

## VARIABILIDADE GENÉTICA EM CULTIVARES DO ENSAIO NACIONAL DE *Coffea arabica* L.<sup>1</sup>

Camila Ronchi Macedo<sup>2</sup>; Camila Lucas Chaves<sup>3</sup>; Bruna Delgado Góes<sup>4</sup>; Eduardo Augusto Ruas<sup>5</sup>; Nataiane Cristina Bejatto<sup>6</sup>; Patrícia Juliana Lopes<sup>7</sup>; Otavio Pollo Matias<sup>8</sup>; Kaique Marques Rodrigues<sup>9</sup>; Natalia Luiz de Souza<sup>10</sup>; Claudete de Fátima Ruas<sup>11</sup>; Tumoru Sera<sup>12</sup>; Gustavo Hiroshi Sera<sup>13</sup>; Paulo Maurício Ruas<sup>14</sup>

<sup>1</sup> Trabalho financiado pelo Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café – Consórcio Pesquisa Café

<sup>2</sup> Bolsista, CAPES, Ms, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, less\_cah@hotmail.com

<sup>3</sup> Bolsista, CAPES, Dr, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, kmila2252@yahoo.com.br

<sup>4</sup> Doutoranda, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, brunadgoes@gmail.com

<sup>5</sup> Docente Colaborador, Dr, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, wicca\_edu@uel.br

<sup>6</sup> Graduação, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, nataianebejatto@hotmail.com

<sup>7</sup> Graduação, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, patty\_jull@hotmail.com

<sup>8</sup> Graduação, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, otaviopmatias@gmail.com

<sup>9</sup> Graduação, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, kaik\_k2@hotmail.com

<sup>10</sup> Graduação, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, nsouza2019@gmail.com

<sup>11</sup> Docente, PhD, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, ruas@uel.br

<sup>12</sup> Pesquisador, PhD, Instituto Agrônomo do Paraná, tsera@iapar.br

<sup>13</sup> Pesquisador, PhD, Instituto Agrônomo do Paraná, gustavosera@iapar.br

<sup>14</sup> Docente, PhD, Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, pmruas@uel.br

**RESUMO:** Os programas de pesquisa e melhoramento de *Coffea arabica* L. resultaram na obtenção de cultivares com expressivas produtividades e adaptadas às diversas regiões produtoras, classificando o Brasil como maior produtor e exportador no cenário mundial. Um dos grandes desafios para os programas de melhoramento genético é superar a produtividade das melhores cultivares. A avaliação da variabilidade genética é crucial para futuros planejamentos nesses programas. O objetivo desse trabalho foi verificar a variabilidade genética entre e dentro de cultivares do Ensaio Nacional de Café pela técnica de AFLP. Foi detectada uma variação na porcentagem de locos polimórficos de 23,90% a 69,47%, e a diversidade gênica de Nei (Hs) variou de 0,064 a 0,199. A média da distância genética de Huff variou de 7,61 ± 3,1 a 13,46 ± 4,7. AMOVA revelou uma variância de 79,04% dentro e 20,96% entre cultivares. O F<sub>ST</sub> par-a-par evidenciou distâncias genéticas de 0,007 a 0,491 entre cultivares. A AMOVA entre cultivares lançados em diferentes épocas mostrou um aumento da variabilidade genética na década de 1990, com uma pequena redução a partir de 2000. E AMOVA entre diferentes centros de pesquisa mostrou uma variabilidade genética maior (93,93%) para as cultivares do IAPAR. O dendrograma mostrou a existência de três grupos, sendo o mesmo confirmado pela coordenada principal e análise bayesiana. Todas essas análises mostram que as 32 cultivares apresenta diferenças da variabilidade genética tanto dentro como entre, sendo que esses dados poderão ser utilizados em futuros programas de melhoramento genético.

**PALAVRAS - CHAVES:** *Coffea arabica*, Distância genética, AFLP, polimorfismo, melhoramento genético do café, cultivares brasileiros.

