o limite máximo de dissimilaridade entre os genótipos em 70%. Semelhanças nos agrupamentos pelos métodos de otimização e hierárquico também foram relatadas por Covre et al. (2016) em café Conilon (*Coffea canephora*), por Gonçalves et al. (2016) em feijão (*Phaseolus vulgaris*), por Silva et al. (2014b) em pessegueiro (*Prunus persica*), e por Lourenço et al. (2013) em muricizeiro (*Byrsonima dealbata*).

Vale salientar, que todos os genótipos que constituíram os pares mais divergentes, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) (Tabela 2), foram alocados em grupos distintos tanto pelo método de otimização de Tocher (Tabela 3), quanto pelo hierárquico UPGMA ao estabelecer o limite máximo de dissimilaridade entre os genótipos em 40% (Figura 1).

O estudo da contribuição relativa das 12 características morfoagronômicas para diversidade genética entre os 12 genótipos de *M. esculenta*, conforme método de Singh (1981) mostrou valores entre 0,14% e 22,86% (Tabela 5).

**Tabela 5.** Contribuição relativa de 12 características morfoagronômicas para diversidade genética em 12 genótipos de *Manihot esculenta*, conforme método de Singh (1981), distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). Vila Valério - ES.

Características	S.j	Valor (%)
NRP	39,939368	0,7772
PMR	765,177762	14,8909
Prod.	986,839186	19,2045
PTP	106,630121	2,0751
IC	7,294092	0,1419
AP	459,479573	8,9418
AR	253,473312	4,9328
NB	129,615579	2,5224
DC	476,110292	9,2654
NG	704,850428	13,7169
PF	34,333452	0,6682
CP	1174,828929	22,8629

NRP: número de raízes tuberosas por planta; PMR: peso médio das raízes tuberosas; Prod.: produtividade; PTP: peso total da planta; IC: índice de colheita; AP: altura da planta; AR: altura da primeira ramificação; NB: número de brotações; DC: diâmetro do caule; NG: número de gemas; PF: peso médio de folha; CP: comprimento do pecíolo.

Verificou-se que as características que mais contribuíram foram o comprimento do pecíolo (22,86%), produtividade (19,20%), peso médio de raízes tuberosas (14,89%) e número de gemas (13,72%), respondendo essas quatro, por aproximadamente 70,64% da divergência genética entre genótipos estudados. Zuin et al. (2009) também observaram o comprimento do pecíolo (18,04%) entre as características de maiores contribuições para a divergência genética entre acessos de mandioca de mesa.

O índice de colheita, peso médio de folha e número de raízes tuberosas por planta, foram as características que menos contribuíram para diversidade genética, apresentando valores respectivamente de 0,1419%, 0,6682% e 0,7772%. Entretanto, ao serem descartadas promoveram alterações significativas nos agrupamentos, o que não é desejado no descarte de caracteres.

## Conclusões

Os genótipos 3 (Camuquem) e 11 (Goiás) foram os mais produtivos;

Há divergência genética entre os 12 genótipos de *M. esculenta* avaliados, indicando potencial aproveitamento da população em futuras ações de melhoramento;

Os genótipos 10 (Amarela) e 1 (Gema de Ovo) foram o mais dissimilares;

Os métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA foram concordantes, ambos ordenando os genótipos em quatro grupos, similarmente;

Dentre as características analisadas, o comprimento do pecíolo e a produtividade foram as mais eficientes em explicar a dissimilaridade entre os genótipos.

## Referência

AGRE, A.P.; BHATTACHARJEE, R.; DANSI, A.; LOPEZ-LAVALLE, L.A.B.; DANSI, M.; SANNA, A. Assessment of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) diversity, loss of landraces and farmers preference criteria in southern Benin using farmers' participatory approach. **Genetic Resources and Crop Evolution**, (Online) 2015.

ALMEIDA FILHO, J.E.; TARDIN, F.D.; GUIMARÃES, J.F.R.; RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F.; SIMEONE, M.L.; MENEZES, C.B.; QUEIROZ, V.A.V. Multi-trait BLUP model indicates sorghum hybrids with genetic potential for agronomic and nutritional traits. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n.1, p.1-9, 2016.

ALVARES, C.A.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; GONÇALVES, J.L.M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v.22, n.6, p.711-728, 2013.

ANA, Agência Nacional de Águas. **A bacia do Rio Doce: características da bacia**. Disponível em: <<http://www.ana.gov.br/cbhriodoce/bacia/caracterizacao.asp#clima>>. Acesso em: 19 mar. 2015.

BOAS, S.A.V.; OLIVEIRA, S.A.S.; BRAGANÇA, C.A.D.; RAMOS, J.B.; OLIVEIRA, E.J. Survey of fungi associated with cassava root rot from different producing regions in Brazil. **Scientia Agricola**, v.74, n.1, p.60-67, 2017.

