

VICTOR BERNARDO VICENTINI

**ANÁLISES BIOMÉTRICAS EM FAMÍLIAS DE
MEIOS-IRMÃOS DE CAFÉ CONILON
ORIUNDAS DE SELEÇÃO RECORRENTE**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2013

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

V633a
2013
Vicentini, Victor Bernardo, 1985-
Análises biométricas em famílias de meios-irmãos de café
Conilon oriundas de seleção recorrente / Victor Bernardo
Vicentini. – Viçosa, MG, 2013.
"xiv, 105f." : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndice.

Orientador: Aluizio Borém de Oliveira.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Café - Melhoramento genético. 2. *Coffea canephora*.
3. Café - Seleção - Predição de ganhos. 4. Seleção de plantas -
Melhoramento genético. I. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-Graduação em
Fitotecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 633.733

VICTOR BERNARDO VICENTINI

**ANÁLISES BIOMÉTRICAS EM FAMÍLIAS DE
MEIOS-IRMÃOS DE CAFÉ CONILON
ORIUNDAS DE SELEÇÃO RECORRENTE**

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

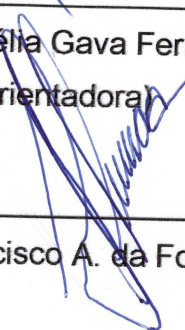
Aprovada: 18 de outubro de 2013.



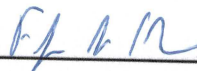
Maria Amélia Gava Ferrão
(Coorientadora)



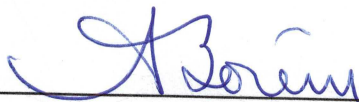
Romário Gava Ferrão



Aymbiré Francisco A. da Fonseca



Felipe Lopes da Silva



Aluizio Borém de Oliveira
(Orientador)

As minhas avós Orladi (*In Memoriam*) e Hilda (*In Memoriam*).

Aos meus avôs José Vicentini e José Bernardo.

“Talvez não tenha conseguido fazer o melhor, mas lutei para que o melhor fosse feito. Não sou o que deveria ser, mas Graças a Deus, não sou o que era antes”.

Marthin Luther King

AGRADECIMENTOS

A Deus, por sempre me iluminar e amparar nos momentos difíceis.

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, pela oportunidade concedida para a realização desse curso.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa para realização do curso.

Ao Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER), por ter concedido a utilização de dados obtidos em seu programa de melhoramento e, principalmente, pelo apoio e confiança.

Aos meus pais Antônio e Célia, por todo o esforço e carinho realizado em toda minha vida para que hoje possa está concretizando esse sonho.

Aos meus irmãos Carolina e Philippe, por terem me dado todo apoio durante minha longa jornada.

A toda família Bernardo e Vicentini, pelo afeto e felicidade proporcionada.

A minha namorada Marcela pelo companheirismo e carinho.

Ao meu Orientador, Professor Dr. Alúzio Borém pela orientação e apoio.

À minha Coorientadora, Pesquisadora Dra. Maria Amélia Gava Ferrão pelo auxílio na redação e esforço incondicional para a realização da tese.

Aos pesquisadores Dr. Romário Gava Ferrão e Dr. Aymbiré F. Almeida da Fonseca, pela assistência durante o desenvolvimento do trabalho.

Aos pesquisadores, servidores e estagiários da Fazenda Experimental de Marilândia/Incaper, Paulo Volpi, Aldo Mauri, Carlos Verdin, Divar, Dega, Letícia, Cristovão, Wesley, Larissa e Ellen pela ajuda e comprometimento na coleta dos dados.

Aos meus companheiros e colegas de pós-graduação, João Colombo, André Júlio, Anderson Evaristo, Djair Félix, Haynna Abud, Elma Souza, Elisa

Monteze, pela ajuda e sugestões nos experimentos e a todos os outros que me ajudaram de alguma forma, seja na condução dos trabalhos ou nas disciplinas cursadas.

Aos companheiros de Viçosa e República, Moises Zucoloto, Fabrício Coelho, Vinícius Valim, Lucas Bianchi, Hélio Gonda, Caio Salgado, Gustavo Almeida, Gustavo Sessa, Fábio Moreira, pelos momentos de ajuda, alegria e união.

E todos aqueles que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

Victor Bernardo Vicentini, filho de Antônio Passos Vicentini e Célia Ligia Bernardo, nasceu em Vila Velha, Espírito Santo, em 19 de Novembro de 1985.

Concluiu o 2º grau (ensino médio) em 2002, na escola de 1º e 2º graus “Nacional”, Vila Velha, ES.

Ingressou no curso de Agronomia pelo Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo (CCAUFES) em 2003, graduando-se em 2007.

Em Março de 2008, ingressou no curso de Mestrado em Produção Vegetal do Centro de Ciências Agrárias da UFES, defendendo sua dissertação em Fevereiro de 2010. No mesmo ano foi aprovado no Programa de Pós Graduação em Fitotecnia ao nível de Doutorado da Universidade Federal de Viçosa.

Em Dezembro de 2010, foi aprovado no concurso público do Instituto de Defesa Agropecuária e Florestal do Espírito Santo (IDAF) para o cargo de agente em desenvolvimento agropecuário, função que começou a exercer em setembro de 2011.

Em 18 de outubro de 2013 defendeu o título de Doutor em Fitotecnia.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	x
RESUMO.....	xii
ABSTRACT	xiv
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Importância do café no Mundo, no Brasil e no Estado do Espírito Santo	3
2.2. História, botânica, classificação e origem	5
2.3. Melhoramento genético da espécie	8
2.4 Seleção Recorrente	10
2.4.1 Métodos de seleção recorrente	11
2.4.2 Seleção recorrente em culturas perenes	12
2.4.3 Seleção recorrente na cultura do café	14
2.5 Diversidade genética.....	16
2.5.1 Distância generalizada de Mahalanobis (D^2)	18
2.5.2 Variáveis canônicas	19
2.5.3 Importância relativa das características na divergência genética	21
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	22
CAPÍTULO 1	30
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE CAFÉ CONILON	30
1. INTRODUÇÃO	33
2. MATERIAL E MÉTODOS	35
2.1 Descrição dos materiais.....	35
2.2. Características avaliadas	37
2.2. Análise de variância	38
2.3. Estimação dos parâmetros genéticos	39

2.3.1. Componentes de variância	39
2.3.2. Coeficientes de herdabilidade, variação e acurácia seletiva.....	40
2.4. Progresso com a seleção.....	41
2.4.1. Ganhos de Seleção entre e dentro famílias	42
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	43
3.1. Análise de variância	43
3.2 Estimativas dos parâmetros genéticos.....	46
3.2.1. Estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais	46
3.2.2. Estimativas dos coeficientes de variação e da acurácia seletiva	46
3.2.3. Estimativas de herdabilidade	49
3.3. Seleção entre e dentro famílias de meios-irmãos	51
3.3.1 Intensidade de seleção de 45% entre, e 20% dentro.....	51
3.3.2 Intensidade de seleção de 73% entre e 12% dentro.....	53
3.3.3 Intensidade de seleção de 100% entre e 10% dentro.....	54
3.3.4 Comparação entre as diferentes intensidades de seleção	54
4. CONCLUSÕES	57
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	58
CAPÍTULO 2	61
ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE CAFÉ CONILON	61
1. INTRODUÇÃO	64
2. MATERIAL E MÉTODOS	66
2.1 Descrição dos materiais.....	66
2.2 Análises de divergência genética multivariada	66
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	66
3.1 Dissimilaridade genética estimada pela distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$).....	66
3.2 Estudo da divergência genética através das variáveis canônicas	70

3.3 Importância relativa das características e descarte de variáveis	73
4. CONCLUSÕES	74
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	75
APÊNDICE	78

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Relação de 11 progenitores e 11 famílias de meios-irmãos avaliadas na Fazenda Experimental de Marilândia, Incaper/ES.	36
Tabela 2. Esquema de análise de variância, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios	40
Tabela 3. Resumo da análise de variância dos caracteres agronômicos avaliados em 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.....	44
Tabela 4. Comparação de médias das 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon e médias dos progenitores	46
Tabela 5. Estimativas da variância genética entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_{gm}^2$), genética dentro de família ($\hat{\sigma}_{gd}^2$), genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), fenotípica dentro de família ($\hat{\sigma}_{fd}^2$), fenotípica total ($\hat{\sigma}_{fp}^2$), em virtude do efeito de bloco ($\hat{\sigma}_b^2$), e ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{ee}^2$), para 5 características agronômicas avaliadas em uma população com 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.....	48
Tabela 6. Estimativas dos coeficientes de variação genético entre famílias (CV_{ge}), genético dentro de família (CV_{gd}), ambiental (CV_e), e dos coeficientes de variação relativa entre famílias ($CV_{r(e)}$), dentro de famílias ($CV_{r(d)}$), para 5 características agronômicas avaliadas em 6 colheitas em 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.	49
Tabela 7. Estimativas das acurácias seletivas entre famílias ($r_{aa(e)}$) e dentro de famílias ($r_{aa(d)}$), para 5 características agronômicas avaliadas em 6 colheitas em 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.....	51
Tabela 8. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias (h_m^2), de indivíduos dentro de famílias (h_d^2), de indivíduos no experimento (h_e^2) e no bloco (h_r^2), para 5 características agronômicas avaliadas em 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.....	51
Tabela 9. Estimativas de Ganhos de seleção entre (GS_e), dentro (GS_d) e entre e dentro (GS_{ed}) e médias de uma população constituída de 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.....	53
Tabela 10. Estimativas dos autovalores (λ_i), da variação acumulada ($\lambda_i\%$) e dos coeficientes de ponderação relativos às variáveis canônicas obtidas com base	

nas 100 progênies selecionadas para característica produção oriundas de 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.....	71
--	----

RESUMO

VICENTINI, Victor Bernardo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2013. **Análises biométricas em famílias de meios-irmãos de café Conilon oriundas de seleção recorrente.** Orientador: Alúzio Borém de Oliveira. Coorientadora: Maria Amélia Gava Ferrão.

Este trabalho tem como objetivo estudar a performance de uma população de maturação tardia de *Coffea canephora*, variedade Conilon, oriunda do primeiro ciclo de seleção recorrente do programa de melhoramento genético do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). O experimento foi implantado na fazenda experimental de Marilândia, no município de Marilândia/ES no ano de 2000, sendo a população formada por 11 famílias de meios-irmãos com um total de 1.019 progênes. Foram realizadas as seguintes avaliações, no período de 2006 a 2011, por progênie: a) produção de grãos (PROD); b) época de maturação dos frutos (MAT); c) tamanho de fruto (TF); d) uniformidade de maturação dos frutos (UMAT) e e) reação a ferrugem (FE). Com base nos dados coletados por progênie de cada família, realizou-se a análise da variabilidade genética, a estimativa dos parâmetros genéticos, dos ganhos genéticos e da diversidade genética das progênes selecionadas. As estimativas de herdabilidade mostraram valores maiores para PROD e TF, e os resultados obtidos para os ganhos de seleção foram conseqüentemente superiores para as duas características. Nas características UMAT e FE, apesar dos ganhos terem sido menos expressivos, possibilitou a obtenção de indivíduos com melhor maturação e mais tolerantes a ferrugem. A intensidade de seleção na qual obtiveram maiores ganhos foi de 50%, entre famílias, e 20% dentro de famílias, mas sugere-se a utilização da intensidade de seleção com maior probabilidade de seleção de progênes contrastantes e geneticamente compatíveis. Os resultados confirmaram a existência de variabilidade genética para as características PROD, MAT e TF no conjunto de progênes avaliadas, permitindo a continuidade do processo de seleção recorrente com possibilidades de sucesso. Na análise de diversidade genética observaram-se materiais dissimilares com potencial para hibridações

significativas, porém é importante frisar que a dissimilaridade geral entre todas as progênies foi discreta, indicando a necessidade da introdução de materiais em posteriores ciclos de seleção recorrente, com objetivo de aumentar a variabilidade genética da população.

ABSTRACT

VICENTINI, Victor Bernardo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, October, 2013. **Biometric analysis in half-sib families of Conilon coffee derived from recurrent selection.** Adviser: Aluizio Borém de Oliveira. Co-adviser: Maria Amélia Gava Ferrão.

The objective of this study was to evaluate the performance of a population of late maturity of *Coffea canephora* variety Conilon, derived from the first cycle of recurrent selection of Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER). The experiment was carried out at the experimental station of Marilândia/ES, in the municipality of Marilândia/ES (Brazil) in 2000, with a population comprised of 11 half siblings families with a total of 1,019 progenies. The following evaluations were performed in the period 2006-2011: a) yield (YD); b) time to fruit maturation (MAT); c) fruit size (FS); d) uniformity of fruit maturation (UMAT) and e) reaction to rust (RR). Based on data collected by progeny on each family, it was performed the analysis of genetic variability, estimation of genetic parameters, genetic gain and genetic diversity of selected progenies. Heritability estimates showed higher values for YD and FS, and the results obtained for the selection gains were therefore higher for both traits. Although for UMAT and RR the gains were smaller, it was possible to select individuals with better maturation and more tolerant to rust. The selection intensity in which it was achieved major gains was 50%, for selection between families and, 20% for selection within families, but it is suggested to use the selection intensity with higher probability of selection of progeny with contrasting genetically compatible. The results confirmed the existence of genetic variability for PROD, and MAT TF in the studied progenies, allowing the continuation of the recurrent selection process with success possibilities. During the analysis of genetic diversity there was progenies with great dissimilarity with good potential to be used as parents, but it is important to note that the overall dissimilarity between all progenies was small, indicating the need for the introduction of exotic materials in later cycles of recurrent selection, aiming to increase genetic variability of the population.

1. INTRODUÇÃO GERAL

O agronegócio é responsável por cerca de um terço do PIB brasileiro, mas a importância da atividade agropecuária para o país não se limita somente a renda gerada. O fato de garantir postos de trabalho, contribuir para permanência do homem no campo e ainda produzir sustento a inúmeras famílias, demonstra claramente a importância da mesma para a sociedade brasileira.

Dentre os produtos agrícolas, o café destaca-se no setor agropecuário com parcela significativa de tributos e conseqüentemente da receita cambial brasileira.

A importância dessa cultura se observa em âmbito internacional, já que o café é cultivado em mais de 70 países, predominantemente os subdesenvolvidos ou em desenvolvimento, e consumido principalmente por países ricos e desenvolvidos, que por sua vez exigem cada vez mais um produto de melhor qualidade. De acordo com dados estatísticos, a produção mundial de café estimada para safra de 2012/13 ficará em torno de 145,2 milhões de sacas beneficiadas de 60 kg, para um consumo de aproximadamente 142 milhões de sacas (OIC, 2013). Os estudos ainda revelam que a produção brasileira de café deverá ser de 47,54 milhões de sacas (CONAB, 2013).