## GENETIC VARIABILITY IN *Coffea arabica* L. CULTIVARS FROM BRAZILIAN COFFEE ESSAY

**ABSTRACT:** The Brazilian *Coffea arabica* L. breeding programs resulted in the development of cultivars with significant productivity. These cultivars are adapted to different Brazilian coffee producing regions, ranking Brazil as the largest producer and exporter of the world. A major challenge for the breeding programs is to overcome the productivity of the best cultivars. Genetic variability is crucial to obtain cultivars with better performance in future breeding programs. The aim of this study was to assess the genetic variability within and among cultivars of the Brazilian Coffee Essay. It were collected leaf tissues of 32 cultivars belonging to different Brazilian research centers and subjected to analysis with the AFLP technique. A variation in the percentage of polymorphic loci of 23.90% to 69.47% was detected and the Nei gene diversity (Hs) varied from 0.064 to 0.199. The average Huff genetic distance ranged from 7.61 ± 3.1 to 13.46 ± 4.7. AMOVA revealed a within genetic variance of 79.04% and 20.96% between cultivars. The pairwise F<sub>ST</sub> showed genetic distances from 0.007 to 0.491. AMOVA among cultivars released in different periods showed an increase of genetic variability in the 1990s, with a slight reduction in the 2000 decade. The analysis of AMOVA between different research centers showed a greater genetic variability (93.93%) for the IAPAR cultivars. The dendrogram demonstrated the existence of three groups which was confirmed by the Principal Coordinate and Bayesian analysis. All these analyzes showed the differentiation within and between the 32 cultivars and these data may be used in future breeding programs.