BROWN, C.H.; CLEMENT, C.R.; EPPS, P.; LUEDELING, E.; WICHMANN, S. The Paleobiolinguistics of Domesticated Manioc (*Manihot esculenta*). **Ethnobiology Letters**, v.4, p.61-70, 2013.

COSTA, T.R.; VIDIGAL FILHO, P.S.; VIDIGAL, M.C.G.; GALVÁN, M.Z.; LACANALLO, G.F.; SILVA, L.I.; KVITSCHAL, M.V. Genetic diversity and population structure of sweet cassava using simple sequence repeat (SSR) molecular markers. **African Journal of Biotechnology**, v.12, n.10, p.1040-1048, 2013.

COVRE, A.M.; CANAL, L.; PARTELLI, F.L.; ALEXANDRE, R.S.; FERREIRA, A.; VIEIRA, H.D. Development of clonal seedlings of promising Conilon coffee (*Coffea canephora*) genotypes. **Australian Journal of Crop Science**, v.10, n.3, p.385-392, 2016.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. rev. ampl. Viçosa: UFV, 2014. 668p.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

DALCOMO, J.M.; VIEIRA, H.D.; FERREIRA, A.; LIMA, W.L.; FERRÃO, R.G.; FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G.; PARTELLI, F.L. Evaluation of genetic divergence among clones of conilon coffee after scheduled cycle pruning. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.4, p.15417-15426, 2015.

DIAS, F.T.C.; BERTINI, C.H.C.M.; SILVA, A.P.M.; CAVALCANTI, J.J.V. Variabilidade genética de feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce analisada por marcadores RAPD e ISSR. **Revista Ciência Agronômica**. v.46, n.3, p.563-572, 2015.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 2. ed. London: Longman, 1983. 340p.

FAO - FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Divisão de Estatísticas**. Disponível em: < <http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E> >. Acesso em: 25 jan. 2017.

FERREIRA JÚNIOR, J.A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ESPÍNDOLA, S.M.C.G.; VIANNA, V.F.; DI MAURO, A.O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Revista Ciência Agronômica**, v.46, n.2, p.339-351, 2015.

GOMES, C.N.; CARVALHO, S.P.; JESUS, A.M.S.; CUSTÓDIO, T.N. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.8, p.1121-1130, 2007.

GONÇALVES, D.L.; BARELLI, M.A.A.; SANTOS, P.R.J.; OLIVEIRA, T.C.; SILVA, C. R.; NEVES, L.G.; POLETINE, J.P.; LUZ, P.B. Variabilidade genética de germoplasma tradicional de feijoeiro comum na região de Cáceres-MT. **Ciência Rural**, v.46, n.1, p.100-107, 2016.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola**. Rio de Janeiro: IBGE, v. 29, n. 11, 2016. 86p. Disponível em: <[ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao\\_Agricola/Levantamento\\_Sistemtico\\_da\\_Producao\\_Agricola\\_\[mensal\]/Fasciculo/lspa\\_201611.pdf](ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Agricola/Levantamento_Sistemtico_da_Producao_Agricola_[mensal]/Fasciculo/lspa_201611.pdf)>. Acesso em: 25 jan. 2017.

KANAGARASU, S.; JUSTINRAJ, F.; PREM JOSHUA, J.; GANESHARAM, S.; JOHN JOEL, A. Exploration and collection of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) in Western Ghats and characterisation for industrial use. **Research Journal of Recent Sciences**, v.3, p.248-255, 2014.