Em relação às espécies de importância no mercado econômico internacional, estão *Coffea arabica* L. (café Arábica) e *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner (café Robusta). Cerca de 61% do café negociado no mundo é do tipo Arábica e 39% do Robusta (OIC, 2013).

A importância econômica do café Robusta se refere, principalmente, ao fato de participar como matéria-prima básica na indústria de solubilização e como integrante importante na composição dos “blends” com café Arábica nas indústrias de torrado e moído. Isso proporciona ao produto final significativa capacidade de competição no mercado, devido ao seu maior rendimento industrial por ter principalmente mais sólidos solúveis (Matiello, 1998).

O Espírito Santo é o maior produtor de Conilon do Brasil, espécie introduzida há cem anos no Estado. Segundo a estimativa da Companhia Nacional de Abastecimento (Conab), o Espírito Santo terá produção de 8,21 milhões de sacas de café beneficiado em 2013 da espécie (CONAB, 2013).

Em 1985, a Emcapa, hoje Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper) iniciou o programa de melhoramento genético de café Conilon, visando disponibilizar aos cafeicultores materiais genéticos mais adequados às suas necessidades. Os métodos de melhoramento empregados neste programa foram definidos levando-se em consideração, além dos objetivos pretendidos, a variabilidade genética disponível, a forma natural de reprodução e as formas alternativas possíveis de propagação da espécie e todas as demais particularidades conhecidas que a espécie apresenta, como autoincompatibilidade do tipo gametofítica e a possibilidade de reprodução clonal e por sementes (Fonseca et al. 1999).

Este programa, previsto para ser desenvolvido em várias etapas, concomitantes e, ou sucessivas, possui metas a serem alcançadas a curto, médio e longo prazo, cujos resultados, se complementariam ao longo do tempo, num esforço para que o potencial da espécie seja explorada, guardando-se sempre, a necessária atenção a outros aspectos, relacionados tanto com a estabilidade do processo produtivo, que conferem segurança aos produtores, como com aqueles relacionados com a sustentabilidade da atividade e a manutenção e ampliação da variabilidade genética (Fonseca et al., 1999; Ferrão et al.; 1999; Fonseca et al., 2001; Ferrão et al., 2007).

Nesse programa, foram realizados vários estudos básicos, que têm contribuído efetivamente para a ampliação de conhecimentos genéticos da espécie *C. canephora*, e também proporcionou o desenvolvimento e lançamento de 8 variedades clonais e uma de propagação por sementes, que são de aplicação direta aos produtores (Bragança et al., 1993, Ferrão et al., 1999; Ferrão et al., 2000a; Fonseca et al., 2004; Ferrão et al., 2007a, 2007b; Fonseca et al., 2008; Ferrão et al., 2013a, 2013b, 2013c). O programa de melhoramento genético de *C. canephora* em desenvolvimento no Incaper e em outras Instituições de pesquisa do Brasil visam, além da obtenção de variedades melhoradas, num prazo mais longo, a obtenção de variedades sintéticas, híbridas e populações melhoradas.

Este trabalho teve como objetivos avaliar o desempenho de progênies oriundas de 11 famílias de meios-irmãos provenientes do primeiro ciclo de seleção recorrente de uma população de maturação tardia de *C. canephora*, variedade Conilon, estimar parâmetros genéticos e ganhos de seleção em alguns caracteres agrônômicos de interesse, e, adicionalmente estudar a divergência genética das progênies selecionadas, para subsidiar a definição das estratégias subsequentes de continuidade do processo de seleção recorrente com a espécie.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Importância do café no Mundo, no Brasil e no Estado do Espírito Santo

A cafeicultura possui grande potencial para o desenvolvimento, além de o café ser uma das “commodities” mais comercializadas no mundo, é um produto de exportação com significativa importância para os países em desenvolvimento e contribui pelo padrão de vida de milhões de produtores rurais (Fiorott, 2012). O agronegócio café no mundo gera um grande impacto no setor econômico, pela movimentação de bilhões de dólares por ano, e também no setor social, por empregar direta e indiretamente uma grande parcela da população mundial (EMBRAPA CAFÉ, 2004).

No Brasil a cultura do café, teve grande influência na colonização e no seu desenvolvimento, assumindo ainda hoje, um importante papel econômico e social (Ferreira, 2003).

A produção mundial de café na safra 2013 foi estimada em 145,2 milhões de sacas de 60 kg. O consumo mundial que está em ascensão constante na maioria dos países deve atingir 142 milhões sacas (OIC, 2013).

De acordo com estudos realizados pelo OIC (2013), as estimativas de safra nas principais regiões produtoras, foram: 11,48 milhões de sacas na Colômbia; recorde de 22 milhões de sacas no Vietnã; 12,73 milhões de sacas na Indonésia; 5,30 milhões de sacas na Índia; 17,31 milhões na América Central e 18,38 milhões de sacas na África-Subsaariana.

Segundo a CONAB (2013) estima-se que a safra brasileira de café será de 47,54 milhões de sacas, estando distribuída em 36,6 milhões da espécie Arábica e 10,87 milhões da espécie Robusta (CONAB, 2013).

A área cultivada com as espécies Arábica e Conilon no país totalizam cerca de 2,31 milhões hectares. O estudo demonstra um decréscimo de 0,74% sobre a área de 2,29 milhões de hectares existentes na safra 2012, ou seja, houve redução de 17.205 hectares (CONAB, 2013).

Em Minas Gerais está concentrada a maior área com 1,23 milhões de hectares, predominando a espécie arábica com 98,82%. A área total estadual representa 53,49% da área cultivada com café no país, e conseqüentemente a primeira no âmbito nacional (CONAB, 2013).

No Espírito Santo está a segunda maior área plantada com café, totalizando 499 mil hectares, sendo 311,197 mil hectares com a espécie Robusta, variedade Conilon e 187,855 mil hectares com o Arábica. O Estado é o maior produtor da variedade Conilon (CONAB, 2013). A produção estimada está em torno de 11,69 milhões sacas de café beneficiadas, sendo que a produção de café no Estado do Espírito Santo será 6,44% inferior à safra passada. O decréscimo na produção estadual se deve, sobretudo, as chuvas intensas, principalmente em certas regiões do norte do Estado, no momento da floração e fertilização dos cafezais, ocasionando, assim, problema de fertilização. Associado a esse problema, na época de formação e enchimento de grãos, houve falta de chuvas e altas temperaturas na maioria das áreas de cultivo do Robusta. Além de 'falhas' na formação, houve também problemas no enchimento dos grãos. Como consequência, redução na produção, baixo rendimento de beneficiamento e a produção de café com qualidade inferior, em comparação com o ano de 2012. (CONAB, 2013).

A produção de café Conilon na atual safra estimada em 8,21 milhões sacas é 15,42% inferior à safra anterior. Essa produção é oriunda de um parque cafeeiro em produção de 283.124 hectares, com produtividade média de 29 sacas por hectare (CONAB, 2013).

Contudo, pode-se afirmar que a produção do café Conilon no Espírito Santo, bem como a produtividade das lavouras, tem alcançado números expressivos nos últimos anos. Tal fato deve-se ao desenvolvimento e à adoção de tecnologias inovadoras, em maiorias geradas e difundidas pelo Incaper, que

fez com que o processo produtivo se tornasse mais eficiente. Dentre essas tecnologias, destacam-se o uso de variedades clonais, o plantio em linha, a poda e o adensamento, o uso controlado da irrigação e os avanços em nutrição (Fassio & Silva, 2007).

Atualmente existe uma visão holística de toda cadeia produtiva, inclusive pode-se observar o aumento da cobrança por parte dos consumidores de café, que vêm exigindo cada vez mais qualidade, associada a produtos diferenciados, produzidos com responsabilidade social, com mínimo de agressão ao ambiente e que tenham certificação. Deste modo, para alcançar qualidade e atender às exigências dos consumidores e também dos compradores e indústrias, deve-se definir adequadamente os objetivos do programa de melhoramento e, com isso, desenvolver variedades que atendam os anseios do consumidor final e tenham características bioquímicas condizentes que proporcionem na bebida final um bom sabor, aroma e corpo (Leite & Silva, 2000).

2.2. História, botânica, classificação e origem

O café (*Coffea* sp.) originou-se na África, sendo o *C. arabica* na Etiópia e o *C. canephora* na região da bacia do rio Congo. Atualmente, o café Arábica é plantado em diversas partes do mundo: nas Américas Central e do Sul, na região central e sul da África e no leste da Ásia, o café denominado mundialmente como Robusta, é cultivado na África Ocidental e Central, no sudeste da Ásia e em algumas regiões das Américas, principalmente no Brasil (Eccardi & Sandalj, 2002; Ferrão, M. et al., 2007).

Nativo das florestas de várzea da bacia do rio Congo que se estendem até o lago Vitória em Uganda, onde a altitude da região varia do nível do mar até 1200 m, o *C. canephora*, desenvolveu-se como uma planta de porte arbustivo denso em floresta equatorial. Nessa região, a temperatura média está entre 24 e 26 °C, com chuvas abundantes superiores a 2.000 mm distribuídos em um período de 9-10 meses, e com umidade relativa do ar constante em um nível próximo da saturação (Coste, 1992).

O início do cultivo do café começou no lêmên com a espécie *C. arabica*, e desenvolveu rapidamente após sua introdução na América do Sul em 1727.

No período de 1870 a 1900, ocorreu uma grande incidência de ferrugem, ocasionada pelo fungo *Hemileia vastatrix*, nas regiões sul e leste da Ásia, o que implicou no principal estímulo para a utilização da espécie *C. canephora*, já que este apresentava resistência à doença (Van Der Vossen, 1985; Charrier & Berthaud, 1988; Leite & Silva, 2000).

De acordo com Rena et al. (1994) o gênero *Coffea*, que pertence a família Rubiaceae, reúne mais de 70 espécies, originárias de variadas regiões tropicais e subtropicais da África, de Madagascar e de ilhas vizinhas. Segundo Sondahl & Lauritis (1992), Chevalier (1947) dividiu o gênero *Coffea* em quatro seções: *Eucoffea*, *Mascarocoffea*, *Paracoffea* e *Argocoffea*. A seção *Eucoffea* abrange cinco subseções, entre as quais a *Erithrocoffea*, na qual se enquadram as espécies *C. arabica* e *C. canephora*, que possuem expressão comercial.

Posteriormente, Leroy (1980ab), citado por Carvalho et al. (1991), sugeriu excluir do gênero *Coffea* as seções *Paracoffea* e *Argocoffea*, permanecendo somente *Eucoffea*, que é atualmente denominado *C. mascarocoffea*. Em seguida, subdividiu o gênero *Coffea* nos subgêneros *Coffea*, *Psilanthopsise* e *Baracoffea* (Charrier & Berthaud, 1985).

As demais espécies, como as *C. eugenioides*, *C. salvatrix*, *C. racemosa*, *C. dewevrei*, *C. liberica*, *C. Congensis* e *C. humilis*, entre outras, têm sido importantes para programas de melhoramento, como fontes de alelos favoráveis para resistência a pragas, à seca, para a qualidade de grãos e demais problemas que afetam a produtividade e a qualidade das variedades de cafés, em nível mundial (Charrier & Berthaud, 1985).

As plantas de *C. canephora* são de porte arbustivo ou arbóreo, caule lenhoso; as folhas são maiores e de coloração verde menos intenso que as do *C. arabica*; as flores são brancas; os frutos são de diferentes formatos e menores que os do *Arábica*, com coloração de amarela a vermelha quando maduros; o exocarpo fino e, as sementes apresentam tamanho variável, com película prateada bem aderente; e possui elevado teor de cafeína e de sólidos solúveis (Fazuoli, 1986). É uma espécie alógama, diplóide, com $2n = 22$ cromossomos, constituída de populações expressando grande variabilidade, com indivíduos altamente heterozigotos. Trata-se também de uma espécie rústica, tolerante a doenças e adaptada a uma ampla faixa de condições

edafoclimáticas tropicais, de baixas altitudes e temperaturas elevadas. (Conagin & Mendes, 1961; Berthaud, 1980).

Em estudos com o objetivo de avaliar a forma de reprodução do *C. canephora*, Dreveux et al. (1959) encontraram que os genótipos apresentavam autoincompatibilidade do tipo gametofítica e descrevem que, após a autopolinização, o crescimento do tubo polínico no estigma torna-se distorcido, e a sua penetração no estilo para fecundação do óvulo é bloqueada. Em contrapartida, quando o alelo S do pólen é diferente dos dois alelos S do estilo, o tubo polínico cresce normalmente, penetrando no ovário e realizando a fertilização.

Pesquisas detalhadas de Conagin & Mendes (1961) apresentaram numerosos dados demonstrando que a autoincompatibilidade de *C. canephora* está associada a um loco gênico "S" com três alelos interagindo em um sistema gametofítico. Por meio de estudos em laboratório com a espécie, Berthaud (1980) confirmou que a autoincompatibilidade é do tipo gametofítica e monogênica, com uma série de alelos, S₁, S₂ e S₃. Posteriormente, Lashermes et al. (1996), em análises moleculares em uma população de 23 duplo-haplóides, constataram que o loco S está ligado a um marcador RFLP, o g 1069D, e que nenhum recombinante foi observado no referido marcador e o loco S, o que confirma os resultados anteriores.

Segundo Carvalho et al., (1969) em decorrência da forma natural de reprodução e conseqüentemente a heterogeneidade das populações, há grande dificuldade de se caracterizar as variedades dentro da espécie.

Para facilitar a distinção dos germoplasma da espécie Charrier & Berthaud (1988) propuseram a caracterização de acordo com determinados aspectos agrônômicos e morfológicos. Deste modo, no grupo denominado "Robusta", estão inseridos os genótipos com hábito de crescimento ereto, caules de maior diâmetro e pouco ramificados, folhas e frutos de maior tamanho, maturação tardia, maior vigor da planta, maior produtividade e maior tolerância a doenças. Enquanto, o outro grupo conhecido como "Kouillou", os genótipos devem exibir hábito de crescimento arbustivo, caules ramificados, folhas alongadas, florescimento precoce, resistência à seca e maior susceptibilidade a doenças. O cultivares de ambos os grupos, são

genericamente designadas como “café Robusta”, sendo o primeiro grupo o que expressa maior valor econômico no mundo (Paulino et al., 1984).

O café da espécie *C. canephora* foi introduzido no Espírito Santo em 1912, pelo então governador do Estado Jerônimo Monteiro, no município de Cachoeiro de Itapemirim (Fassio & Silva, 2007). Posteriormente, levado para a região Norte do Estado onde teve grande aceitabilidade e conseqüentemente expansão (BANCO DE DESENVOLVIMENTO DO ESPÍRITO SANTO - BANDES, 1987). A ampliação de seu cultivo no Espírito Santo se deu através da multiplicação sexuada de plantas matrizes selecionadas pelos próprios agricultores, ao longo dos anos, constituindo assim, populações com ampla variabilidade genética (Fonseca, 1996).