**KEYWORDS:** *Coffea arabica*, Genetic distance, AFLP, Polymorphism, Coffee breeding, Brazilian cultivars.

## INTRODUÇÃO

O agronegócio do café teve início no Brasil na primeira metade do século XVIII, com introdução no norte do país de algumas plantas de *Coffea arabica* L, também conhecido como café arábica. Sua introdução se espalhou de forma rápida nos estados brasileiros devido às condições climáticas favoráveis ao cultivo dessa espécie. Atualmente, sua distribuição corresponde há uma área total plantada de 2.267.577,8 hectares. O estado de Minas Gerais é responsável por 51% da produção nacional, concentrando a maior área com 1.245.710 mil hectares. Posteriormente a cultura do café tem significativa representatividade no Espírito Santo, São Paulo, Bahia e Paraná (CARVALHO, 2008; ABIC, 2011; CONAB, 2014). Os germoplasmas de *C. arabica* brasileiro são conservados e pesquisados em Bancos Ativos de Germoplasmas (BAG) de forma *ex situ* por diferentes centros de pesquisa, no qual teve início em 1932 no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e posteriormente ampliados para outros centros de pesquisa como, EMBRAPA-Café, Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado de Minas Gerais (EPAMIG), Fundação PROCAFÉ, Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR), Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER), Universidade Federal de Viçosa (UFV) e Universidade Federal de Lavras (UFLA), (FAZUOLI et al., 2000; EIRA et al., 2007; CARVALHO, 2008). Apesar das cultivares comerciais terem atingido elevados níveis de produtividade, um dos grandes desafios para os programas de melhoramento genético do café é, superar as produtividades das melhores cultivares atuais e obter cultivares com melhores performances. Estas performances referem ao porte das plantas, época e uniformidade de maturação, resistência às doenças e qualidade da bebida (SERA et al., 2002; EIRA et al., 2007; FERRÃO, 2008; CARVALHO, 2008). Utilizar cultivares adaptadas a região de plantio e ao sistema de cultivo com resistência à pragas e doenças além de outras características agrônômicas, são ferramentas que visam aumentar a competitividade da cafeicultura. Diversas cultivares de café arábica foram lançadas nos últimos anos pelo IAC, IAPAR, EPAMIG e PROCAFÉ, porém ficaram restritas aos seus estados de origem, surgindo a necessidade de nacionalização do conhecimento e das tecnologias geradas nos institutos de pesquisa estaduais. Nesse contexto foi estabelecida uma rede de ensaios regionais formando o Ensaio Nacional de Café com o objetivo de estimar a estabilidade e adaptabilidade das principais cultivares, e indicar as cultivares mais adaptadas para a maioria das regiões produtoras de café do Brasil que possam ser lançadas no mercado. Os marcadores moleculares são ferramentas que permite a identificação de níveis de variabilidade genética entre cultivares através da detecção de polimorfismo do DNA (CAIXETA; FERRÃO; ZAMBOLIM, 2013). Essas análises moleculares têm auxiliado na diferenciação entre os genótipos, sendo possível explorar e garantir a conservação e a utilização dos recursos genéticos atrelados às estratégias de melhoramento (CARVALHO, 2008). Esse trabalho tem como objetivo verificar, por meio de marcadores AFLP, a variabilidade genética entre e dentro de cultivares de *C. arabica* pertencentes ao Ensaio Nacional de Cultivares de Café de diferentes Centros de Pesquisa (PROCAFÉ, EPAMIG, IAC e IAPAR). Esses resultados contribuirão no planejamento estratégico em futuros programas de melhoramento genético do café.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram coletadas tecidos foliares de 32 cultivares de *Coffea arabica* com cerca de 15 a 20 plantas de cada cultivar e armazenadas em freezer -20°C para posterior extração de DNA. A extração de DNA foi realizada conforme o protocolo de Ferreira & Grattapaglia (1998), com modificações. Os DNAs foram diluídos para 700 ng/μl e realizado a reação de AFLP conforme protocolo de Vos et al.(1995) com modificações. Nas reações de amplificação seletiva, foram utilizados *primers* marcados com fluoróforos NED e HEX e submetidos a genotipagem através de sistema multiplex em eletroforese capilar pelo sistema automatizado ABI 3500XL (Applied Biosystems, Califórnia, USA). O resultado da eletroforese e os eletroferogramas gerados, foram automaticamente transformados em uma matriz binária pelo software GeneMapper® v.4.1 (Applied Biosystems, Califórnia, USA) seguindo recomendações do fabricante. O número e a porcentagem locos polimórficos, a diversidade gênica de Nei ( $H_s$ ) (1978), o índice de fixação alélica ( $F_{ST}$ ), bem como  $F_{ST}$  par a par foram calculadas para as 32 cultivares utilizando o programa Arlequin v. 3.11 (Excoffier et al. 2005). Neste mesmo programa também foi realizado a análise da variância molecular (AMOVA) para calcular a variabilidade genética entre e dentro de cultivares, bem como a AMOVA de cultivares lançadas em diferentes épocas e de diferentes centros de pesquisa. Foi verificado as distâncias genética de Huff (1993) dentro de cada cultivar conduzido no programa GenAEx 6.5 (PEAKALL e SMOUSE, 2012). A matriz do  $F_{ST}$  par a par foi utilizada para verificar a distância genética entre os cultivares e construído o dendograma através do método de UPGMA no programa MEGA 6.06 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) (TAMURA et al., 2013). Dendogramas de cada cultivar foram construídos através do método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method*) no programa MEGA 6.06 (TAMURA et al., 2013). A análise da coordenada principal foi utilizada para avaliar a distribuição da distância genética através do programa FAMD (*Fingerprint Analysis with Missing Data*) (Schluter 2006). Para identificar a formação de grupos (k) das cultivares, foi utilizado o programa *Structure* versão 2.3.3 (HUBISZ et al., 2009), para isto utilizou-se o modelo de não-mistura com um número de *burn-in* e MCMC (Markov Chain Monte Carlo) de 10.000 interações com 20 replicatas para cada K, com K variando de 1 a 34. O número de agrupamentos foi determinado utilizando o *website Structure Harvester* (EARL; vonHOLDT, 2012). Na Tabela 1, está a relação das 32 cultivares, genealogias e respectivos centros de pesquisa. Os

materiais restritos não possuem informações acessíveis de suas características e origens, pois ainda estão em processo de registro pelas instituições responsáveis.

Tabela 1. Relação das 32 cultivares de *C. arabica* e suas respectivas genealogias e Banco Ativo de Germoplasma ao qual pertencem.