- KOUKOUMA, R.; YEDOMONHAN, H.; DANSI, A.; ADJATIN, A.; AGRE, P. Diversity and management of manana and plantain (*Musa spp.*) varieties in Togo. **Int. J. Curr. Res. Biosci. Plant Biol**, v.3, n.2, p.127-138, 2016.
- LOURENÇO, I.P.; FIGUEIREDO, R. W.; ALVES, R.R.; ARAGÃO, F.A.D.; MOURA, C.F.H. Caracterização de frutos de genótipos de muricizeiros cultivados no litoral cearense. **Revista Ciência Agronômica**, v.44, n.3, p.499-504, 2013.
- MEHOUEYOU, F.M.; DASSOU, A.; SANOUSI, F.; DANSI, A.; ADJATIN, A.; DANSI, M.; ASSOGBA, P.; AHISSOU, H. Physicochemical characterization of cassava (*Manihot esculenta*) elite cultivars of Southern Benin. **Int. J. Adv. Res. Biol. Sci.**, v.3, n.3, p.190-199, 2016.
- MOURA, E.F.; SOUSA, N.R.; MOURA, M.F.; DIAS, M.C.; SOUZA, E.D.; FARIAS NETO, J.T.; SAMPAIO, J.E. Molecular characterization of accessions of a rare genetic resource: sugary cassava (*Manihot esculenta* Crantz) from Brazilian Amazon. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.63, p.583-593, 2016.
- NICK, C.; CARVALHO, S.P.; JESUS, A.M.S.; CUSTÓDIO, T.N.; MARIM, B.G.; ASSIS, L.H.B. Divergência genética entre subamostras de mandioca. **Bragantia**, v.69, n.2, p.289-298, 2010.
- OLIVEIRA, E.J.; FERREIRA, C.F.; SANTOS, V.S; JESUS, O.N.; OLIVEIRA, G.A.F.; SILVA, M.S. Potential of SNP markers for the characterization of Brazilian cassava germplasm. **Theor Appl Genet**, v.127, p.1423-1440, 2014.
- ORTIZ, A.H.T.; ROCHA, V.P.C.; MOIANA, L.D.; VIDIGAL, M.C.G.; GALVÁN, M.Z.; VIDIGAL FILHO, P.S. Population Structure and Genetic Diversity in Sweet Cassava Cultivars from Paraná, Brazil. **Plant Molecular Biology Reporter**, (Online) 2016.
- PARTELLI, F.L.; RAMOS, J.G.A.; TAKEUCHI, K.P.; VIEIRA, H.D. **Cultivo da mandioca no cerrado goiano**. Goiânia: Vieira, 2010. 92p.
- PIMENTEL-GOMES, P. **Curso de Estatística Experimental**. 15. ed. Piracicaba: Fealq, 2009. 451p.
- POOTAKHAM, W.; SHEARMAN, J.R.; AREERATE, P.R.; SONTHIROD, C.; SANGSRAKRU, D.; JOMCHAI, N.; YOOCHA, T.; TRIWITAYAKORN, K.; TRAGOONRUNG, S.; TANGPHATSORNRUANG, S. Large-Scale SNP discovery through RNA sequencing and SNP genotyping by targeted enrichment sequencing in cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **PLoS ONE**, v.9, n.12, 2014.
- PREZOTTI, L.C.; GOMES, J.A.; DADALTO, G.G.; OLIVEIRA, J.A. **Manual de recomendação de calagem e adubação para o Estado do Espírito Santo - 5ª aproximação**. Vitória: SEEA/Incaper/Cedagro, 2007. 305p.
- RODRIGUES, W.P.; VIEIRA, H.D.; TEODORO, P.E.; PARTELLI, F.L.; BARBOSA, D.H.S.G. Assessment of genetic divergence among coffee genotypes by Ward-MLM procedure in association with mixed models. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n.2, p.1-7, 2016.
- RÓS, A.B.; SÃO JOÃO, R.E. Desempenho agrônômico e uso eficiente da terra em arranjos de plantas de mandioca e batata-doce. **Revista Ceres**, v.63, n.4, p.517-522, 2016.

- SCHMITZ, G.J.H.; ANDRADE, J.M.; VALLE, T.L.; LABATE, C.A.; NASCIMENTO, J.R.O. Comparative proteome analysis of the tuberous roots of six cassava (*Manihot esculenta*) varieties reveals proteins related to phenotypic traits. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v.64, p.3293-3301, 2016.
- SILVA, A.M.O.; SILVA, G.F.; DIAS, M.C.; CLEMENT, C.R.; SOUSA, N.R. Inter-retrotransposon-amplified polymorphism markers for germplasm characterization in *Manihot esculenta* (Euphorbiaceae). **Genetics and Molecular Research**, v.13, n.2, p.3800-3804, 2014a.
- SILVA, J.O.C.; CREMASCO, J.P.G.; MATIAS, R.G.P.; SILVA, D.F.F.; SALAZAR, A.H.; BRUCKNER, C.H. Divergência genética entre populações de pessegueiro baseada em características da planta e do fruto. **Ciência Rural**, v.44, n.10, p.1770-1775, 2014b.
- SILVA, R.M.; FARALDO, M.F.I.; ANDO, A.; VEASEY, E.A. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca. In: CEREDA, M.P. (Ed.). **Cultura de tuberosas amiláceas Latino Americanas**. São Paulo: Fundação Cargill, 2002. p.207-242.
- SILVA, R.S.; MOURA, E.F.; FARIAS NETO, J.T.; SAMPAIO, J.E. Genetic parameters and agronomic evaluation of cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.51, n.7, p.834-841, 2016.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, n.2, p.237-245, 1981.
- TUMUHIMBISE, R.; SHANAHAN, P.; MELIS, R.; KAWUKI, R. Genetic variation and association among factors influencing storage root bulking in cassava. **Journal of Agricultural Science**, v.153, p.1267-1280, 2015.
- VIDAL, A.M.; VIEIRA, L.J.; FERREIRA, C.F.; SOUZA, F.V.D.; SOUZA, A.S.; LEDO, C.A.S. Genetic fidelity and variability of micropropagated cassava plants (*Manihot esculenta* Crantz) evaluated using ISSR markers. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.3, p.7759-7770, 2015.
- VIDIGAL FILHO, P.S.; PEQUENO, M.G.; SCAPIM, C.A.; VIDIGAL, M.C.G.; MAIA, R.R.; SAGRILO, E.; SIMON, G.A.; LIMA, R.S. Avaliação de cultivares de mandioca na região noroeste do Paraná. **Bragantia**, v.59, n.1, p.69-75, 2000.
- ZERBIELLI, L.; NIENOW, A.A.; DALACORTE, L.; JACOBS, R.; DARONCH, T. Diversidade físico-química dos frutos de jaboticabeiras em um sítio de ocorrência natural. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.38, n.1, p.107-116, 2016.
- ZUIN, G.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; KVITSCHAL, M.V.; VIDIGAL, M.C.G.; COIMBRA, G.K. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, v.30, n.1, p.21-30, 2009.