2.3. Melhoramento genético da espécie

Na cultura do *C. canephora* os primeiros cultivos e trabalhos de melhoramento foram realizados em Java, na Indonésia, em meados de 1900, com o objetivo de se estabelecer bases biológicas fundamentais para pesquisas da espécie (Charrier & Berthaud, 1988). De modo geral, os programas de melhoramento genético nessa espécie têm se concentrado na obtenção de variedades ou clones altamente produtivos, com boas características agrônômicas e tecnológicas promissoras e que proporcionem principalmente um produto com qualidade satisfatória. Além disso, é interessante associar o alto potencial de produção à estabilidade e adaptabilidade de produção a ambientes variados e a bons níveis de tolerância a pragas (Charrier & Berthaud, 1988).

Estratégias racionais de melhoramento exigem conhecimento profundo da estrutura genética da espécie em que se trabalha, bem como da herdabilidade das características que se deseja melhorar. Informações sobre a biologia de reprodução são essenciais para a técnica e o planejamento das autopolinizações e hibridações artificiais necessárias para as análises genéticas (Carvalho, 1985; Carvalho et al., 1991).

Portanto, devido às características da espécie já mencionadas, as estratégias tradicionalmente utilizadas nos programas de melhoramento para o *C.canephora* são: seleção clonal e obtenção de híbridos e de variedades

sintéticas. A seleção recorrente intrapopulacional, interpopulacional e haplodiploidização têm, também, sido empregadas com sucesso em diversos trabalhos (Charrier & Berthaud, 1988; Lashermes et al., 1994; Leroy et al., 1991, 1993, 1994, 1997; Paillard et al., 1996; Ferrão et al., 1999; Fonseca, 1999).

No Brasil, principalmente no Estado do Espírito Santo, desde 1985 a Emcapa, hoje Incaper, vem desenvolvendo um programa de melhoramento genético de *C. canephora*, variedade Conilon. Os primeiros trabalhos de melhoramento genético com a espécie realizada pelo Incaper contemplaram a seleção de plantas individuais, bem como o agrupamento destas, de acordo com certas características morfoagronômicas de interesse e sua posterior multiplicação assexuada. Como resultado, foram recomendada as 8 variedades clonais: EMCAPA 8111, de maturação precoce, EMCAPA 8121, de ciclo intermediário de maturação, EMCAPA 8131, de maturação tardia (Bragança et al., 1993), EMCAPA 8141 – Robustão Capixaba, (Ferrão et al., 1999), EMCAPA 8142 – Conilon Vitória (Fonseca et al., 2004), INCAPER 8112 – Diamante, de maturação precoce (Ferrão et al., 2013a), INCAPER 8122 – Jequitibá, de maturação intermediária (Ferrão et al., 2013b) e INCAPER 8132 – Centenária, de maturação tardia (Ferrão et al., 2013c). Foi recomendada também uma variedade propagada por semente, EMCAPER 8151 – ROBUSTA TROPICAL (Ferrão et al., 2000b).

De acordo Charrier & Berthaud (1988), o melhoramento via processos assexuado e sexuado deve ser conduzido paralelamente, pois, enquanto o primeiro conduz ao estreitamento da base genética, o segundo, por meio de recombinações dos materiais genéticos superiores com alta frequência de genes favoráveis às características de interesse do programa de melhoramento, gera a recomposição da base genética.

O melhoramento do cafeeiro tem sido alvo de várias pesquisas visando às substituições de variedades de menor valor, por outras mais vantajosas. O Incaper tem contribuindo com diversos trabalhos onde novas variedades clonais de café Conilon são produzidas e indicadas para o plantio em vários municípios do norte do Espírito Santo.

Outras empresas e institutos de pesquisa também estão trabalhando com objetivo de lançar novas variedades. A Embrapa Rondônia em parceria

com o Consórcio Pesquisa Café desenvolveram a primeira cultivar de café Conilon do Estado de Rondônia, a BRS Ouro Preto, obtida pela seleção de cafeeiros com características adequadas e adaptadas ao clima e ao solo da região, segundo maior produtor de café Conilon do Brasil (Ramalho, 2008).

Programas utilizando a estratégia de seleção recorrente recíproca em *C. Canephora* tiveram início em 1984 na Costa do Marfim, com duas populações divergentes, de origens geográficas distintas, chamadas de Congolense (Grupo 1 – África Central) e Guineano (Grupo 2 – oeste da África) e mostrou-se eficaz com lançamentos de diversos híbridos de grande utilização (Berthaud, 1986).

2.4 Seleção Recorrente

Seleção recorrente é qualquer sistema encarregado para aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para características quantitativas, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem diminuir na população a variabilidade genética. Este método abrange três etapas: a) obtenção de progênies; b) avaliação de progênies; c) recombinação das progênies superiores para formar a geração posterior (Borém & Miranda, 2009).

Este método de seleção foi inicialmente aplicado por Hull (1945) na cultura do milho, como sendo uma re-seleção, geração após geração, com intercruzamento entre os tipos selecionados, para obter a recombinação gênica, de modo que se capacitasse elevar a frequência de alelos favoráveis e manter a endogamia em baixo nível, a ponto de assegurar um alto grau de variabilidade genética (Pinto, 1995).

Em programas de seleção recorrente, a remoção de amostra de progênies da população sob seleção deve representar a sua variabilidade genética, com maior frequência de alelos favoráveis possíveis o que facilitará o sucesso de extração de linhagens superiores. Portanto, o êxito em um programa de seleção recorrente esta diretamente associada à existência das populações bases com variabilidade genética para a(s) características de interesse do melhorista (Ramalho et al., 1994). Assim, para a escolha do número mínimo adequado de progênies, a estabilidade das estimativas dos parâmetros genéticos que caracterizam a população e a amplitude dos

intervalos de confiança devem ser consideradas em diversos tamanhos amostrais. Deve-se levar em consideração também que as diferentes populações podem apresentar diferentes estruturas genéticas, conseqüentemente o número de progênies a serem avaliadas em cada população pode variar (Pinto et al., 2000).

A população inicial à qual será aplicada a seleção recorrente pode ser uma variedade de polinização aberta, variedade sintética, híbrido ou clone; porém, como foi frisado é de fundamental importância que tais populações possuam um elevado comportamento médio e variabilidade genética para assegurar um progresso contínuo durante os ciclos de seleção (Borém & Miranda, 2009).

Devido à maioria de genes de interesse serem de herança quantitativa, a dificuldade do melhorista está em buscar táticas para elevar a frequência dos alelos favoráveis dos genes de interesse na população. O desafio é que quanto maior o número de genes envolvido nas características de interesse menor é a probabilidade de se poder manipulá-los em conjunto, atrelado a esse empecilho, ocorre também o efeito ambiental agindo na expressão final da característica. Por fim, a seleção recorrente é uma estratégia de grande valia para o aumento gradativo dos alelos desejáveis através de ciclos sucessivos de seleção.

2.4.1 Métodos de seleção recorrente

A condução de um programa de seleção recorrente pode ser realizada para a melhoria do comportamento de uma única população, sendo, nesse caso, chamada intrapopulacional. Os métodos intrapopulacionais, em geral, são de mais fácil execução e aplicáveis a maioria das características agrônomicas e, por essa e outras razões, são mais comumente utilizados do que o interpopulacionais (Borém & Miranda, 2009).

Quando a finalidade da seleção recorrente é o progresso simultâneo de duas populações, tendo em vista o desenvolvimento de linhagens com alta capacidade de combinação explorando a heterose para a obtenção de híbridos, a seleção interpopulacional é a mais indicada, embora seja mais complexa e demande mais mão-de-obra durante a sua condução (Resende et al., 2005).

Esse método de melhoramento possibilita explorar tanto a capacidade geral de combinação (CGC), associada à variância genética aditiva, como a capacidade específica de combinação (CEC), relacionada à variância genética não aditiva.

A escolha do método adequado a se utilizar depende dos objetivos do programa, do tipo de ação gênica que o melhorista deseja enfatizar, da finalidade das progênies selecionadas e dos recursos disponíveis. Caso os híbridos sejam de maior utilização pelo os produtores, os métodos interpopulacionais são mais recomendados pois visam a capitalização de heterose, em contrapartida se o objetivo for adaptação de genótipo exótico ou melhorar a produtividade de cultivares e a ação gênica predominante for aditiva, recomendam-se os intrapopulacionais.

2.4.2 Seleção recorrente em culturas perenes

Em plantas perenes, pela maior dificuldade em conduzir os programas de melhoramento, precisa-se de métodos capazes de produzir resultados práticos dentro de um período de tempo relativamente curto. Dessa maneira, as cultivares melhoradas devem ser criadas durante os distintos estágios de melhoramento populacional (Ferrão, et al., 2007).

Apesar das dificuldades, a seleção recorrente tem sido testada em variadas espécies e para as mais diversas características agronômicas. Em espécies perenes têm sido relatados vários programas de sucesso, como em frutíferas, em cacau (Baradat et al., 1994; Paulin, 1994), em eucalipto (Resende & Higa, 1990; Resende, 1999) e em *C. canephora* (Leroy et al., 1994; 1997).

Na cultura do cacau países como a Costa do Marfim (Paulin & Eskes, 1995) e Malásia (Lockwood & Pang, 1994) já praticam o melhoramento por seleção recorrente recíproca, desde 1990. Na Costa do Marfim, na formação das populações base utilizou-se dos cruzamentos entre genitores dos grupos Baixo Amazonas e Trinitários, esses últimos por serem portadores de genes para alta qualidade de cacau. Na Malásia, o programa é conduzido pela iniciativa privada e utiliza genitores do grupo Alto Amazonas (Dias, 1998).

Vários relatos em frutíferas mostram o sucesso em conduções de programas de seleção recorrente para as mais diversas características de

interesse. Segundo Resende (2001), este tipo de estratégia é a forma mais adequada de conciliar rápida obtenção de cultivares melhorados e o melhoramento em longo prazo das frutíferas perenes. De acordo com Pinto (2004), a quase totalidade dos mais de mil cultivares de mangueira existentes na Índia e todos os desenvolvidos na Flórida foram criados por esse método.

Em maracujazeiro, Cunha e Barbosa (2000), por meio da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, obtiveram plantas, em média, 36,5% mais vigorosas, produzindo 68,8% a mais de frutos e com 82,8% a mais de produção, além de diferenças no peso do fruto (8,2%), teor de sólidos totais (3,5%) e acidez total titulável (3,1%), sendo que a plantas selecionadas também mostraram maior rendimento de suco.

Avaliando duas progênes de meios-irmãos de goiabeira serrana, Degenhardt et al. (2002) observaram variação fenotípica significativa entre elas no peso, diâmetro e teor de sólidos solúveis totais dos frutos.

Para algumas culturas esse programas são vistos como promissores, por exemplo, em videira, a seleção recorrente pode ser aplicada na seleção de características de alta herdabilidade, como sabor das bagas, teor de sólidos solúveis e resistência a doenças (Pommer, 2002). De acordo com Souza & Sousa (2002), com o progresso no programa de melhoramento de cupuaçuzeiro, serão definidas populações-base para a condução do método de seleção recorrente, pleiteando com isso elevar à frequência de alelos favoráveis a produtividade e resistências a doenças.

Espécies florestais também têm demonstrado êxito com a utilização de programas de seleção recorrente. Resende & Higa (1994) revelaram a grande eficiência de seleção com base em valores genéticos e afirmam que devem ser utilizada no melhoramento florestal, pois, além de propiciar maior ganho genético (30% e 35% de superioridade para altura e diâmetro, respectivamente no trabalho em questão), apresenta uma série de vantagens práticas, desde a concepção dos experimentos até a geração de famílias para avaliação no ciclo subsequente.

2.4.3 Seleção recorrente na cultura do café

O melhoramento do cafeeiro tem sido alvo de várias pesquisas visando às substituições de variedades de menor valor, por outras mais vantajosas. O Instituto Capixaba de Pesquisa e Extensão Rural (Incaper) tem contribuindo com grandes trabalhos nessa área onde novas variedades clonais de café Conilon são produzidas e plantadas.

O mesmo Instituto vem utilizando o método de seleção recorrente desde 1997, em populações de maturação precoce, intermediária e tardia. As populações foram desenvolvidas pela recombinação em campos isolados de grupos de clones com distintos períodos de maturação. O programa se encontra em andamento.

Outras empresas e institutos de pesquisa também estão iniciando trabalhos com seleção recorrente. A Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) esta focada em um plano de ação com o objetivo principal de dar continuidade ao programa de melhoramento genético de café robusta desenvolvido em parceria com a Embrapa Café e a Universidade Federal de Viçosa, realizando avaliação e seleção de genótipos superiores para cultivo pelos cafeicultores mineiros. Têm-se como principais metas: avaliar a variabilidade genética de populações-base de *C. canephora* da coleção da EPAMIG/UFV e de futuras introduções por meio de características morfo-agronômicas; selecionar cafeeiros dentro dessas populações, com base nos critérios de avaliação, visando ao melhoramento intra e interpopulacional; introduzir novos acessos promissores de *C. canephora* às populações-base, visando o incremento de caracteres de interesse; e, desenvolver híbridos interpopulacionais adaptados às condições edafoclimáticas do estado de Minas Gerais. Dessa forma, pretende-se impulsionar o desenvolvimento de genótipos mais adaptados às condições edafoclimáticas do estado de Minas Gerais, nos próximos anos.

Para Charrier e Berthaud (1988), o melhoramento via processos assexuado e sexuado deve ser conduzido paralelamente, pois, enquanto o primeiro conduz ao estreitamento da base genética, o segundo, por meio de recombinações dos materiais genéticos superiores com alta frequência de

genes favoráveis às características de interesse do programa de melhoramento, gera a recomposição da base genética.

O ideal para a utilização da propagação vegetativa ocorre quando a população base apresentar genótipo superior e desejado, via de regra, o esforço acumulado para a avaliação de clones não determinará em ganhos no desenvolvimento de cultivares superiores.

Para iniciar o programa deve-se atentar para a formação da população base, que pode ser alcançada pela utilização de material genético provenientes de produtores, desde que se encontre grande variabilidade genotípica para as diversas características de interesse; por cruzamentos controlados utilizando-se a mistura de pólen de todos os genitores; por cruzamentos controlados, envolvendo os genitores de interesse; ou por recombinação de um grupo de genótipos com características de interesse.

Posteriormente, as plantas superiores, propagadas vegetativamente, são avaliadas em ensaios experimentais. Os clones que se sobressaem passam pelo teste de compatibilidade genética e agrupamento, e assim, finalmente serão recombinados em campo isolado, estabelecendo assim, um ciclo de seleção recorrente. As cultivares ou outros clones de destaque de diferentes programas, ou mesmo do gerados no próprio programa, poderão entrar, a qualquer instante, no esquema de recombinação, fornecendo alelos favoráveis para população alvo de seleção (Ferrão et al., 2007).