Ident	Cultivar	Amostragem	Genealogia	Ano de Lançamento	Centro de Pesquisa
1	Catucaí Amarelo 2 SL	20	Icatu x Catuaí	2000	Procafé
2	Catucaí Amarelo 24/137	17	Icatu x Catuaí	2000	Procafé
3	Catucaí Amarelo 20/15 cv 479	19	Icatu x Catuaí	2000	Procafé
4	Catucaí Vermelho 785/15	20	Icatu Vermelho 785 x Catuaí Vermelho	2000	Procafé
5	Catucaí Vermelho 20/15 cv 476	20	Icatu x Catuaí	2000	Procafé
6	Sabiá 398	15	Acaí x Catimor UFV 386	2000	Procafé
7	Palma II	20	Catuaí Vermelho IAC 81 x Catimor UFV 353	2000	Procafé
8	Acauã	20	Mundo Novo IAC 388-17 x Sarchimor IAC 1668	2000	Procafé
9	Oeiras M6851G	20	Catimor (CIFC HW 26/5 (Caturra Vermelho -CIFC 19/1 e Híbrido de Timor (CIFC 832/1))	1999 2004	Epamig
10	Catiguá MG 01	20	Catuaí Amarelo IAC 86 x Híbrido de Timor (UFV 440-10)		Epamig
11	Sacramento MG 1	20	Catuaí Vermelho IAC 81 x Híbrido de Timor UFV 438 -52	2004	Epamig
12	Catiguá MG 2	19	Catuaí Amarelo IAC 86 x Híbrido de Timor (UFV 440-10)	2004	Epamig
13	Araponga MG 1	20	Catuaí Amarelo IAC 86 x Híbrido de Timor UFV 446-08	2004	Epamig
14	Paraíso H-419-3-3-7-16-4-1	20	Catuaí Amarelo IAC 30 x Híbrido de Timor UFV 445-46	2002	Epamig
15	Pau Brasil MG 1	20	Catuaí Vermelho IAC 141 x Híbrido de Timor UFV 442-34	2004	Epamig
16	Tupi IAC 1669-33	20	Villa Sarchi x Híbrido de Timor CIFC 832/2	1996	IAC
17	Obatã	18	Obatã IAC 1669-20 x Catuaí Amarelo	1996	IAC
18	IAPAR 59	20	Villa Sarchi CIFC 971/10 x Híbrido de Timor CIFC 832/2	1992	IAPAR
19	IPR 98	20	Villa Sarchi CIFC 971/10 x Híbrido de Timor CIFC 832/2	2001	IAPAR
20	IPR 99	20	Sarchimor	2001	IAPAR
21	IPR 100	20	Catuaí e genótipo "BA-10" (portador de genes de <i>C. liberica</i> )	2001	IAPAR
22	IPR 103	18	Catuaí x Icatu	2001	IAPAR
23	IPR 104	19	Sarchimor Villa Sarchi CIFC 971/10 x Híbrido de Timor CIFC 832/2	2001	IAPAR
24	Bourbon Amarelo	20	Mutação de Bourbon Vermelho ou Recombinação natural entre Bourbon Vermelho x Amarelo de Botucatu	1952	IAC
25	Paraíso H-419-10-6-2-5-1	20	Catuaí Amarelo IAC 30 x Híbrido de Timor UFV 445-46	2002	Epamig
26	Paraíso H-419-10-6-2-10-1	20	Catuaí Amarelo IAC 30 x Híbrido de Timor UFV 445-46	2002	Epamig
27	Paraíso H-419-10-6-2-12-1	16	Catuaí Amarelo IAC 30 x Híbrido de Timor UFV 445-46	2002	Epamig
28	Catuaí Vermelho IAC 144	19	Caturra Amarelo, Mundo Novo IAC 374-19 (Recombinação)	1972	IAC
29	Material Restrito	20	-	-	-
30	Material Restrito	20	-	-	-
31	Material Restrito	20	-	-	-
32	Obatã IAC 1669-20	20	Villa Sarchi x Híbrido de Timor CIFC 832/2	1996	IAC

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com os dados descritivos da variabilidade genética intra-populacional para as 32 cultivares avaliadas, foi detectado uma variação mínima no número de locos polimórficos de 267 (23,90%) na cultivar Araponga MG1 e máxima de 776 locos polimórficos (69,47%) para a cultivar Obatã. Os valores de diversidade gênica de Nei ( $H_S$ ) (1978), variaram de 0,064 na cultivar Araponga MG1 a 0,199, na cultivar IAPAR 59. A média da distância genética de Huff et al., (1993) entre progênies de cada cultivar, variou de 7,61  $\pm$  3,1 na cultivar Catuaí Vermelho 20/15 cv 476 à

13,46 ±4,7 na cultivar IAPAR 59 (Tabela 2). Muitas dessas diferenças encontradas na variabilidade genética entre as cultivares são conseqüências da própria pressão de seleção empregada como, diferentes métodos utilizados no programa de melhoramento genético, diferentes linhagens parentais e número variável de gerações avançadas (FALCONE, 1981; VENCOSKY, 1987; FERRÃO, 2004;).

Tabela 2: Descrição da variabilidade genética das cultivares pertencentes ao Ensaio Nacional de *Coffea arabica*.