### 3. CONCLUSÕES GERAIS

Há divergência genética tanto na população de *C. canephora* quanto na de *M. esculenta*, portanto, apresentando ambas, elevado potencial para aproveitamento em futuras ações de melhoramento;

Em ambos os trabalhos, os métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA apresentaram consistência nos agrupamentos, ordenando os genótipos de forma semelhante;

Pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), foram identificados os materiais mais dissimilares em cada população, sendo para *C. canephora* os genótipos 23 (Pirata) e 12 (Beira Rio 8), e para *M. esculenta* os genótipos 10 (Amarela) e 1 (Gema de Ovo);

A utilização de análises multivariadas em programas de melhoramento genético possibilita a identificação de genótipos promissores, fazendo inferências na determinação de cruzamentos que apresentem elevado efeito heterótico na população segregante.

## REFERÊNCIAS

AGRE, A.P.; BHATTACHARJEE, R.; DANSI, A.; LOPEZ-LAVALLE, L.A.B.; DANSI, M.; SANNI, A. Assessment of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) diversity, loss of landraces and farmers preference criteria in southern Benin using farmers' participatory approach. **Genetic Resources and Crop Evolution**, (Online) 2015.

ALMEIDA FILHO, J.E.; TARDIN, F.D.; GUIMARÃES, J.F.R.; RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F.; SIMEONE, M.L.; MENEZES, C.B.; QUEIROZ, V.A.V. Multi-trait BLUP model indicates sorghum hybrids with genetic potential for agronomic and nutritional traits. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n.1, p.1-9, 2016.

ALVARES, C.A.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; GONÇALVES, J.L.M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v.22, n.6, p.711-728, 2013.

ANA, Agência Nacional de Águas. **A bacia do Rio Doce: características da bacia**. Disponível em: <<http://www.ana.gov.br/cbhriodoce/bacia/caracterizacao.asp#clima>>. Acesso em: 19 mar. 2015.

BOAS, S.A.V.; OLIVEIRA, S.A.S.; BRAGANÇA, C.A.D.; RAMOS, J.B.; OLIVEIRA, E.J. Survey of fungi associated with cassava root rot from different producing regions in Brazil. **Scientia Agricola**, v.74, n.1, p.60-67, 2017.

BRAGANÇA, S.M.; CARVALHO, C.H.S.; FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, R.G. Variedades clonais de café Conilon lançadas para o estado do Espírito Santo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.5, p.765-770, 2001.

BROWN, C.H.; CLEMENT, C.R.; EPPS, P.; LUEDELING, E.; WICHMANN, S. The Paleobiolinguistics of Domesticated Manioc (*Manihot esculenta*). **Ethnobiology Letters**, v.4, p.61-70, 2013.

CARIAS, C.M.O.M.; GRAVINA, G.A.; FERRÃO, M.A.G. FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, R.G.; VIVAS, M. VIANA, A.P. Predição de ganhos genéticos via modelos mistos em progênies de café Conilon. **Coffee Science**, v.11, n.1, p.39-45, 2016.