Os programas de seleção recorrente recíproca em *C. Canephora* tiveram início em 1984 na Costa do Marfim, com duas populações divergentes, de origens geográficas distintas, chamadas de Congolense (Grupo 1 – África Central) e Guineano (Grupo 2 – oeste da África) (Berthaud, 1986). Primeiramente foi avaliada a capacidade de combinação dos genótipos de cada grupo, cruzados com vários testadores da população recíproca (Leroy et al., 1993), já que ocorreu predominância da capacidade geral de combinação (Charrier & Berthaud, 1988). Os híbridos superiores cultivados hoje na Costa do Marfim são provenientes desse programa de melhoramento envolvendo os dois grupos (Leroy, 1993, 1994, 1997).

Os resultados desse trabalho foi à conclusão de existência de variabilidade genotípica e fenotípica dentro e entre as populações Guineana e Congolense para arquitetura da planta, resistência a seca, vigor, características

organolépticas, resistência a pragas e doenças; superioridade dos híbridos descendentes do cruzamento intergrupos em comparação aos cruzamentos dos intragrupos, justificando a eficácia da seleção recorrente recíproca; eficiência da seleção recorrente no melhoramento das populações *per si* e na obtenção de híbridos superiores; e variação de 0,22 a 0,78 das herdabilidades para as características relacionadas a arquitetura da planta, de 0,13 a 0,40 para vigor da planta e de 0,15 a 0,28 para as associadas com peso de grãos.

As correlações genótípicas e fenotípicas entre produtividade e vigor de plantas foram altas; não ocorreu alta correlação do peso de grãos com vigor e produção; e houve mediana correlação entre diâmetro da copa e das plantas aos quatro anos de idade com a produtividade de plantas com dois a cinco anos. Em relação às estimativas de ganhos genéticos para diferentes características, Leroy et al. (1997) observaram progressos expressivos, cujas as produtividades de híbridos envolvendo genitores elites das duas populações foram de 16 a 140% maiores que as duas variedades comerciais clonais, e o cruzamento mais produtivo apresentou-se mais vigoroso. Realizando a seleção de 5% das melhores plantas, o trabalho mostrou expectativas de ganhos genéticos elevados com valor superior a 60% para rendimento; moderado, com percentagens de 14 a 18% para vigor de plantas jovens e baixa para diâmetro da copa, tendo sido possível prever 60% dos ganhos genéticos em produtividades das plantas selecionadas em comparação com o clone mais produtivo utilizado como testemunha.

2.5 Diversidade genética

A divergência genética é um dos parâmetros mais importantes avaliados por melhoristas de plantas na fase inicial de um programa de melhoramento genético. Em programas que visam hibridações, estes estudos fornecem parâmetros para identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitam maior efeito heterótico na progênie (Samal & Jagadev, 1996; Pandey & Dobhal, 1997; Carvalho et al., 2003). Para a seleção dos genitores para o cruzamento, deve-se aliar o bom desempenho destes com a divergência genética entre eles.

Estudos sobre a diversidade genética vêm sendo utilizados com muita frequência no auxílio a programas de melhoramento genético de café Conilon proporcionando ao melhorista a seleção dos melhores indivíduos, em busca do aumento da frequência de alelos favoráveis, conforme discutidos por Fonseca, (1999); Ferrão, (2004) e Ivoglo, (2007).

Nos programas de melhoramento genético de plantas, as informações geradas com o estudo da diversidade genética tem sido uma ferramenta imprescindível, pois permite ao pesquisador agrupar grande número de genótipos em função de sua medida de similaridade ou direcionar cruzamentos visando a heterose entre seus híbridos. No primeiro caso, Cruz & Carneiro (2003) relatam que indivíduos com alto grau de semelhança devem ser descartados, visto que reduzirá a área experimental e a mão-de-obra, com isto haverá otimização dos recursos possibilitando ao pesquisador atingir seus objetivos em um espaço de tempo mais curto e com menor custo.

Para determinar quão distante geneticamente uma população ou genótipo é de outra são utilizados métodos biométricos, nos quais quantificam ou se estimam a heterose, que são analisados pela estatística multivariada permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (Cruz & Regazzi, 2001).

Vários métodos preditivos podem ser utilizados no estudo da divergência genética, dentre eles estão a análise multivariada, por meio das medidas de dissimilaridade envolvendo a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis (D^2); métodos de agrupamentos envolvendo os métodos hierárquicos, como ligação média entre grupo (UPGMA) e do vizinho mais próximo e o método de otimização de Tocher; e técnicas de dispersão gráfica envolvendo análise por componentes principais e por variáveis canônicas (Cruz et al., 2004). Cabe o pesquisador, de acordo com as especificidades envolvidas na pesquisa, escolher o método de maior acurácia para discutir os resultados.

Embora as técnicas multivariadas sejam de grande interesse do melhorista, a sua utilização maciça somente ocorreu devido ao fato de serem operações de grande demanda matemática cuja facilitação deve-se aos atuais recursos computacionais, que possibilitaram a avaliação simultânea de várias características e permitiram que inúmeras inferências pudessem ser feitas a partir do conjunto de dados existentes.

2.5.1 Distância generalizada de Mahalanobis (D^2)

Conforme Mardia et al. (1979), diversas medidas de similaridade ou dissimilaridade têm sido propostas para a quantificação das distâncias entre duas populações, no entanto, segundo Cruz et al. (1994), a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis são as mais amplamente utilizadas.

De acordo com Cruz et al., (2012), a distância de Mahalanobis, considera a variabilidade de cada unidade amostral, sendo recomendada para dados provenientes de delineamento experimentais, e, principalmente, quando as variáveis são correlacionadas. Quando as correlações entre as variáveis forem nulas, consideram-se as variáveis padronizadas, e a distância de Mahalanobis é equivalente à distância euclidiana.

Para estimar a divergência genética pela distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), é necessário levar em consideração a correlação residual entre as características. Assim, $D^2_{ii'}$ pode ser estimada a partir dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais (matriz de dispersão) ou a partir dos dados transformados, via condensação pivotal, aplicados à matriz de dispersão.

Neste trabalho, a estimação de $D^2_{ii'}$ foi realizada a partir de variáveis transformadas.

Esta transformação proporciona a obtenção de novas variáveis com variâncias residuais iguais à unidade e covariâncias nulas.

Sejam z_{i1k} , z_{i2k} ...e z_{ink} n combinações lineares das variáveis originais X_{i1k} , X_{i2k} ...e X_{ink} estimados de modo que suas variâncias residuais sejam iguais à unidade e as covariâncias residuais sejam nulas. Assim,

$$D^2_{ii'} = \delta' I \delta = \delta' \delta = \sum_j (z_{ij} - z_{i'j})^2$$

em que

I = matriz identidade ($n \times n$) correspondente à matriz de dispersão entre as variáveis transformadas;

$$d' = [d_1 d_2 \dots d_n]; \text{ e}$$

z_{ij} = média do i -ésimo tratamento em relação à j -ésima variável, com variância residual igual a 1.

2.5.2 Variáveis canônicas

A técnica multivariada, com base em variáveis canônicas, foi relatada por Rao (1952). Trata-se de um processo alternativo para avaliação do grau de similaridade genética entre progenitores que leva em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre as características avaliadas (Cruz et al., 2012).

A utilização das variáveis canônicas tem por finalidade proporcionar uma simplificação estrutural dos dados, de modo que a divergência genética entre as progênies, influenciada, em princípio, por um conjunto p-dimensional (p=número de características consideradas no estudo), possa ser avaliada por um complexo bi ou tridimensional de fácil interpretação geométrica. Entretanto, a eficácia de sua utilização depende da quantidade da variação total disponível contida nas n(n<p) primeiras variáveis canônicas utilizadas, em outros termos, do grau de distorção provocado nas distâncias entre as progênies, quando se passa do espaço p dimensional para o n-dimensional (Mardia, 1979; Cruz, 1990).

Seja X_{ij} a média do j-ésimo caráter ($j = 1, 2, \dots, n$) avaliado no i-ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, p$); T, a matriz de covariâncias entre médias de tratamentos; e E, a matriz de covariâncias residuais. A técnica de variáveis canônicas consiste em transformar o conjunto de n variáveis originais (X_i) em um novo conjunto de variáveis, que são funções lineares dos X 'is, com propriedades definidas (Cruz & Regazzi, 1994), conforme descrito a seguir:

a) Se Y_{ij} é uma variável canônica, então

$$Y_{ij} = a_1X_{i1} + a_2X_{i2} + \dots + a_nX_{in}$$

b) Se $Y_{ij'}$ é outra variável, tem-se

$$Y_{ij'} = b_1X_{i1} + b_2X_{i2} + \dots + b_nX_{in},$$

tal que

$$\sum_j \sum_{j'} a_j b_j \hat{\sigma}_{jj'} = 0$$

em que $\hat{\sigma}_{jj'}$ é a estimativa da covariância residual entre os caracteres j e j'.

c) Dentre todas as variáveis canônicas, Y_{i1} apresenta a maior variância, Y_{i2} a segunda maior, e assim sucessivamente.

De acordo com Rao (1952), as variâncias de cada variável canônica e os coeficientes de ponderação dos caracteres podem ser estimados pela solução dos seguintes sistemas:

$$(T - \lambda_j E) \alpha_j = \phi$$

$$\text{Det} | T - \lambda_j E | = 0$$

em que

T = matriz de covariâncias entre as médias dos genótipos avaliados;

E = matriz de covariâncias residuais;

λ_j = autovalores da matriz $E^{-1} T$; e

α_j = auto vetor associado a cada estimativa dos autovalores de $E^{-1} T$, cujos elementos são os coeficientes de ponderação dos caracteres para o estabelecimento das variáveis canônicas.

Embora as matrizes T e E sejam simétricas, o produto de ambas ($E^{-1} T$) não é uma matriz simétrica. Portanto, para maior simplificação e facilidade de cálculo, as variáveis canônicas foram estimadas a partir de dados transformados, por meio de condensação pivotal, conforme descrito anteriormente. Nesse processo, obtêm-se novas variáveis com variâncias residuais iguais à unidade e covariâncias nulas. Detalhes dessa operação matemática estão descritas em Cruz et. al (2012).

Assim, o conjunto de variáveis originais X_1, X_2, \dots, X_n é transformado pelo processo de condensação pivotal em um novo conjunto de variáveis padronizadas z_1, z_2, \dots, z_n , com a matriz de covariâncias fenotípicas igual a T^* e matriz de covariâncias residuais igual à matriz identidade (I). Dessa forma, as variáveis canônicas são obtidas pelos autovetores de T^* , e suas variâncias correspondem aos respectivos autovalores, estimados pela solução dos seguintes sistemas:

$$(T^* - \lambda_j I) \alpha_j = \phi$$

$$\text{Det} | T^* - \lambda_j I | = 0$$

A relevância relativa de cada variável canônica é dada pela razão entre a variância por ela quantificada, l_j , e o total de variância disponível. Segundo Cruz & Regazzi (2001), quando as duas primeiras variáveis canônicas explicam acima de 80% da variação total, sua utilização é satisfatória no estudo da

divergência genética por meio de avaliação da dispersão gráfica dos escores em relação às primeiras variáveis canônicas.

2.5.3 Importância relativa das características na divergência genética

Pela metodologia de Singh (1981), a distância entre dois genótipos pela distância de Mahalanobis (1936), $D^2_{ii'}$, é expressa como a seguir:

$$D^2_{ii'} = \sum w_{jj'} d_j d_{j'}$$

em que $W_{jj'}$ é elemento da matriz Ψ^{-1} .

Assim, a estimativa da distância entre um par de genótipos, denotado por m , pode ser realizada partindo de uma matriz $n \times n$, cujos elementos medem a distribuição de cada variável para aquela distância.

O total de colunas dessa matriz é dado por $S_{m1}, S_{m2}, S_{m3}, \dots, S_{mp}$, em que n é um par de genótipos de uma população com p genótipos, tendo $p(p-1)/2 = q$ pares de genótipos. Desse modo, a expressão anterior pode ser expressa conforme a seguir:

$$D^2_{ii'} = D^2_m = \sum S_{mj}$$

Uma comparação entre os diferentes valores de S_{m1} para determinado m mostrará a contribuição das diferentes características X_j , para a determinação de $D^2_{ii'}$.

Os valores de $D^2_{ii'}$ entre os prováveis pares de genótipos podem ser somados, obtendo-se, dessa forma, o valor total da divergência genética, expressa como a seguir:

em que:

$$\sum_j \sum D^2_{ii'} = \sum D^2_m = \sum \sum S_{mj} = \sum S_{.j}$$

$S_{.j}$ = valor total sob todos os n valores para a característica X_j .

Os n valores de $S_{.j}$ oferecem adequada importância relativa dos diferentes caracteres na expressão da divergência total (Singh, 1981). A importância relativa da característica j para o estudo de divergência genética pode ser estimada e representada por valores percentuais de $S_{.j}$, conforme a seguir:

$$\frac{S_{.j}}{\sum \sum D^2_{ij'}}$$

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

BARADAT, P.; LABBÉ, T.; BOUVERT, J. M. Conception d' index pour la selection réciproque recurrent; aspects génétiques, statistiques et informatiques. In: CIRAD (Eds.). **Traitements statistiques des essais de selection: stratégies d' amelioration des plantes pérennes. Actes Du séminaire de biométrie et génétique quantitative**. CIRAD: Montpellier: 1994, p. 101- 150.

BERTHAUD, J. L' Incompatibilité chez *Coffea canephora*: méthode de test et détermination génétique, **Café Cacao Thé**, v. 24, n.4, p. 267-274, 1980.

BERTHAUD, J. **Les ressources génétiques pour l' amélioration des caféiers africains diploides**. Montpellier, France, Orstom: Collection Travaux et Documents, 1986. 179p.

BORÉM, A. & MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6 ed. Viçosa, MG: UFV, 2009, 523p.

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

CARVALHO, A. Principles and practice of coffee plant breeding for productivity and quality factors. In: CLIFFORT, M. N. & WILLSON, K. C. (Eds.). **Coffee - botany, biochemistry and production of beans and beverage**. London; Sidney: Croom Helm, 1985. p. 48-96.

CARVALHO, A., FERWERDA, F.P., FRAHM-LELIVELD, J.A., MEDINA, D.M., MENDES, A.J.J., MONACO, L.C. Coffee (*Coffea arabica* L. and *Coffea canephora* Pierre ex Froehner). In: FERWERDA, F.P., WIT, F. (Eds.). **Coffee (Coffea arabica L. and Coffea canephora Pierre ex Froehner)**. Wageningen: The Netherlands: Agricultural University. 1969. p.189-192. (Miscellaneous Papers, 4).

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

CARVALHO, L.P. de; LANZA, M.A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J.W. dos. Análise da divergência genética entre acessos do banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 10, p. 1149-1155, 2003.