Cultivares	Nº de Locos Polimórficos	Polimorfismo (%)	H <sub>s</sub>	Distância Genética de Huff		
				D(Mín)	D(Máx)	Média (SD)
1.Catuaí Amarelo 2 SL	679	60,79	0,142	5,74	18,19	11,08 ± 4,6
2.Catuaí Amarelo 24/137	318	28,47	0,077	6,00	13,00	8,13 ±3,24
3.Catuaí Amarelo 20/15 cv 479	659	59,00	0,145	6,71	19,00	11,08 ±4,9
4.Catuaí Vermelho 785/15	470	42,08	0,095	5,92	16,25	8,99 ±4,1
5.Catuaí Vermelho 20/15 cv 476	326	29,19	0,065	5,10	13,60	7,61±3,1
6. Sabiá 398	294	26,32	0,079	5,92	13,78	8,32 ±3,6
7.Palma II	477	42,70	0,121	1,41	18,38	9,83 ±5,1
8. Acauã	300	26,86	0,089	4,24	14,04	8,90 ±3,6
9.Oeiras M6851G	630	56,40	0,137	4,69	17,92	10,63±5,12
10. Catiguá MG 01	620	55,51	0,131	6,56	17,06	11,05 ±4,8
11.Sacramento MG 1	618	55,33	0,142	7,00	15,75	10,79 ±4,2
12. Catiguá MG 2	516	46,20	0,110	6,40	17,35	9,84 ±4,3
13. Araponga MG 1	267	23,90	0,064	5,20	16,16	8,21 ±3,8
14. Paraíso H-419-3-3-7-16-4-1	633	56,67	0,138	6,00	16,70	10,33 ±4,5
15. Pau Brasil MG 1	536	47,99	0,117	6,00	15,81	10,13 ±3,9
16. Tupi IAC 1669-33	706	63,21	0,176	7,62	18,17	12,77 ±4,7
17. Obatã	776	69,47	0,161	7,42	18,57	11,53 ±4,9
18. IAPAR 59	737	65,98	0,199	8,31	18,11	13,46 ±4,7
19. IPR 98	593	53,09	0,119	6,78	16,94	10,24 ±4,1
20. IPR 99	646	57,83	0,128	6,71	17,15	11,02 ±4,5
21. IPR 100	743	66,52	0,136	6,78	17,75	10,11 ±4,5
22. IPR 103	595	53,27	0,122	6,16	17,29	10,63 ±4,5
23. IPR 104	527	47,18	0,100	6,40	14,93	8,85 ±3,6
24. Bourbon Amarelo	581	52,01	0,106	5,92	16,46	10,08 ±4,3
25. Paraíso H-419-10-6-2-5-1	644	57,65	0,137	6,48	16,28	10,88 ±4,5
26. Paraíso H-419-10-6-2-10-1	695	62,22	0,148	8,54	17,35	11,45 ±4,1
27. Paraíso H-419-10-6-2-12-1	632	56,58	0,148	7,35	16,37	11,19 ±4,5
28. Catuaí Vermelho IAC 144	658	58,91	0,187	11,70	16,31	12,99 ±4,5
29. Material Restrito	699	62,58	0,173	8,66	16,55	12,32 ±4,2
30. Material Restrito	631	56,49	0,133	7,28	16,03	10,83 ±4,2
31. Material Restrito	562	50,31	0,113	7,00	15,62	10,15 ±4,2
32. Obatã IAC 1669-20	607	54,34	0,124	6,40	14,97	10,38 ±3,8

A análise de variância molecular dos 32 cultivares revelou uma variância maior dentro de cultivares (79,04%) do que entre cultivares (20,96%). Conforme WRIGHT (1965), valores  $F_{ST}$  entre 0,15 a 0,25 indica uma alta diferenciação genética. Nesse estudo foi obtido um índice de diferenciação genética ( $F_{ST}$ ) de 0,21. As estimativas do  $F_{ST}$  par-a-par evidenciaram que as cultivares mais próximas foram IPR 100 e IPR 103 (0,007), enquanto as cultivares mais distante foram Catuaí Vermelho 20/15 cv 476 e Araponga MG 1 (0,491). Na análise Bayesiana foi confirmado  $K=3$ , alocando os 32 cultivares nos respectivos agrupamentos (Figura 1).