- CARMONA, P.A.O.; PEIXOTO, J.R.; AMARO, G.B.; MENDONÇA, M.A. Divergência genética entre acessos de batata-doce utilizando descritores morfoagronômicos das raízes. **Horticultura Brasileira**, v.33, n.2, p.241-250, 2015.
- CARVALHO, A.; MEDINA FILHO, H.P.; FAZUOLI, L.C.; GUERREIRO FILHO, O.; LIMA, M.M. A. Aspectos genéticos do cafeeiro. **Revista Brasileira de Genética**, v.14, n.1, p.135-183, 1991.
- CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira: Café**. Brasília: CONAB, v. 4, n. 3, 2017. 98p. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17\\_01\\_17\\_14\\_51\\_54\\_boletim\\_cafe\\_-\\_janeiro\\_de\\_2017.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_01_17_14_51_54_boletim_cafe_-_janeiro_de_2017.pdf)>. Acesso em: 25 jan. 2017.
- 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.
- CORREA, A.M.; BRAGA, D.C.; CECCON, G.; OLIVEIRA, L.V.A.; LIMA, A.R.S.; TEODORO, P.E. Variabilidade genética e correlações entre caracteres de feijão-caupi. **Revista Agro@mbiente**, v.9, n.1, p.42-47, 2015.
- COSTA, T.R.; VIDIGAL FILHO, P.S.; VIDIGAL, M.C.G.; GALVÁN, M.Z.; LACANALLO, G.F.; SILVA, L.I.; KVITSCHAL, M.V. Genetic diversity and population structure of sweet cassava using simple sequence repeat (SSR) molecular markers. **African Journal of Biotechnology**, v.12, n.10, p.1040-1048, 2013.
- COVRE, A.M.; CANAL, L.; PARTELLI, F.L.; ALEXANDRE, R.S.; FERREIRA, A.; VIEIRA, H.D. Development of clonal seedlings of promising Conilon coffee (*Coffea canephora*) genotypes. **Australian Journal of Crop Science**, v.10, n.3, p.385-392, 2016.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. rev. ampl. Viçosa: UFV, 2014. 668p.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- DALCOMO, J.M.; VIEIRA, H.D.; FERREIRA, A.; LIMA, W.L.; FERRÃO, R.G.; FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G.; PARTELLI, F.L. Evaluation of genetic divergence among clones of conilon coffee after scheduled cycle pruning. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.4, p.15417-15426, 2015.
- DAVIS, A.P.; TOSH, J.; RUCH, N.; FAY, M.F. Growing coffee: *Psilanthus* (Rubiaceae) subsumed on the basis of molecular and morphological data; implications for the size, morphology, distribution and evolutionary history of *Coffea*. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v.167, p.357-377, 2011.
- DENOEUDE, F.; CARRETERO-PAULET, L.; DEREPPER, A.; DROC, G.; GUYOT, R.; PIETRELLA, M.; ZHENG, C.; ALBERTI, A.; ANTHONY, F.; APREA, G., et al. The coffee genome provides insight into the convergent evolution of caffeine biosynthesis. **Science**, v.345, p.1181-1184, 2014.
- DIAS, F.P.; SOUZA, C.A.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P.N.; RASO, B.S.M.; BOTELHO, C.E. Caracterização de progênies do cafeeiro (*Coffea arabica* L.)

selecionadas em Minas Gerais: III - Divergência genética. **Revista Ceres**, n.52, v.299, p.101-114, 2005.

DIAS, F.T.C.; BERTINI, C.H.C.M.; SILVA, A.P.M.; CAVALCANTI, J.J.V. Variabilidade genética de feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce analisada por marcadores RAPD e ISSR. **Revista Ciência Agronômica**, v.46, n.3, p.563-572, 2015.

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

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 2. ed. London: Longman, 1983. 340p.

FALUBA, J.S.; MIRANDA, G.V.; LIMA, R.O; SOUZA, L.V.; DEBEM, E.A.; OLIVEIRA, A.M.C. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, v.40, n.6, p.1250-1256, 2010.

FAO - FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Divisão de Estatísticas**. Disponível em: < <http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E> >. Acesso em: 25 jan. 2017.

FERRÃO, R.G.; CRUZ, C.D.; FERREIRA, A.; CECON, P.R.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, A.F.A.; CARNEIRO, P.C.D.; SILVA, M.F. Parâmetros genéticos em café Conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.1, p.61-69, 2008.

FERREIRA JÚNIOR, J.A.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; ESPÍNDOLA, S.M.C.G.; VIANNA, V.F.; DI MAURO, A.O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos. **Revista Ciência Agronômica**, v.46, n.2, p.339-351, 2015.

FERREIRA, A.; CECON, P.R.; CRUZ, C.D.; FERRÃO, R.G.; SILVA, M.F.; FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G. Seleção simultânea de *Coffea canephora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, n.12, p.1189-1195, 2005.

FERREIRA, R.T.; VIANA, A.P.; SILVA, F.H.L.; SANTOS, E.A.; SANTOS, J.O. Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.38, n.1, p.158-166, 2016

FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G.; FERRÃO, R.G.; VERDIN FILHO, A.C.; VOLPI, P.S.; ZUCATELI, F. 'Conilon Vitória - Incaper 8142': improved *Coffea canephora* var. kouillou clone cultivar for the state of Espírito Santo. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, n.2, p.503-505, 2004.