CHARRIER, A. & BERTHAUD, J. Botanical classification of coffee. In: CLIFFORT, M.N., WILLSON, L.C. **Coffee - botany, biochemistry and**

production of beans and beverage. Westport, Connecticut, USA: The AVI Publishing Company, Inc, 1985. p. 13-47.

CHARRIER, A. & BERTHAUD, J. Principles and Methods in coffee plant breeding: *Coffea canephora* Pierre. In: CLARKE, R.J.; MACRAE, R. (Eds.). **Coffea Agronomy.** London: Elsevier, 1988. v. 4, Cap. 5, p. 167-197.

CHEVALIER, A. Lés caféiers du globe. III. Systematique des caféiers et faux-caféiers. Maladies et insectes. **Encyclopedie biologique**, Paris, n. 28, fascicule III, 1947.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira Café Safra 2013, terceira estimativa setembro/2013. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_09_09_15_34_48_bol_etim_cafe_-_setembro_2013.pdf>. Acesso em: 04/09/2013.

CONAGIN, C.H.T.M. & MENDES, A.J.T. Pesquisas citológicas e genéticas de três espécies de *Coffea* – auto-incompatibilidade em *C. canephora*. **Bragantia**, v. 20, p. 787-804, 1961.

COSTE, R. **Coffee: The plant and the product.** 1. ed. London: MacMillan Press, 1992. 328p.

CRUZ, C.D. & CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, MG: UFV, 2003. v. 2, 586p.

CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, MG: UFV, 1994. 390p.

CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 2. ed. rev. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, MG: UFV, 1994. 390p.

CRUZ, C.D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas.** 1990. 188p. Tese (Doutorado Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP, 1990.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514p.

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

CUNHA, M.A.P. & BARBOSA, L.V. Criação e seleção de variedades de maracujazeiro. In: BRUCKNER, C.H.; SALOMÃO, L.C.S.; PEREIRA, W.E.;

DIAS, J.M.M. (Eds.). Simpósio brasileiro de melhoramento de frutíferas, 2000, Viçosa. **Anais...Viçosa**, MG: 2000. p. 164.

DEGENHARDT, J.; DUCROQUET, J.P.; REIS, M.S.; GUERRA, M.P.; NODARI, R.O. Efeito de anos e determinação do coeficiente de repetibilidade de características de frutos de goiabeira-serrana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 9, p. 1285-1293, 2002.

DEVREUX, M.; VALLAYES, G.; POCHER, P.; EBERHART, S.A.; RUSSEL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, p. 36-40, 1959.

DIAS, L.A.S. Rumos no melhoramento genético do cacauzeiro. In: Simpósio sobre Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas. II Simpósio sobre Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas, 1998, Lavras. **Anais...Lavras**, MG: 1998. p. 9-27.

ECCARDI, F. & SANDALJ, V. **Coffee – a celebration of diversity**. Sandalj Eccardi Company, Trieste, Italy, 2002, 228p.

EMBRAPA Café. **Consórcio brasileiro de pesquisa e desenvolvimento do café**. Brasília, DF: Embrapa, Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento, 2004. 148p.

FASSIO, L.H. & SILVA, A.E.S. Importância econômica e social do café Conilon. In: FERRÃO, R. G.; FONSECA, F. A. da.; BRAGANÇA. S. M.; FERRÃO, M. A. G.; MUNER, L.H. de. (Eds.). **Café Conilon**. Vitória, ES: Incaper, 2007, p. 37-46.

FAZUOLI, L.C. Genética e melhoramento do cafeeiro. In: RENA et al. (Eds.). Simpósio sobre Fatores que afetam a produtividade do cafeeiro, 1986, Poços de Caldas. **Anais... Poços de Caldas**, MG: 1986. p. 86-113.

FERRÃO, M.A.G.; FERRÃO, R.G.; FONSECA, F.A.da.; FILHO, A.C.V.; VOLPI, S.P. Origem, Dispersão Geográfica, Taxonomia e Diversidade Genética de *Coffea canephora*. In: FERRÃO, R.G.; FONSECA, F.A. da.; BRAGANÇA, S.M.; FERRÃO, M.A.G.; MUNER, L.H. de. (Eds.). **Café Conilon**. Vitória, ES: Incaper, 2007, p. 67- 81.

FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, F.A. da.; VOLPI, P.S.; FILHO, A.C.V.; LANI, J.A.; MAURI, A.L.; TÓFFANO, J.L.; TRAGINO, P.H.; BRAVIM, A.J.B.; MORELLI, A.P. **‘Diamante Incaper 8112’ Nova Variedade Clonal de Café Conilon de Maturação Precoce para o Espírito Santo**. Vitória, ES: INCAPER, 2013a. 4p. (Incaper - Documento, 219).

FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, F.A. da.; VOLPI, P.S.; FILHO, A.C.V.; LANI, J.A.; MAURI, A.L.; TÓFFANO, J.L.; TRAGINO, P.H.; BRAVIM, A.J.B.; MORELLI, A.P. **‘Jequitibá Incaper 8122’ Nova Variedade Clonal de Café Conilon de Maturação Intermediária para o Espírito Santo**. Vitória, ES: INCAPER, 2013b. 4p. (Incaper - Documento, 220).

FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, F.A. da.; VOLPI, P.S.; FILHO, A.C.V.; LANI, J.A.; MAURI, A.L.; TÓFFANO, J.L.; TRAGINO, P.H.; BRAVIM, A.J.B.; MORELLI, A.P. '**Centenária Incaper 8132**' Nova Variedade Clonal de **Café Conilon de Maturação Tardia para o Espírito Santo**. Vitória, ES: INCAPER, 2013c. 4p. (Incaper - Documento, 221).

FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, F.A.da.; PACOVA, B.E.V. Melhoramento Genético de *Coffea canephora*. In: FERRÃO, R.G.; FONSECA, F.A. da.; BRAGANÇA, S.M.; FERRÃO, M.A.G.; MUNER, L.H. de. (Eds.). **Café Conilon**. Vitória, ES: Incaper, 2007, p. 122- 173.

FERRÃO, R.G.; FONSECA, A.F.A. da.; FERRÃO, M.A.G.; BRAGANÇA, S.M. FERRÃO, L.M.V. EMCAPER 8151 – **Robusta tropical**: variedade melhorada de café Conilon propagada por semente para o estado do Espírito Santo. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 1., 2000, Poços de Caldas. **Anais...** Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ/MINASPLAN, 2000a. p. 413-416.

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

FERRÃO, R.G.; FONSECA, A.F.A. da; SILVEIRA, J.S M.; FERRÃO, M.A.G.; BRAGANÇA, S.M. EMCAPA 8141"- Robustão Capixaba, variedade clonal de café Conilon tolerante à seca, desenvolvida para o estado do Espírito Santo. **Revista Ceres**, v. 47, n. 273, p. 555-559, 2000b.

FERRÃO, R.G.; FONSECA, F.A.da.; FERRÃO, M.A.G.; BRAGANÇA, S.M.; FILHO, A.C.V.; VOLPI, S.P. Cultivares de Café Conilon. In: FERRÃO, R.G.; FONSECA, F.A. da.; BRAGANÇA, S.M.; FERRÃO, M.A.G.; MUNER, L.H. de. (Eds.). **Café Conilon**. Vitória, ES: Incaper, 2007, p. 67- 81

FERREIRA, A. **Índice de seleção e análise de fatores na predição de ganhos genéticos em *Coffea canephora* var. Conilon**. 2003. 123p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2003.

FIOROTT, A. **Revista Conilon Brasil**. Vitória: Ed. 15 – Ano III. Abril/maio 2012. p.15.

FONSECA, A.F.A da. **Análises biométricas em café Conillon (*Coffea canephora* Pierre)**. 1999. 121p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1999.

FONSECA, A.F.A da. Propagação assexuada de *Coffea canephora* no Estado do Espírito Santo. In: PAIVA, R. (Ed.). **Workshop sobre avanços na propagação de plantas lenhosas**. Lavras, MG: UFLA, 1996. p. 31-34.

FONSECA, A.F.A. da.; FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; SANTOS, L.P.; BRAGANÇA, S.M.; MARQUES, E.M.G. Melhoramento Genético de *Coffea canephora* no Estado do Espírito Santo. In: II SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL. Resumos Expandidos, 2001, Vitória. **Anais...** Vitória, ES: Centro de Convenções, 2001. p.1045-1048.

FONSECA, A.F.A. da.; FERRÃO R.G.; FERRÃO, M.A.G.; VOLPI, P.S.; VERDIN FILHO, A.C.; FAZUOLI, L.C. Cultivares de café robusta. In: CARVALHO, C.H. (Eds.). **Cultivares de café: origem, características e recomendações**. Brasília, DF: Embrapa Café, 2008. Cap. 11, p. 255-279.

FONSECA, A.F.A. da.; FERRÃO, M.A.G.; FERRÃO, R.G.; VERDIN FILHO, A. C.; VOLPI, P.S.; ZUCATELI, F. **Conilon Vitória-** Incaper 8142: variedade clonal de café Conilon. Vitória, ES: Incaper, 2004. 24p. (Incaper. Documento, 127).

HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Journal American Society of Agronomy**, v. 37, p. 134-145, 1945.

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

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

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

LEROY, J.F. Evolution et taxogenèse chez les caféiers. Hypothèse sur leur origine. *Comptes Rendus de l'Académie de Sciences* 291: 593-596, 1980a.

LEROY, J.F. Les grandes lignées Du caféiers. Colloque Association scientifique International Du café, 9, Londres, p. 473-477, 1980b.

LEROY, T.; CHARMETANT, P.; YAPO, A. Application de la sélection réciproque au caféier *Coffea canephora* Pierre: premiers résultats du programme réalisé en Côte d'Ivoire. **Café Cacao Thé**, v. 35, n. 2, p. 95-103, 1991.

LEROY, T.; MONTAGNON, C.; CHARRIER, A.; ESKES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. I. Characterization and evaluation of breeding populations and value of intergroups hybrids. **Euphytica**, v. 67, n. 1, p. 113-125, 1993.

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

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

LOCKWOOD, G.; PANG, J. T. Y. Additive inheritance of yield in cocoa Producers' International Cocoa Research Conference, 11, Proceedings. **Cocoa Producers' Alliance**, London, 1994, p. 415-423.

MARDIA, K.V., KENT, J.T., BIBBY, J.M. **Multivariate analysis**. New York: Academic, 1979. 521p.

MATIELLO, J. B. **Café conillon**. Rio de Janeiro: MAA, SDR, PROCAFÉ, PNFC, 1998. 162p.

OIC. Trade Statistics. Disponível em: <<http://www.ico.org/prices/po.htm>>. Acesso em: 16/06/2013.

PAILLARD, M.; LASHERMES, P.; PÉTIARD, V. Construction of a molecular linkage map in coffee. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 93, n. 1-2, p. 41-47. 1996.

PANDEY, G. & DOBHAL, V.K. Multivariate analysis in taro (*Colocasia esculenta* L.). **Indian Journal of Genetics & Plantbreeding**, v. 57, n. 3, p. 262-265, 1997.

PAULIN, D. Les methods de selection du cacaoyer. In: CIRAD (Eds.). **Traitements statistiques des essais de sélection: stratégies d'amélioration des plantes pérennes. Actes du seminaire de biométrie et génétique quantitative**. CIRAD; Montpellier: 1994, p. 243-257.

PAULIN, D.; ESKES, A. B. Le cacaoyer: strategies de selection. **Plantations, Recherche, Développement**, v. 2, p. 5-18, 1995.

PAULINO, A.J.; MATIELLO, J.B.; PAULINI, J.B.; BRAGANÇA, J.B. **Cultivo do café Conilon**. Rio de Janeiro, RJ: IBC; GERCA, 1984. 32 p. (Instruções técnicas sobre a cultura de café no Brasil, 16).

PINTO, A.C.Q. Melhoramento genético da manga (*Mangifera indica* L.) no Brasil. In: ROZANE, D.E.; DAREZZO, R.J.; AGUIAR, R.L.; AGUILEIRA, G.H. A.; ZAMBOLIM, L. (Eds.). **Manga-produção integrada, industrialização e comercialização**. Viçosa, MG: UFV/EJA, 2004, p. 17-78.

PINTO, R.J.B. **Introdução ao melhoramento genético de plantas**. Maringá, 1995, 275p.

PINTO, R.M.C.; LIMA NETO, F.P.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Estimativa do número apropriado de progênies S1 para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 1, p. 63-73, 2000.

POMMER, C.V. Videira. In: BRUCKNER, C. H. (Ed.). **Melhoramento de fruteiras de clima temperado**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2002, p. 127-186.

RAMALHO, A.R. **Café 'Conilon BRS Ouro Preto'**. Porto Velho, Rondônia: Embrapa Rondônia, 2008 (Folders).

RAMALHO, M.A.P. Métodos de seleção. In: **Workshop Métodos de seleção**. CTGMF-SIF, Belo Horizonte: 1994, p. 1-18.

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

RENA, A. B.; BARROS, R.S.; MAESTRI, M.; SÖNDAHL, M.R. In: SCHAFFER, B. & ANDERSEN, P.C. (Eds.). **Handbook of environmental physiology of fruit crops. II. Subtropical and tropical crops** USA: CRC Press, 1994. vol. 2, Cap.5, p. 101-122.

RESENDE, M.D.V. & HIGA, A.R. Estimação de valores genéticos no melhoramento de *eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p.11-36, 1994.

RESENDE, M.D.V. Melhoramento de espécies florestais. In: BORÉM, A. (Eds.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 1999, p. 589-647.

RESENDE, M.D.V. Melhoramento de espécies perenes. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Eds.). **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 2001, p. 357-421.

RESENDE, M.D.V. & HIGA, A.R. Estratégias de melhoramento para eucaliptos visando a seleção de híbridos. **Boletim de Pesquisa Florestal**. v. 21, p. 49-60, 1990.

RESENDE, M.D.V.; REZENDE, G.D.S.P.; AGUIAR, A.M.; BARBOSA, M. H. P. Seleção recorrente e o melhoramento genético do eucalipto no Brasil. In: Simpósio sobre Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas. 2005, Lavras. **Anais...**Lavras, MG: 2005. v. 1, p. 59-84.

SAMAL, K.M. & JAGADEV, P.N. Genetic divergence among chickpea cultivars. **Indian Journal of Genetics & Plant breeding**, v. 56, n. 1, p. 86-88, 1996.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**. v. 41, n. 1, p. 237-245, 1981.

SONDAHL, M.R. & LAURITIS, J.A. In: HAMMERSCHLAG, F.A. & LITZ, R.E. (Eds.). **Biotechnology of perennial fruitcrops**. Cambridge: C.A.B International, 1992. Cap 17, p. 401- 466.

SOUZA, A.G.C. & SOUSA, N.R. Cupuçuazeiro. In: BRUCKNER, C.H. (Eds.). **Melhoramento de fruteiras tropicais**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2002. p. 251-266.