Os 32 cultivares avaliados nesse trabalho tiveram genealogias muito semelhantes, onde os parentais de maior contribuição na origem desses cultivares foi o cultivar Catuaí e Híbrido de Timor, revelando grande parentesco entre elas (Tabela 1). Os valores de distancia genética entre o cultivar Catuaí Vermelho IAC 144 e cultivares descendentes dessas linhagens, revelaram valores mínimos de 0,18 (Catuaí Vermelho IAC 144 e Paraíso H-419-10-6-2-12-1) e valores máximos de 0,45 (Catuaí Vermelho IAC 144 e Catuaí Vermelho 20/15 cv 476). O cultivar Catuaí Vermelho IAC 144 também apresentou-se isolados dos demais cultivares (Figuras 1). Estes dados evidenciam valores de alta diferenciação genética entre os cultivares originados do germoplasma Catuaí.

A análise da AMOVA para cultivares lançados em diferentes épocas, mostrou que os cultivares lançados depois da década de 1980, revelaram aumento da variabilidade genética dentro de 74,26% para 83,46%. Esses dados são indícios benéficos das estratégias dos programas de melhoramento genético em meados a década de 70, com a introdução de linhagens parentais em seus programas, como os híbridos interespecíficos Híbrido de Timor e Icatu, gerando maior diversidade da base genética entre os cultivares de *C. arabica* (SETOTAW et al., 2013). No entanto, foi detectado uma redução de 5,4% da variação molecular nos cultivares lançados a partir de 2000. A alteração da variabilidade genética pode ter vários condicionantes, no qual, um deles, é próprio programa de melhoramento genético pelo uso freqüente de apenas algumas ancestrais elites no desenvolvimento de cultivares.

Na análise da variância molecular dentro dos centros de pesquisa brasileiros de melhoramento genético do café, observa-se que os cultivares desenvolvidos no IAPAR constitui um conjunto de materiais que apresentam maior variabilidade genética (94%), seguido dos cultivares PROCAFÉ (89%), IAC (81%) e EPAMIG (81%). No estudo de SETOTAW et al., (2013) foi verificado uma maior média do Coeficiente de Parentesco dentro dos cultivares do IAC, na

análise da variância molecular nesse trabalho, este mesmo centro revelou menor variabilidade genética dentro de seus cultivares, juntamente com EPAMIG. O IAC é o centro pioneiro em pesquisa brasileira com café, no qual tem importante destaque na liberação das primeiras cultivares de *C. arabica* no Brasil. Nesse contexto, a maioria dos cultivares do IAC tem origem de linhagens ancestrais com uma maior contribuição genética de *C. arabica*. Os índices de  $F_{ST}$  par-a-par entre os cultivares dos diferentes centros de pesquisa, mostraram um índice de diferenciação genética de moderado a alta entre os germoplasmas dessas instituições. Esses dados indicam a possibilidade do aumento da diversidade genética das cultivares brasileiras originadas de diferentes centros de pesquisa, como por exemplo, entre Catucaí Vermelho 20/15 cv 476 (PROCAFÉ) e Araponga MG1(EPAMIG) com  $F_{ST}= 0,491$ . Essas avaliações relativas à variabilidade genética são de suma importância, por revelar a situação real da constituição e estruturação genética dos cultivares no decorrer de um programa de melhoramento genético.