FONSECA, A.F.A.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D.; SAKAIYAMA, N.S.; FERRÃO, M.A.G.; FERRÃO, R.G.; BRAGANÇA, S.M. Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.4, p.599-605, 2006.

GOMES, C.N.; CARVALHO, S.P.; JESUS, A.M.S.; CUSTÓDIO, T.N. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.8, p.1121-1130, 2007.

GONÇALVES, D.L.; BARELLI, M.A.A.; SANTOS, P.R.J.; OLIVEIRA, T.C.; SILVA, C. R.; NEVES, L.G.; POLETINE, J.P.; LUZ, P.B. Variabilidade genética de

germoplasma tradicional de feijoeiro comum na região de Cáceres-MT. **Ciência Rural**, v.46, n.1, p.100-107, 2016.

GUEDES, J.M.; VILELA, D.J.M.; REZENDE, J.C.; SILVA, F.L.; BOTELHO, C.E.; CARVALHO, S.P. Divergência genética entre cafeeiros do germoplasma Maragogipe. **Bragantia**, v.72, n.2, p.127-132, 2013.

HAIR, J.F.; BLACK, W.; BABIN, B.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L. **Análise Multivariada de dados**. Editora Bookman, Porto Alegre, 6. ed., 2009. 688 p.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola**. Rio de Janeiro: IBGE, v. 29, n. 11, 2016. 86p. Disponível em: <ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao\_Agricola/Levantamento\_Sistematico\_da\_Producao\_Agricola\_[mensal]/Fasciculo/lspa\_201611.pdf >. Acesso em: 25 jan. 2017.

ICO - INTERNATIONAL COFFEE ORGANIZATION. **Dados Históricos**. Disponível em: <http://www.ico.org/prices/po-production.pdf>. Acesso em: 25 jan. 2017.

IVOGLO, M.G.; FAZUOLI, L.C.; OLIVEIRA, A.C.B.; GALLO, P.B.; MISTRO, J.C.; SILVAROLLA, M.B.; TOMA-BRAGHINI, M. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, v.67, n.4, p.823-831, 2008.

KANAGARASU, S.; JUSTINRAJ, F.; PREM JOSHUA, J.; GANESHRAM, S.; JOHN JOEL, A. Exploration and collection of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) in Western Ghats and characterisation for industrial use. **Research Journal of Recent Sciences**, v.3, p.248-255, 2014.

KOUKOUMA, R.; YEDOMONHAN, H.; DANSI, A.; ADJATIN, A.; AGRE, P. Diversity and management of manana and plantain (*Musa* spp.) varieties in Togo. **Int. J. Curr. Res. Biosci. Plant Biol**, v.3, n.2, p.127-138, 2016.

LOURENÇO, I.P.; FIGUEIREDO, R. W.; ALVES, R.R.; ARAGÃO, F.A.D.; MOURA, C.F.H. Caracterização de frutos de genótipos de muricizeiros cultivados no litoral cearense. **Revista Ciência Agronômica**, v.44, n.3, p.499-504, 2013.

MAPA - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Informe estatístico do café**. Outubro/2016. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/arq\_editor/file/vegetal/Estatistica/Caf%C3%A9/Informe-Estatistico-cafe-Outubro-2016.xlsx>. Acesso em: 25 jan. 2017.

MEHOUEYOU, F.M.; DASSOU, A.; SANOUSI, F.; DANSI, A.; ADJATIN, A.; DANSI, M.; ASSOGBA, P.; AHISSOU, H. Physicochemical characterization of cassava (*Manihot esculenta*) elite cultivars of Southern Benin. **Int. J. Adv. Res. Biol. Sci.**, v.3, n.3, p.190-199, 2016.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte: Editora UFMG, 2005. 297p.

MOHANAN, S.; SATYANARAYANA, K.V.; SRIDEVI, V.; GOWDA, K.; GIRIDHAR, P.; CHANDRASHEKAR, A.; RAVISHANKAR, G.A. Evaluating the effect and effectiveness of different constructs with a conserved sequence for silencing of

*Coffea canephora* N-methyltransferases. **J. Plant Biochem. Biotechnol**, v.23, n.4, p.399-409, 2014.

MOTTA, L.B.; SOARES, T.C.B.; FERRÃO, M.A.G.; CAIXETA, E.T.; LORENZONI, R.M.; SOUZA NETO, J.D. Molecular characterization of Arabica and Conilon coffee plants genotypes by SSR and ISSR markers. **Braz. Arch. Biol. Technol**, v.57, n.5, p.728-735, 2014.

MOURA, E.F.; SOUSA, N.R.; MOURA, M.F.; DIAS, M.C.; SOUZA, E.D.; FARIAS NETO, J.T.; SAMPAIO, J.E. Molecular characterization of accessions of a rare genetic resource: sugary cassava (*Manihot esculenta* Crantz) from Brazilian Amazon. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.63, p.583-593, 2016.