VAN DER VOSSEN, H.A.M. Coffee selection and breeding. In: CLINFFORT, M.N. & WILLSON, K.C. (Eds.). **Coffee – Botany, biochemistry and production of beans and beverage**. Croom Helm; Westport Conn, 1985. p. 48-96.

CAPÍTULO 1

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE CAFÉ CONILON

RESUMO

VICENTINI, Victor Bernardo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2013. **Estimativa de parâmetros genéticos e ganhos de seleção de progênies de meios-irmãos de café Conilon.** Orientador: Aluizio Borém de Oliveira. Coorientadora: Maria Amélia Gava Ferrão.

Este trabalho objetivou estudar a variabilidade genética e estimar parâmetros genéticos e ganhos de seleção de uma população de maturação tardia de *Coffea canephora*, variedade Conilon, no primeiro ciclo de seleção recorrente. Foram avaliadas 11 famílias de meios-irmãos provenientes da recombinação, em campo isolado, de 11 progenitores promissores do programa de melhoramento do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). O experimento foi conduzido em campo isolado, com parcelas constituídas com números diferentes de progênies de meios-irmãos, perfazendo uma população final de 1.019 plantas. As características avaliadas foram: a) produção de grãos (PROD); b) época de maturação dos frutos (MAT); c) tamanho de fruto (TF); d) uniformidade de maturação dos frutos (UMAT) e e) reação a ferrugem (FE). Verificaram-se diferenças significativas entre as famílias. As estimativas de herdabilidade mostraram valores maiores para PROD e TF, e conseqüentemente os resultados obtidos para os ganhos de seleção foram superiores para as duas características. Os ganhos de seleção foram estimados considerando 3 intensidades de seleção, entre e dentro das famílias de meios-irmãos, 45 e 20, 73 e 12 e, 100 e 10%, respectivamente. A intensidade de seleção que determinou maior ganho genético foi a de 45% entre e 20% dentro de famílias de meios-irmãos, contudo devido à presença de autoincompatibilidade da espécie somado ao número restrito de famílias de meios-irmãos, sugere-se a utilização da intensidade de seleção com maior probabilidade de seleção de progênies contrastantes e geneticamente compatíveis. Para as características PROD, MAT e TF, a população estudada apresentou significativa variabilidade genética, e potencial em responder à seleção.

ABSTRACT

VICENTINI, Victor Bernardo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, October, 2013. **Estimates of genetic parameters and selection among and within in half-sib progenies of coffee Conilon.** Adviser: Aluizio Borém de Oliveira. Co-adviser: Maria Amélia Gava Ferrão.

This study estimated the genetic variability, the genetic parameters and selection gains in a population of late maturity of *Coffea canephora* variety Conilon during the first cycle of recurrent selection. Eleven half siblings families from recombination were evaluated in an isolated field from 11 promising parents of the breeding program of Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER). The experiment was conducted in an isolated field with plots consisting of different numbers of half siblings progenies, resulting in a final population of 1,019 plants. The evaluated characteristics were: a) yield (YD); b) time to fruit maturation (MAT); c) fruit size (FS); d) uniformity of fruit maturation (UMAT) and e) reaction to rust (RR). There were significant differences between families. Estimates of heritability showed higher values for YD and FS, and consequently the results for the selection gains were higher for both traits. The selection gains were estimated considering three selection intensities between and within half siblings families, 45 and 20, 73 and 12, and 100 and 10%, respectively. The intensity of the selection that determined highest genetic gain was 45% and between 20% within half siblings families, however due to the presence of self-incompatibility of the species added to the limited number of half siblings families, it is suggested to use the intensity of selection with higher probability of selection of contrasting and genetically compatible progenies. For YD, and MAT FS characteristics, this population has significant genetic variability and potential to respond to selection.

1. INTRODUÇÃO

A espécie *C. canephora* é a segunda espécie do gênero mais cultivada, representando cerca de 38% da produção total de café do mundo e o Espírito Santo se destaca como o maior produtor brasileiro desta cultura, representada no Estado pela variedade Conilon. Essa espécie difere de *C. arabica*, em muitos aspectos agromorfológicos, inclusive na forma de reprodução, que é de fecundação cruzada e por possuir o fenômeno da autoincompatibilidade (Ferrão et al., 2012).

A propagação, no café Conilon, pode ser feita via sexuada, por meio de sementes, e de forma assexuada, especialmente por meio da estaquia (Fonseca, 1996; Ferrão et al., 2007), devendo sempre considerar as questões que envolvem a incompatibilidade entre e dentro das progênies e suas consequências na produtividade e na variabilidade genética. O sistema de propagação por sementes, sem dúvida é o mais simples e o que garante a variabilidade natural da espécie, que constitui na principal estratégia para gerar híbridos, populações recombinantes e descendência altamente heterozigota. Por outro lado, a reprodução assexuada, é um sistema importante de propagação, principalmente, quando se encontram indivíduos superiores para as características que determinado programa de melhoramento deseja. Como são indivíduos com elevada heterozigose, a clonagem manterá suas características nas plantas geradas, o que é importante na constituição de variedades clonais para formação de lavouras comerciais (Ferrão et al., 2012). Segundo os autores, no melhoramento do café Conilon, os sistemas de propagação disponíveis para a espécie são utilizados concomitantemente e considerando sempre a particularidade genética da autoincompatibilidade, que significa a não fecundação de plantas geneticamente iguais e mesmo a deficiência de fecundação nos cruzamentos quanto se cultivam materiais genéticos muito aparentados.

No melhoramento, uma estratégia importante é a seleção de fenótipos superiores, indivíduos ou famílias, que viabiliza o melhoramento, uma vez que para obter-se populações melhoradas é determinante que a seleção e a recombinação sejam feitas em nível de indivíduos e famílias (Martins, 2001).

Ensaio de avaliação de famílias e de plantas dentro de famílias têm sido realizados no melhoramento de plantas perenes. Nesses ensaios, procura-se avaliar a magnitude e a natureza da variância genética disponível, para que seja possível quantificar os ganhos de seleção, bem como prever o sucesso do método de seleção empregado (Negreiros, 2006). Tendo em vista a obtenção dos dados de desempenho de cada família e dos indivíduos, compete ao melhorista julgar qual genótipo selecionar de acordo com objetivo do trabalho.

Existem vários métodos de seleção genética, e a escolha depende de vários fatores, como das magnitudes e sentidos dos ganhos genéticos alcançados e da facilidade de aplicação dos mesmos (Martins, 2005).

Nesse contexto, o método de seleção entre e dentro famílias de meios-irmãos tem sido aplicado e recomendado para espécies alógamas e perenes. A técnica tem se mostrado eficiente na seleção de famílias superiores, e dentro dessas, indivíduos superiores, além disso, permite a avaliação da variabilidade genética da população por meio das estimativas de parâmetros genéticos, sendo essa avaliação de grande importância para escolha do método a ser utilizado na população (Sá, 2008).

Este trabalho objetivou estudar a variabilidade genética e estimar parâmetros genéticos e ganhos de seleção de uma população de maturação tardia de *C. canephora*, variedade Conilon, no primeiro ciclo de seleção recorrente.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Descrição dos materiais

Estudaram-se 11 famílias de meios-irmãos composta de 1.019 progênes de *C. canephora*, variedade Conilon, do Programa de Melhoramento Genético de Café Conilon do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), no Estado do Espírito Santo.

As 11 famílias de meios-irmãos foram formadas através da recombinação de um campo de polinização aberta, composto por 11 progenitores com características agronômicas superiores e de maturação tardia em relação aos frutos, selecionadas pela estratégia de seleção fenotípica e testes de progênes no Incaper. A relação dos materiais genéticos encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1. Relação de 11 progenitores e 11 famílias de meios-irmãos avaliadas na Fazenda Experimental de Marilândia, Incaper/ES.

Tratamentos	Progenitores	FMI	Nº de progênes
1	Clone 139	FMI-1	51
2	Clone 76/1	FMI-2	50
3	Clone 76/2	FMI-3	118
4	Clone 45	FMI-4	151
5	Clone 153	FMI-5	148
6	Clone 80-87/1	FMI-6	78
7	Clone 79	FMI-7	62
8	Clone 21+21	FMI-8	102
9	Clone 106	FMI-9	80
10	Clone 99	FMI-10	92
11	Clone 25 + 8	FMI-11	87

FMI = famílias de meios-irmãos

O campo de recombinação com os progenitores foi instalado em 2000, em local isolado, na Fazenda Experimental de Marilândia, Incaper, Marilândia-

ES. Em julho de 2003, foram coletadas as sementes híbridas de cada progenitor, em um campo de polinização aberta, para compor as famílias de meios-irmãos. As sementes foram levadas para o viveiro da referida Fazenda para produção de mudas. Em março de 2004, foi implantado o experimento com as famílias de meios-irmãos em campo isolado, juntamente com os progenitores.

A Fazenda Experimental de Marilândia, pertencente ao Incaper, está localizada no município de Marilândia, região Noroeste do Estado do Espírito Santo. O local do experimento, segundo a carta agroclimática do Espírito Santo (Feitosa, 1986), apresenta latitude de 19°24' sul e longitude de 40°31' oeste, altitude de 70 m, solo classificado como cristalino, com baixa fertilidade, precipitação pluviométrica anual de 1.100 mm, temperatura média anual de 24 °C, umidade relativa média do ar de 74% e topografia ondulada acidentada, característica da região. No local, os meses de janeiro, novembro e dezembro são úmidos, enquanto março, abril e outubro são parcialmente úmidos e os de maio, junho, julho, agosto e setembro, secos.

O experimento foi implantado no espaçamento de 2,5 entre fileiras x 1,0 m entre plantas dentro das fileiras. A adubação, poda/desbrota e tratamentos culturais foram realizadas com base nas recomendações técnicas para a cultura (Ferrão et al., 2004; Ferrão et al., 2012). O trabalho foi conduzido sem irrigação e sem controle de doenças, cada parcela foi constituída pelo mesmo número de plantas. Ao longo das avaliações, no período de 2004 a 2006, muitas plantas que apresentaram a doença mancha manteigosa foram eliminadas e muitas outras morreram em função da falta de adaptação. Assim, o número final de plantas de cada família encontra-se também na Tabela 1, perfazendo uma população final de 1.019 plantas.

Em função da autoincompatibilidade da espécie e devido a grande taxa de alogamia intrínseca da cultura, todos os progenitores são heterozigotos e, concomitantemente, as plantas híbridas dentro de cada família de meios-irmãos são diferentes. Assim, foram avaliadas cada planta individualmente dentro de cada família de meios-irmãos durante seis safras (anos), no período de 2006 a 2011.

Para as análises estatísticas, considerou-se cada ano de avaliação como uma repetição. Para avaliação do comportamento das diferentes famílias

de meios-irmãos, considerou-se o experimento em blocos ao acaso com 11 tratamentos (11 famílias de meios-irmãos), 6 repetições (6 épocas de avaliação) e com informação dentro das famílias (plantas dentro de cada família).

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o uso do aplicativo computacional GENES (Cruz, 2008).

2.2. Características avaliadas

As características avaliadas foram:

a) PROD: Produção de grãos/Planta: calculada com base no peso de café colhido por planta, mensurado em quilogramas (kg).

b) MAT: avaliação visual (av) da época de maturação dos frutos, com base na escala de 1 a 5, onde: 1 = maturação precoce, com colheita concentrada no mês de abril até 15 de maio; 2 = maturação média, com colheita entre 16 de maio a 15 de junho; 3 = maturação média/tardia, com colheita entre 16 junho a 30 de junho; 4 = tardia, com maturação no mês de julho e, 5 = muito tardia, com colheita no mês de agosto.

d) TF: tamanho de fruto por ocasião da colheita (TF) com base na avaliação visual (av) e escala de 1 a 5, conforme a relação de descritores do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares – SNPC, onde 1 = muito pequeno; 2 = pequeno; 3 = médio; 4 = grande e; 5 = muito grande (Guerreiro Filho et al., 2008). Para as referidas avaliações, considerou-se como referência o clone 02/Incaper de tamanho médio e o clone 04/Incaper de tamanho grande.

c) UMAT: uniformidade de maturação dos frutos por ocasião da colheita com base na avaliação visual e na escala de 1 a 3, onde: 1 = uniforme, com pelo menos 90% dos frutos maduros; 2 = mediamente uniforme, com cerca de 75 a 90% dos frutos maduros e; 3 = desuniforme, com menos de 75% dos frutos maduros.

e) FE: reação a ferrugem, avaliado com base na avaliação visual (av) e escala de 1 a 9 proposta por Eskes & Costa (1983), que estabelece diferentes níveis de severidade, 1- Nenhum sinal visível da infecção; 2 - Pequenos pontos cloróticos, frequentemente associados com pequenas tumefações e sem produção de uredósporos; 3 - Pequenos e médios pontos cloróticos, frequentemente associados com tumefações e sem produção de uredósporos; 4 - Mistura de pontos cloróticos de vários tamanho, com alguma formação de uredósporos nas maiores lesões e esporulação de no máximo 25% das lesões; 5 - Semelhante a 4, mas com mais esporos produzidos por lesão e esporulação de cerca de 50% das lesões; 6 - Semelhante a 5, mas com produção de esporos e esporulação de cerca de 75% das lesões; 7 - Semelhante a 6, mas com esporulação de praticamente todas as lesões e com abundante produção de esporos em muitas delas; 8 - Mistura de lesões com graus variáveis de esporulação ou um nível médio de esporulação em todas as lesões, às vezes associadas com poucas tumefações e 9 - Lesões com abundante esporulação, sem clorose nas bordas.

2.2. Análise de variância

A análise de variância de cada característica foi realizada com o objetivo de testar a hipótese da existência de variância genética entre médias de famílias de meios-irmãos na população, considerando os dados dos indivíduos dentro das parcelas. Utilizou-se o delineamento em blocos ao acaso com informações dentro de parcela, com base no seguinte modelo estatístico:

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

em que

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

μ = média geral da população;

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

B_j = efeito da j-ésima repetição ($j = 1, 2, \dots, r$, $B_j \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$);

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

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

O esquema da análise de variância, em nível de indivíduos (plantas), com as respectivas esperanças de quadrados médios, é apresentada na Tabela 2.

Tabela 2. Esquema de análise de variância, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios.

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

em que

QM = quadrado médio,

E(QM) = esperança matemática dos quadrados médios,

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

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

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

σ_g^2 = componente de variância genética.

2.3. Estimação dos parâmetros genéticos

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

2.3.1. Componentes de variância

Os componentes de variância para cada característica foram estimados de acordo com as análises da variância, segundo Cruz & Carneiro (2003), por meio dos respectivos estimadores, como segue:

- Variância de bloco:

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

- Variância genética entre médias de famílias:

$$\hat{\sigma}_{gm}^2 = \frac{QMG - QME}{nr}$$

- Variância ambiental entre parcelas:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QME - QMD}{n}$$

- Variância fenotípica entre plantas dentro de famílias:

$$\hat{\sigma}_d^2 = QMD$$

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

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

- Variância genética aditiva:

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

- Variância fenotípica entre plantas no experimento:

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

2.3.2. Coeficientes de herdabilidade, variação e acurácia seletiva

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Os coeficientes de variação foram estimados de acordo com Vencovsky & BARRIGA (1992):

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

$$CV_{ex}(\%) = \frac{100 \sqrt{QME/n}}{\hat{m}}$$

em que m é a média geral do experimento.