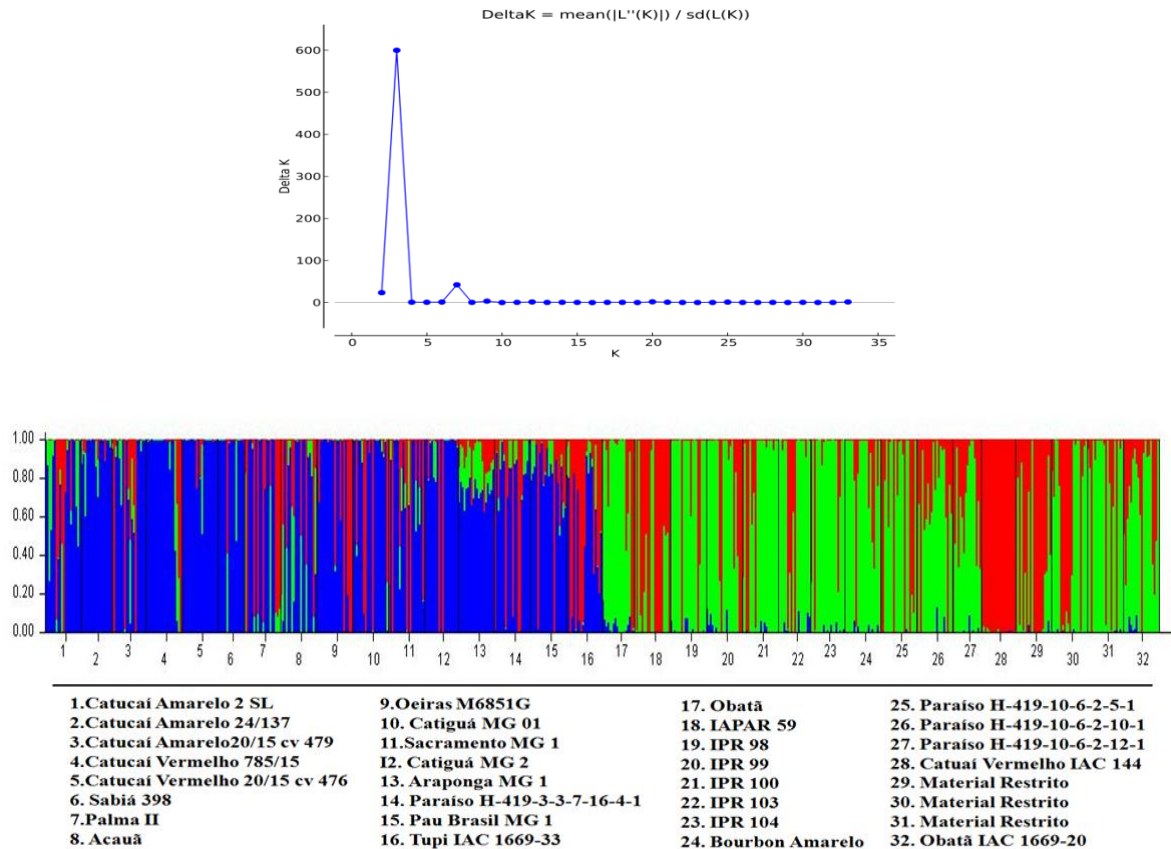


Figura 1. Variação de DeltaK para as 32 cultivares (a) Estrutura Genética das cultivares pela abordagem Bayesiana. O eixo Y indica o valor de DeltaK estimada para cada um dos K grupos (b).

## CONCLUSÕES

- 1- Os 32 cultivares apresentam diferenças da variabilidade genética tanto dentro como entre, sendo que esses dados poderão ser utilizados em futuros programas de melhoramento genético.
- 2- Esses dados levantam a necessidade de planejamentos estratégicos para o lançamento de futuros cultivares, afim de que seja evitado o desencadeamento da redução da variabilidade genética no desenvolvimento de novos materiais lançados ao mercado.
- 3- As estratégias dos programas de melhoramento genético devem estar acompanhadas da avaliação dos genótipos com significativas taxas de variabilidade e distância genética, associadas à avaliação dos respectivos desempenhos agrônômicos, uma vez que a rentabilidade e produtividade estejam em interface com a sustentabilidade e manutenção da diversidade genética das plantas cultivadas, como *Coffea arabica*.