MOURA, W.M.; SOARES, Y.J.B.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; LIMA, P.C.; MARTINEZ, H.E.P.; GRAVINA, G.A. Genetic diversity in arabica coffee grown in potassium-constrained environment. **Ciênc. Agrotec**, v.39, n.1, p.23-31, 2015.

NASCIMENTO, W.M.O.; GURGEL, F.L.; BHERING, L.L.; RIBEIRO, O.D. Pré-melhoramento do camucamuzeiro: estudo de parâmetros genéticos e dissimilaridade. **Rev. Ceres**, v.61, n.4, p.538-543, 2014.

NICK, C.; CARVALHO, S.P.; JESUS, A.M.S.; CUSTÓDIO, T.N.; MARIM, B.G.; ASSIS, L.H.B. Divergência genética entre subamostras de mandioca. **Bragantia**, v.69, n.2, p.289-298, 2010.

OLIVEIRA, A.R.R.; **Análise biométrica de acessos de *Capsicum chinense* Jacq. com ênfase na diversidade genética**. 2016. 52f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2016.

OLIVEIRA, E.J.; FERREIRA, C.F.; SANTOS, V.S.; JESUS, O.N.; OLIVEIRA, G.A.F.; SILVA, M.S. Potential of SNP markers for the characterization of Brazilian cassava germplasm. **Theor Appl Genet**, v.127, p.1423-1440, 2014.

OLIVEIRA, N.S.; CARVALHO FILHO, J.L.S.; SILVA, D.O.; PASTORIZA, R.J.G.; MELO, R.A.; SILVA, J.W.; MENEZES, D. Seleção e parâmetros genéticos de progênies de coentro tolerantes ao calor. **Hortic. bras.**, v.33, n.3, p.319-323, 2015.

ORTIZ, A.H.T.; ROCHA, V.P.C.; MOIANA, L.D.; VIDIGAL, M.C.G.; GALVÁN, M.Z.; VIDIGAL FILHO, P.S. Population Structure and Genetic Diversity in Sweet Cassava Cultivars from Paraná, Brazil. **Plant Molecular Biology Reporter**, (Online) 2016.

PARTELLI, F.L.; RAMOS, J.G.A.; TAKEUCHI, K.P.; VIEIRA, H.D. **Cultivo da mandioca no cerrado goiano**. Goiânia: Vieira, 2010. 92p.

PARTELLI, F.L.; VIEIRA, H.D.; DETMANN, E.; CAMPOSTRINI, E. Estimativa da área foliar do cafeeiro a partir do comprimento da folha. **Revista Ceres**, v.53, n.306, p.204-210, 2006.

PIMENTEL-GOMES, P. **Curso de Estatística Experimental**. 15.ed. Piracicaba: Fealq, 2009. 451p.

POOTAKHAM, W.; SHEARMAN, J.R.; AREERATE, P.R.; SONTHIROD, C.; SANGSRAKRU, D.; JOMCHAI, N.; YOOCHA, T.; TRIWITAYAKORN, K.; TRAGOONRUNG, S.; TANGPHATSORNRUANG, S. Large-Scale SNP discovery



through RNA sequencing and SNP genotyping by targeted enrichment sequencing in cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **PLoS ONE**, v.9, n.12, 2014.

PREZOTTI, L.C.; GOMES, J.A.; DADALTO, G.G.; OLIVEIRA, J.A. **Manual de recomendação de calagem e adubação para o Estado do Espírito Santo - 5ª aproximação**. Vitória: SEEA/Incaper/Cedagro, 2007. 305p.

RAMALHO, A.R.; ROCHA, R.B.; SOUZA, F.F.; VENEZIANO, W.; TEIXEIRA, A.L. Progresso genético da produtividade de café beneficiado com a seleção de clones de cafeeiro 'Conilon'. **Revista Ciência Agrônômica**, v.47, n.3, p.516-523, 2016.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

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

ROCHA, R.B.; SANTOS, D.V.; RAMALHO, A.R.; TEIXEIRA, A.L. Caracterização e uso da variabilidade genética de banco ativo de germoplasma de *Coffea canephora* Pierre ex Froehner. **Coffee Science**, v.8, n.4, p.478-485, 2013.

RODRIGUES, W.N.; TOMAZ, M.A.; FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, A.F.A.; MIRANDA, F.D.; Estimativa de parâmetros genéticos de grupos de clones de café Conilon. **Coffee Science**, v.7, n.2, p.177-186, 2012.

RODRIGUES, W.P.; VIEIRA, H.D.; TEODORO, P.E.; PARTELLI, F.L.; BARBOSA, D.H.S.G. Assessment of genetic divergence among coffee genotypes by Ward-MLM procedure in association with mixed models. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n.2, p.1-7, 2016.