- Coeficiente de variação genética entre famílias:

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

- Coeficiente de variação genética dentro de famílias:

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

- Coeficiente de variação ambiental:

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

- Coeficiente de variação relativa (%)

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

- Acurácia seletiva

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

2.4. Progresso com a seleção

Foram estimados os ganhos de seleção, considerando as 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon. As características foram selecionadas com

objetivo de obter acréscimo em suas médias originais, exceto uniformidade de maturação e reação a ferrugem, para obter decréscimo em suas médias originais, ou seja, selecionar indivíduos com melhor uniformidade de maturação e resistência a ferrugem, respectivamente.

Em função da autoincompatibilidade da espécie, há uma grande preocupação no estreitamento da base genética. Portanto, analisou-se o trabalho considerando diferentes intensidades de seleção entre e dentro das famílias de meios-irmãos.

Com objetivo de facilitar as interpretações, discussões dos resultados e a manutenção da base genética, estabeleceu-se como 100 o número final de plantas selecionadas. As intensidades de seleção trabalhadas para todas as 5 características foram: a) 45% entre famílias e 20% dentro das famílias; b) 73% entre famílias e 12% dentro das famílias e c) 100% entre famílias e 10% dentro das famílias.

2.4.1. Ganhos de Seleção entre e dentro famílias

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

- **Ganho de seleção entre famílias (GS_e):**

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

em que

GS_e = ganho de seleção entre;

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

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

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

- **Ganho de seleção dentro famílias (GS_d):**

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

em que

GS_d = ganho de seleção dentro;

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

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

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

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

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Análise de variância

Na análise de variância verificaram-se diferenças significativas entre famílias de meios-irmãos, ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F, para as características de PROD, MAT e TF (Tabela 3), caracterizando a existência de variabilidade genética entre famílias em quase todas as características estudadas e que evidencia a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos pela aplicação de seleção nesta população.

Tabela 3. Resumo da análise de variância dos caracteres agronômicos avaliados em 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.

FV	GL	QM				
		PROD ¹	MAT ²	TF ³	UMAT ⁴	FE ⁵
Blocos	5	1835,137	196,498	140,853	11,466	47,741
Família	10	51,064**	0,448**	47,480**	0,494 ^{ns}	10,028 ^{ns}
Entre famílias	50	11,270	1,743	4,882	0,277	5,639
Dentro de famílias	6048	3,416	6,375	1,221	0,063	0,852
Média		2,673	4,420	3,329	1,199	3,135
CV _{exp} (%)		13,9153	3,3107	7,3552	4,8617	8,3929

1/produção de grãos por planta (kg/planta), 2/época de maturação dos frutos (av), 3/tamanho de fruto (av), 4/uniformidade de maturação dos frutos (av), 5/reação a ferrugem (av).

** e ns - significativo a 1% de probabilidade e não significativo, respectivamente.

Os coeficientes de variação experimental foram de baixa a média magnitude (Tabela 3), estando em conformidade com os valores normalmente encontrados para café Conilon (Fonseca, 1999; Ferrão, 2004; Oliveira, 2010). A

julgar por estes coeficientes de variação experimentais, pode-se afirmar a existência de boa precisão na obtenção e análise dos dados, proporcionando, portanto, confiabilidade nos resultados alcançados.

A avaliação da precisão experimental em melhoramento de plantas tem sido realizado com base na classificação de dois parâmetros estatísticos propostos por Gomes (2000): o coeficiente de variação experimental, ou residual (CV_e), e pelo coeficiente de precisão experimental (CP_e), sendo que este último leva em consideração, além da variação residual, o número de repetições utilizadas. Apesar do CP_e ser mais preciso, observa-se na literatura a utilização em grande parte dos trabalhos do CV_e para aferir a qualidade experimental. Valores do CV_e menores de 10% são classificados como baixos e são, segundo Gomes (2000), ideais para experimentações agrícolas, situação essa encontrada para todas características do estudo, exceto para PROD, onde observa-se o valor de 13%, contudo um valor muito próximo do ideal. Valores acima de 30% são interpretados pelo autor como muito altos e, conseqüentemente, a precisão experimental é comprometida.

A escolha dos genitores e o planejamento dos cruzamentos são importantes etapas para o sucesso de um programa de melhoramento. O planejamento previamente executado dos cruzamentos implica no aumento da probabilidade de se obter sucesso no desenvolvimento de cultivares superiores, pois maximiza a utilização de alelos desejáveis. Para assegurar a ocorrência de efetividade no programa de seleção recorrente é necessária que a população apresente elevado comportamento médio e suficiente variabilidade genética para garantir contínuo progresso nos vários ciclos de seleção. Contudo, pode ser complexo atender a estas duas condições simultaneamente, de modo que os genótipos com melhor comportamento em geral são aparentados (Borém & Miranda, 2009).

Observa-se, na Tabela 4, que o comportamento médio das progênies recombinadas (PR) foi superior aos dos progenitores (P) para produção (PR = 2,673 Kg/planta e P = 1,85 kg/planta), época de maturação dos frutos (PR = 4,42 e P = 4,00), uniformidade de maturação dos frutos (PR = 1,19 e P = 1,91 e) e reação a ferrugem (PR = 3,13 e P = 3,36), caracterizando maior produção, maturação mais tardia, maior uniformidade de maturação e menor incidência de ferrugem nas progênies recombinadas.

Tabela 4. Comparação de médias das 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon e médias dos progenitores.

TRAT	CLONES	PROD ^{/1}	MAT ^{/2}	TF ^{/3}	UMAT ^{/4}	FE ^{/5}
FMI-1	Clone 139	2,228	4,153	3,766	1,186	3,233
FMI-2	Clone 76/1	2,161	4,508	3,451	1,282	2,991
FMI-3	Clone 76/2	2,498	4,325	2,931	1,193	3,337
FMI-4	Clone 45	2,825	4,383	3,756	1,19	2,944
FMI-5	Clone 153	2,546	4,42	3,265	1,185	3,309
FMI-6	Clone 80-87/1	2,993	4,493	3,363	1,164	3,219
FMI-7	Clone 79	2,302	4,391	3,39	1,209	3,222
FMI-8	Clone 21+21	2,72	4,488	3,513	1,216	3,168
FMI-9	Clone 106	3,167	4,535	2,719	1,188	3,052
FMI-10	Clone 99	2,884	4,37	3,261	1,195	2,968
FMI-11	Clone 25 + 8	2,669	4,54	3,254	1,236	3,004
Média das FMI^{/6}		2,673	4,42	3,329	1,199	3,135
Progenitor 1	Clone 139	1,719	4	3	2	3
Progenitor 2	Clone 76/1	1,775	4	3	1,5	1,5
Progenitor 3	Clone 76/2	1,434	4	3	2	4,5
Progenitor 4	Clone 45	1,813	4	5	1,5	3,5
Progenitor 5	Clone 153	2,451	4	4	2	2
Progenitor 6	Clone 80-87/1	1,023	4	5	1	2,5
Progenitor 7	Clone 79	2,506	4	1	2	1,5
Progenitor 8	Clone 21+21	1,846	4	5	2	5
Progenitor 9	Clone 106	2,089	4	3	3	6,5
Progenitor 10	Clone 99	1,947	4	3	2	4
Progenitor 11	Clone 25 + 8	1,747	4	5	2	3
Média dos Pr^{/7}		1,85	4	3,636	1,909	3,364

1/produção de grãos por planta (kg/planta), 2/época de maturação dos frutos (av), 3/tamanho de fruto (av), 4/uniformidade de maturação dos frutos (av), 5/reação a ferrugem (av), 6/famílias de meios-irmãos, 7/progenitores.

Entretanto, verificou-se menor tamanho dos frutos (PR = 3,32 e P = 3,63), evidenciando que a recombinação foi desfavorável para esta

características e que deve-se direcionar esforços no próximo ciclo de melhoramento na seleção de progênieis com maior tamanho de fruto.

3.2 Estimativas dos parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos foram os elementos descritivos da estrutura genética da população em estudo. Estimativas de parâmetros genéticos são essenciais para inferir sobre a estrutura genética, e variam com base nos caracteres estudados, idade das plantas, populações de estudo, locais de avaliação, entre outros (Duda, 2003), como também permitem prever os ganhos provenientes das estratégias alternativas aplicadas ao melhoramento genético (Pinto Júnior, 2004).

De acordo com Falconer (1981), as estimativas obtidas somente são adequadas para a população da qual o material experimental constitui algum tipo de amostra, e nas condições em que o estudo foi conduzido. Assim, quando se pretende estimar as variâncias, os genótipos devem constituir amostras que representem ao máximo a população em questão. Também se deve ter atenção aos ambientes de experimentação que devem refletir as condições de adaptação da espécie estudada.

3.2.1. Estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais

Na Tabela 5, observa-se que todas as características em estudo adotam níveis diferenciados de controle genético, o que mostra a magnitude das variâncias associadas, apesar de os valores estarem diretamente influenciados pela escala da característica, conforme se pode observar ao comparar a UMAT e PROD, que apresentam no geral as menores e as maiores estimativas de variância, respectivamente.

3.2.2. Estimativas dos coeficientes de variação e da acurácia seletiva

Na Tabela 6, são apresentados os coeficientes de variação genético e ambiental, bem como os coeficientes de variação relativa, das características em estudo.

Tabela 5. Estimativas da variância genética entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_{gm}^2$), genética dentro de família ($\hat{\sigma}_{gd}^2$), genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), fenotípica dentro de família ($\hat{\sigma}_{fd}^2$), fenotípica total ($\hat{\sigma}_{fp}^2$), em virtude do efeito de bloco ($\hat{\sigma}_b^2$), e ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{ee}^2$), para 5 características agrônômicas avaliadas em uma população com 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.

Parâmetro	Característica				
	PROD ¹	MAT ²	TF ³	UMAT ⁴	FE ⁵
$\hat{\sigma}_{gm}^2$	0,081	0,009	0,087	0,00045	0,008
$\hat{\sigma}_{gd}^2$	3,319	0,432	1,176	0,060	0,793
$\hat{\sigma}_A^2$	0,325	0,037	0,348	0,001	0,035
$\hat{\sigma}_{fd}^2$	3,416	0,448	1,221	0,063	0,852
$\hat{\sigma}_{fp}^2$	5,630	0,690	1,505	0,078	0,967
$\hat{\sigma}_b^2$	2,036	0,217	0,151	0,012	0,047
$\hat{\sigma}_{ee}^2$	0,096	0,015	0,044	0,002	0,058

1/produção de grãos por planta (kg/planta), 2/época de maturação dos frutos (av), 3/tamanho de fruto (av), 4/uniformidade de maturação dos frutos (av), 5/reação a ferrugem (av).

De acordo Vencovsky (1987), o coeficiente de variação relativa é referência para o sucesso na obtenção de ganhos na seleção, sendo uma tendência positiva quando essa relação supera ou se aproxima do valor um. Este coeficiente tem a vantagem de não ser influenciado pela média do caráter.

Condições favoráveis para obtenção de ganhos neste trabalho foram verificadas para todas as características. Em relação ao coeficiente de variação entre famílias (CV_{Ge}), somente para característica TF apresentou-se superior ao coeficiente de variação experimental (CV_e). Contudo o coeficiente de variação relativa entre famílias ($CV_{r(e)}$) das características PROD e MAT foram de valor próximo à 1,0, podendo assim considerar situação favorável para a obtenção de ganhos na seleção entre as famílias (Tabela 6).

Quantos aos coeficientes genéticos dentro de famílias (CV_{gd}) de todas as características, observa-se superioridade quando comparados a CV_e , portanto espera-se que a seleção entre e dentro de famílias promova maiores progressos do que somente a seleção entre famílias.

O coeficiente de variação genética (CV_g), que corresponde ao desvio padrão genético, expresso em porcentagem da média, é um indicador da grandeza relativa das mudanças em um caráter que podem ser obtidas por

meio da seleção ao longo de um programa de melhoramento. Esses coeficientes que oscilaram entre 1,75% entre família para UMAT e 68,15%, dentro de família para PROD, indicam que a seleção das melhores progênies possibilitará significativo aumento no valor genético da população.

Tabela 6. Estimativas dos coeficientes de variação genético entre famílias (CV_{ge}), genético dentro de família (CV_{gd}), ambiental (CV_e), e dos coeficientes de variação relativa entre famílias ($CV_{r(e)}$), dentro de famílias ($CV_{r(d)}$), para 5 características agrônomicas avaliadas em 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.

Coeficiente de Variação	Característica				
	PROD ¹	MAT ²	TF ³	UMAT ⁴	FE ⁵
CV_{ge}	10,674	2,202	8,869	1,758	3,023
CV_{gd}	68,150	14,873	32,585	20,491	28,417
CV_e	11,616	2,853	6,368	4,272	7,732
$CV_{r(e)}$	0,918	0,771	1,392	0,411	0,391
$CV_{r(d)}$	5,866	5,212	5,116	4,795	3,675

1/produção de grãos por planta (kg/planta), 2/época de maturação dos frutos (av), 3/tamanho de fruto (av), 4/uniformidade de maturação dos frutos (av), 5/reação a ferrugem (av).

Alguns autores, Resende (2002, 2007) e Resende & Duarte (2007) recomendam que cada experimento tenha um valor particular, e não generalizado do CV_r , para verificar o sucesso ou não da seleção na sua população. Nesse caso, deve-se considerar o número de repetições do experimento e a acurácia seletiva, de acordo com a Tabela 1A (Apêndice). A acurácia é representada pela correlação entre os valores genéticos verdadeiros e preditos, e quanto maior o seu valor mais fidedigna é a confiança na avaliação dos indivíduos.

Conforme Resende (2007), aconselha-se que nas diferentes fases dos programas de melhoramento genético a acurácia seja no mínimo igual a 0,70. Neste sentido, valores abaixo da unidade podem ser considerados adequados para a seleção ser eficiente. Ainda, o autor afirma que o valor do CV_r acima de um, sugerido por Vencovsky (1987), propicia acurácias elevadas, acima de

0,80, independentemente do número de repetições utilizadas na experimentação.

No presente estudo em que o número de repetições foi de 6 com uma acurácia de 0,70 encontrou-se que o CV_r ideal é de 0,40 (Tabela 1A - Apêndice).

Para todas as características, tanto entre e dentro de famílias, observa-se os CV_r entre 0,39 e 5,21 (Tabela 5), confirmando que a condição é propícia para efetuar a seleção entre e dentro de famílias.