## AGRADECIMENTOS

Agradecemos a Capes pela bolsa de mestrado, ao CNPq pelo custeio da bolsa de produtividade científica, ao Consórcio Café pelo financiamento desta pesquisa e a Pós-Graduação de Genética e Biologia Molecular da Universidade Estadual de Londrina.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABIC - Associação Brasileira da Indústria de Café. A história do café – /origem e trajetória. 2011. Disponível em: <<http://www.abic.com.br/publique/cgi/cgilua.exe/sys/start.htm?sid=38>>. Acesso em: 12/11/14.
- CAIXETA, E. T.; FERRÃO, L.F.V.; ZAMBOLIM, E. M. Marcadores Moleculares. Biotecnologia Aplicada ao Melhoramento de Plantas/ Aluizio Borém e Roberto Fritsche-Neto [editores]- Visconde do Rio Branco: Suprema, 31-68. 2013.
- CARVALHO, C.H. S. Cultivares de café: origem, características e recomendações. ISBN: 978-85-61519-00-1. Brasília: Embrapa Café. 2008.
- CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento da safra brasileira café: safra 2014, segunda estimativa. Brasília: CONAB, 2014.
- EARL, DENT A; VONHOLDT, BRIDGETT M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources vol. 4 (2) pp. 359-361 doi: 10.1007/s12686-011-9548-7. 2012.
- EIRA, M.T.S.; FAZUOLI, L. C.; GUERREIRO-FILHO, O.; SILVAROLLA, M. B.; FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A. FERRÃO, R. G.; SERA, T.; PEREIRA, A. A.; SAKIYAMA, N. S.; ZAMBOLIM, L.; CARVALHO, C. H.; PADILHA, L.; SOUZA, F. F. Bancos de Germoplasma de Café no Brasil: Base do Melhoramento para Produtividade e Qualidade. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 5, Águas de Lindóia, SP. Anais. Brasília, DF: Embrapa Café, 2007.
- EVANO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology, v.14, p. 2611-2620, 2005. EXCOFFIER, L.; LAVAL, G.; SCHNEIDER, S. ARLEQUIN ver. 3.1: an integrated software package for population genetics data analysis. Evolutionary Bioinformatics, v. 1, p. 47-50, 2005.
- FAZUOLI, L.C. Cultivares de café selecionadas pelo Instituto Agrônomo de Campinas. In: Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil. Brasília: EMBRAPA CAFÉ/MINASPLAN, p.488-493, v.2000.
- FERRÃO, M. A. G.; FERRÃO, R. G.; FORNAZIER, M. J.; PREZOTTI, L.C.; FONSECA, F. A.; ALIXANDRE, F. T.; COSTA, H.; ROCHA, A. C.; MORELI, A. P.; MARTINS, A. G.; SOUZA, E. M. R.; ARAÚJO, J. B. S.; VENTURA, J. A.; CASTRO, L. L. F.; GUAÇONI, R. C. Técnicas de produção de café arábica: renovação e revigoração das lavouras no Estado do Espírito Santo. Vitória: Incaper, 2008.
- FERRÃO, R. G. Biometria aplicada ao melhoramento genético do café conilon. Viçosa, UFV, 2004. Tese (doutorado) apresentada ao Programa de Pós- Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, 2004.
- FERREIRA, M.E.; GRATAPAGLIA, D. Introdução ao uso de Marcadores Moleculares em Análise Genética. 3ª Ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1998.
- HUBISZ, J. M.; FALUSH, D.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J. K. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Molecular Ecology Resources, v. 9, p. 1322-1332, 2009.
- HUFF, D. R.; PEAKALL, R.; SMOUSE, P. E. RAPD variation within and among natural populations of outcrossing buffalograss *Buchloedactyloides* (Nutt) Engelm. Theoretical and Applied Genetics 86, 927-934, 1993.
- NEI, M. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York, NY, USA, 1978.
- PEAKALL, R.; SMOUSE, P. E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research - an update. Bioinformatics 28, 2537-2539. (Freely available from: <<http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/28/19/2537>>. 2012.
- SCHLUTER, P.M.; HARRIS, S.A. Analysis of multilocus fingerprinting data sets containing missing data. Molecular Ecology Notes 6:569-572. 2006.
- SERA, T.; ALTEIA, M. Z.; PETEK, M.R. Melhoramento do cafeeiro - variedades melhoradas no Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR). In: ZAMBOLIM, L. (Ed). O estado da arte de tecnologias na produção de café – IV Encontro sobre Produção de Café com Qualidade. Viçosa, MG: DFP/UFV, p. 217-251. 2002.
- SETOTAW, T.A.; CAIXETA, E.T.; PEREIRA, A.A.; OLIVEIRA, A.C.B.; CRUZ, C.D.; ZAMBOLIM, E.M.; ZAMBOLIM, L.; SAKIYAMA, N.S. Coefficient of Parentage in *Coffea arabica* L. Cultivars Grown in Brazil. *cropscience*, vol. 53. 2013.
- TAMURAK, STECHER, GLEN; PETERSON, FILIPSKI A, KUMAR S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. Mol. Biol. Evol. 30(12):2725-2729. 2013
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: Paterniani E, Viegas GP (Eds.). Melhoramento do milho. Campinas, SP: Fundação Cargillp. 137-214. 1987.
- VOS, P., R. HOGERS, R. M. BLEEKER, M. REIJANS, T. VAN DE LEE, M. HORNES, A. FRIJERS, J. POT, J. PLEMAN, M. KUIPER, and M. ZABEAU. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Research, 23: 4407-4414. 1995.
- WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. Evolution 19(3):395-420. 1965.