RÓS, A.B.; SÃO JOÃO, R.E. Desempenho agrônômico e uso eficiente da terra em arranjos de plantas de mandioca e batata-doce. **Revista Ceres**, v.63, n.4, p.517-522, 2016.

SCHMITZ, G.J.H.; ANDRADE, J.M.; VALLE, T.L.; LABATE, C.A.; NASCIMENTO, J.R.O. Comparative proteome analysis of the tuberous roots of six cassava (*Manihot esculenta*) varieties reveals proteins related to phenotypic traits. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v.64, p.3293-3301, 2016.

SILVA, A.M.O.; SILVA, G.F.; DIAS, M.C.; CLEMENT, C.R.; SOUSA, N.R. Inter-retrotransposon-amplified polymorphism markers for germplasm characterization in *Manihot esculenta* (Euphorbiaceae). **Genetics and Molecular Research**, v.13, n.2, p.3800-3804, 2014a.

SILVA, F.L.; BAFFA, D.C.F.; OLIVEIRA, A.C.B.; PEREIRA, A.A.; BONOMO, V.S. Integração de dados quantitativos e multicategóricos na determinação da divergência genética entre acessos de cafeeiro. **Bragantia**, v.72, n.3, p.224-229, 2013.

SILVA, F.L.; BAFFA, D.C.F.; REZENDE, J.C.; OLIVEIRA, A.C.B.; PEREIRA, A.A.; CRUZ, C.D. Variabilidade genética entre genótipos de café robustas no estado de Minas Gerais. **Coffee Science**, v.10, n.1, p. 20-27, 2015a.

SILVA, F.L.; REZENDE, J.C.; RODRIGUES, F.C.; SOLES, L.C.T.C.; PEREIRA, V.V.; MALTA, M.R. Seleção de clones de café robusta com potencial produtivo para a Zona da Mata Mineira. **Coffee Science**, v.10, n.4, p.464-474, 2015b.

SILVA, J.O.C.; CREMASCO, J.P.G.; MATIAS, R.G.P.; SILVA, D.F.F.; SALAZAR, A.H.; BRUCKNER, C.H. Divergência genética entre populações de pessegueiro baseada em características da planta e do fruto. **Ciência Rural**, v.44, n.10, p.1770-1775, 2014b.

SILVA, R.M.; FARALDO, M.F.I.; ANDO, A.; VEASEY, E.A. Variabilidade genética de etnovariedades de mandioca. In: CEREDA, M.P. (Ed.). **Cultura de tuberosas amiláceas Latino Americanas**. São Paulo: Fundação Cargill, 2002. p.207-242.

SILVA, R.S.; MOURA, E.F.; FARIAS NETO, J.T.; SAMPAIO, J.E. Genetic parameters and agronomic evaluation of cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.51, n.7, p.834-841, 2016.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, n.2, p.237-245, 1981.

TEIXEIRA, A.L.; GONÇALVES, F.M.A.; REZENDE, J.C.; ROCHA, R.B.; PEREIRA, A.A. Análise e componentes principais em caracteres morfológicos de café arábica em estágio juvenil. **Coffee Science**, v.8, n.2, p.205-210, 2013.

TUMUHIMBISE, R.; SHANAHAN, P.; MELIS, R.; KAWUKI, R. Genetic variation and association among factors influencing storage root bulking in cassava. **Journal of Agricultural Science**, v.153, p.1267–1280, 2015.

VASCONCELOS, E.S.; CRUZ, C.D.; BHERING, L.L.; RESENDE JUNIOR, M.F.R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.10, p.1421-1428, 2007.

VIDAL, A.M.; VIEIRA, L.J.; FERREIRA, C.F.; SOUZA, F.V.D.; SOUZA, A.S.; LEDO, C.A.S. Genetic fidelity and variability of micropropagated cassava plants (*Manihot esculenta* Crantz) evaluated using ISSR markers. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.3, p.7759-7770, 2015.

VIDIGAL FILHO, P.S.; PEQUENO, M.G.; SCAPIM, C.A.; VIDIGAL, M.C.G.; MAIA, R.R.; SAGRILO, E.; SIMON, G.A.; LIMA, R.S. Avaliação de cultivares de mandioca na região noroeste do Paraná. **Bragantia**, v.59, n.1, p.69-75, 2000.

ZERBIELLI, L.; NIENOW, A.A.; DALACORTE, L.; JACOBS, R.; DARONCH, T. Diversidade físico-química dos frutos de jaboticabeiras em um sítio de ocorrência natural. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.38, n.1, p.107-116, 2016.

ZUIN, G.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; KVITSCHAL, M.V.; VIDIGAL, M.C.G.; COIMBRA, G.K. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, v.30, n.1, p.21-30, 2009.