De forma abrangente, os valores preditos não são iguais aos valores genéticos verdadeiro, sendo a proximidade entre esses dois valores demonstrada pela acurácia (r_{aa}), a qual mostra o grau de confiabilidade dos resultados na avaliação genética do caráter. Quanto maior o valor desse parâmetro na avaliação para um determinado caráter, maior é a certeza na avaliação e nos valores genotípicos preditos (Resende, 2002). Este mesmo autor propôs a classificação deste parâmetro em: alto ($r_{aa} > 0,70$), médio ($0,40 < r_{aa} < 0,70$) e baixo ($0,10 < r_{aa} < 0,40$). Dessa maneira, acurácias acima de 0,70 foram obtidas para todas as características dentro de famílias, sendo também encontrado resultados acima desse nível para as características PROD, MAT e TF entre famílias (Tabela 7). Além disso, quando observado a acurácia entre famílias, as características UMAT e FE apresentaram valores de 0,39 e 0,24, respectivamente, índices esses considerados baixos (Tabela 7).

De modo geral, os valores de acurácia obtidos nas 6 colheitas indicaram uma alta qualidade experimental e, deste modo, segurança e eficiência na seleção para todas as características.

3.2.3. Estimativas de herdabilidade

As estimativas de herdabilidade, com base em indivíduos no experimento e em indivíduos no bloco apresentaram valores muito próximos, indicando que os blocos contribuíram pouco para a variância fenotípica (Tabela 8).

De acordo com a herdabilidade em nível de médias de famílias, constata-se que as características PROD, MAT e TF apresentaram valores

relativamente altos e próximos, evidenciando condições favoráveis para seleção entre médias de famílias (Tabela 8).

Tabela 7. Estimativas das acurácias seletivas entre famílias ($r_{aa(e)}$) e dentro de famílias ($r_{aa(d)}$), para 5 características agrônômicas avaliadas em 6 colheitas em 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.

Acurácia Seletiva	Característica				
	PROD ^{/1}	MAT ^{/2}	TF ^{/3}	UMAT ^{/4}	FE ^{/5}
$r_{aa(e)}$	0,90	0,87	0,96	0,39	0,24
$r_{aa(d)}$	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99

1/produção de grãos por planta (kg/planta), 2/época de maturação dos frutos (av), 3/tamanho de fruto (av), 4/uniformidade de maturação dos frutos (av), 5/reação a ferrugem (av).

Tabela 8. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias (h_m^2), de indivíduos dentro de famílias (h_d^2), de indivíduos no experimento (h_e^2) e no bloco (h_r^2), para 5 características agrônômicas avaliadas em 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.

Coeficientes de Herdabilidade	Características				
	PROD ^{/1}	MAT ^{/2}	TF ^{/3}	UMAT ^{/4}	FE ^{/5}
h_m^2	0,779	0,726	0,897	0,439	0,437
h_d^2	0,071	0,054	0,214	0,021	0,031
h_e^2	0,057	0,063	0,231	0,022	0,037
h_r^2	0,090	0,080	0,257	0,026	0,039

1/produção de grãos por planta (kg/planta), 2/época de maturação dos frutos (av), 3/tamanho de fruto (av), 4/uniformidade de maturação dos frutos (av), 5/reação a ferrugem (av).

As estimativas de herdabilidade implicam em demonstrar quanto à variabilidade ambiental está influenciando a variabilidade genética, ou seja, expressam a confiabilidade com que os fenótipos representam os genótipos, portanto elevados valores de estimativas de herdabilidade indicam condições favoráveis para a realização de seleção e melhoramento, além disso, auxiliam na escolha do método mais adequado a ser utilizado.

A existência de variação estatisticamente significativa entre famílias para qualquer caráter é entendida como possibilidade de este caráter ser melhorado pela seleção. Porém, esta constatação não informa sobre a quantidade de variabilidade genética dentro dessa população. Pode-se, contudo, para isso, se utilizar da estimativa de herdabilidade, mais especificamente no sentido restrito, que proporciona conhecimento da magnitude relativa das variações genéticas e ambientais (Rosado, 2003).

Pela importância da herdabilidade na predição de ganhos genéticos de um caráter, é fundamental que ela seja a mais real possível. Essa veracidade vai depender do controle experimental, do local e número de anos de experimentação, da característica avaliada, do método de estimação e da natureza da unidade de seleção (Ferrão, 2004). Por isso, essas estimativas não devem ser extrapoladas para outras populações ou outros ambientes.

De acordo com Borém & Miranda (2009), as variações de ambiente ofuscam as de natureza genética e, portanto, quanto maior for a proporção da variabilidade decorrente do ambiente em relação à variabilidade total, mais difícil será selecionar genótipos de forma eficaz.

3.3. Seleção entre e dentro famílias de meios-irmãos

As estimativas dos ganhos genéticos com o processo de seleção entre e dentro foram estimados para todas as 5 características nas famílias de meios-irmãos de café Conilon.

Com objetivo de facilitar as interpretações, discussões dos resultados e a manutenção da base genética, estabeleceu-se como 100 o número final de plantas selecionadas. As intensidades de seleção trabalhadas foram: a) 45% entre famílias e 20% dentro das famílias; b) 73% entre famílias e 12% dentro das famílias e c) 100% entre famílias e 10% dentro das famílias e os resultados estão apresentados na Tabela 9.

3.3.1 Intensidade de seleção de 45% entre, e 20% dentro

Verificaram-se ganhos genéticos de magnitudes expressivas para as características PROD, MAT e TF, entre e dentro as famílias de meios-irmãos. Para PROD obteve-se estimativas de ganhos de 7,11% e 5,84% com a seleção

entre e dentro de famílias de meios-irmãos, respectivamente, totalizando 10,46%. A média da população original passa de 2,67 kg/planta para 3,01 kg/planta, o que equivale a um aumento de produtividade de 44,5 sacas beneficiadas/ha para 50,2 sacas beneficiadas/ha, utilizando a conversão de 4:1 (maduro:beneficiado), em condição não irrigada, conforme o ambiente de realização do experimento.

Tabela 9. Estimativas de Ganhos de seleção entre (GS_e), dentro (GS_d) e entre e dentro (GS_{ed}), e médias de uma população constituída de 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.

Característica	$I_{sel}(\%)$ entre	$I_{sel}(\%)$ dentro	$GS_e(\%)$	$GS_d(\%)$	$GS_{ed}(\%)$	Média	
						Estimada	Original
PROD ¹	45	20	7,11	5,84	10,46	3,01	2,67
	73	12	3,32	6,10	9,42	2,92	2,67
	100	10	0,00	6,18	5,08	2,80	2,67
MAT ²	45	20	1,52	0,52	2,05	5,32	4,42
	73	12	0,82	0,54	1,36	4,48	4,42
	100	10	0,00	0,52	0,51	4,44	4,42
TF ³	45	20	6,63	8,22	14,64	3,81	3,32
	73	12	3,81	8,37	12,18	3,36	3,32
	100	10	0,00	7,77	7,88	3,58	3,32
UMAT ⁴	45	20	-0,63	-0,28	-0,91	0,10	1,19
	73	12	-0,40	-0,30	-0,70	1,18	1,19
	100	10	0,00	-0,30	-0,15	1,18	1,19
FE ⁵	45	20	-2,00	-0,62	-2,62	2,30	3,13
	73	12	-0,90	-0,61	-1,51	3,08	3,13
	100	10	0,00	-0,61	-0,66	3,10	3,13

1/produção de grãos por planta (kg/planta), 2/época de maturação dos frutos (av), 3/tamanho de fruto (av), 4/uniformidade de maturação dos frutos (av), 5/reação à ferrugem (av).

Encontraram-se também ganhos positivos e de magnitudes importantes para TF, na ordem de 6,63% e 8,22% entre e dentro de famílias, respectivamente, caracterizando que a seleção empregada é benéfica para melhorar a característica.

Para época de maturação de frutos (MAT), observa-se que a seleção tendeu a aumentar o ciclo da planta, com seleção de progênies de maturação mais tardia.

Nas características UMAT e FE houve ganho em sentido de decréscimo, ou seja, objetivou-se obter indivíduos com melhor uniformidade de maturação e maior resistência a ferrugem.

Os menores ganhos estimados, tanto pela seleção entre médias de famílias como dentro, foram obtidos nas características UMAT, com totais de -0,63 e -0,28%, respectivamente. Enquanto os maiores ganhos estimados foram para as características PROD e TF, com totais de 10,46% e 14,64%, respectivamente.

3.3.2 Intensidade de seleção de 73% entre e 12% dentro

Observa-se ganhos genéticos de certa relevância para as características PROD e TF entre e dentro das famílias de meios-irmãos. Para produção obteve-se estimativas de ganhos de 3,32% e 6,10% com a seleção entre e dentro, respectivamente, totalizando 9,42%. A média da população original passa de 2,67 kg/planta para 2,92 kg/planta, o que equivale a um aumento de produtividade de 44,5 sacas beneficiadas/ha para 48,7 sacas beneficiadas/ha.

Quanto à característica tamanho de fruto (TF) observam-se ganhos positivos, na ordem de 3,81% e 8,37% entre e dentro de famílias, respectivamente, somando-se ambas, obtêm-se ganho de 12,18%, um acréscimo considerado interessante para a característica.

Em relação à característica época de maturação de frutos (MAT), verifica-se que a seleção proporcionou o aumento do ciclo da planta, com seleção de progênies de maturação mais tardia.

As características UMAT e FE apresentaram ganhos com a redução das médias originais, pois a seleção foi realizada com objetivo de aumentar a uniformidade de maturação e selecionar indivíduos mais resistentes a ferrugem. O ganho para característica FE foi de -0,90% e -0,61%, entre e dentro famílias de meios irmãos, respectivamente, sendo, portanto pouco

expressivo. A seleção para a característica UMAT foi a de menor ganho, que somado os ganhos de seleção entre e dentro atingiu apenas -0,7%.

3.3.3 Intensidade de seleção de 100% entre e 10% dentro

A característica PROD e TF proporcionaram os maiores ganhos de seleção, com resultados de 5,08% e 7,88%, respectivamente. Mesmo com a redução da média original da população para a seleção entre famílias, com decréscimo de -1,10%, a característica PROD obteve aumento na média original da população. Isso se deve ao ganho proporcionado pela seleção dentro de famílias na ordem de 6,18%. Com isso, a média original da população passou de 2,67 kg/planta para 2,80 kg/planta, o que representa um aumento de produtividade de 44,5 sacas beneficiadas/ha para 46,7 sacas beneficiadas/ha.

Em relação à característica TF observa-se também o baixo ganho de seleção entre famílias, que corresponde a 0,11%, contudo quando verifica-se o ganho dentro das famílias há um ganho significativo de 7,77 %.

Quanto à característica época de maturação de frutos (MAT), constata-se que a seleção pouco proporcionou para o aumento do ciclo da planta.

As características UMAT e FE apresentaram ganhos com a finalidade de reduzirem a média original, porém os resultados foram modestos, nos valores de -0,15% e 0,66%, entre e dentro, respectivamente.

3.3.4 Comparação entre as diferentes intensidades de seleção

Os resultados conjuntos obtidos são de grande relevância para o programa de melhoramento genético de café Conilon do Incaper, visto que mostra a possibilidade de seleção de progênies superiores para serem avaliadas per si e para serem recombinadas.

A seleção entre progênies consiste, numa primeira etapa, em selecionar ou rejeitar famílias inteiras, de acordo com o desvio do valor da família em relação ao valor fenotípico médio da população. Uma vez selecionadas as famílias, pode-se realizar a seleção dentro, levando em conta o desvio do valor fenotípico de cada indivíduo em relação ao valor fenotípico médio da

população. Aqueles indivíduos de maior valor fenotípico são considerados superiores (Silva, 1982; Falconer, 1989).

A seleção não cria variabilidade e sim atua na variabilidade existente (Allard, 1971). Desse modo, os maiores ganhos genéticos serão funções das estruturas genéticas das populações em estudo.

De acordo com o resultados demonstrados na Tabela 7, pode-se afirmar que para todas as 5 características a intensidade de seleção mais vantajosa para se obter ganhos genéticos é a seleção de 45%, entre, e 20% dentro, tendo em sequência a segunda melhor a seleção de 73% entre e 12% dentro, e por fim, a menos vantajosa a seleção de 100% entre e 10% dentro.

Destaca-se a característica produção, que na situação mais favorável apresentou ganho de 10,46%, enquanto na menos favorável um ganho de 5,08%. Vale ressaltar que a característica tamanho de fruto também demonstrou uma significativa diferença. Na condição mais favorável, que foi a de intensidade de seleção de 45% entre e 20% dentro, atingiu um ganho de 14,64%, em contrapartida a situação com intensidade de seleção de 100% entre e 10% dentro houve uma redução para 7,88% de ganho.

Um dos grandes desafios no programa de melhoramento de café Conilon é o aumento de alelos favoráveis nas populações de trabalho, com acréscimo da variabilidade genética e com as possibilidades de cruzamentos compatíveis.

Diante do exposto, considerando as características genéticas da espécie, da importância de manutenção de maior número de progênes divergentes e de seleção de indivíduos menos aparentados e consequentemente compatíveis, que viabilizem os cruzamentos em campo de recombinação genética, sugere-se a necessidade de analisar qual a intensidade de seleção mais adequada no programa de melhoramento genético em desenvolvimento.

Salienta-se, que com menores intensidades de seleção entre famílias de meios-irmãos, obtiveram-se maiores ganhos de seleção para todas as 5 características observadas. Contudo, para a espécie é temeroso o estreitamento da base genética, visto que pesquisas confirmam a existência de autoincompatibilidade na espécie e ainda ratificam que o fenômeno é governado por poucos alelos.

A impossibilidade de autofecundação, a não fecundação entre flores da mesma planta, a deficiência nos cruzamentos quando se utilizam materiais genéticos aparentados são as principais particularidades impostas pela autoincompatibilidade na cultura do café Conilon. Assim, estudos prévios relativos à compatibilidade genética devem ser realizados com os materiais genéticos e em processo de melhoramento.

Por outro lado, por ser uma espécie perene, o tempo necessário para um ciclo de seleção recorrente é longo e moroso, portanto de acordo com a habilidade e conhecimento do melhorista responsável pelo programa de melhoramento, pode-se adotar uma intensidade de seleção mais contundente e conseqüentemente eliminar famílias inferiores possibilitando ganhos mais robustos. Uma estratégia para o caso da constatação do estreitamento da base genética seria a introgressão na população de progênies tardias superiores, previamente identificadas no programa de melhoramento no período de 1998 a 2012.

Vale destacar, que as plantas selecionadas neste trabalho serão trabalhadas por duas estratégias de melhoramento no programa de pesquisa do Incaper: serão recombinadas em campo isolado para compor novo ciclo de seleção recorrente e paralelamente clonadas para serem avaliadas em ensaios de competição em diferentes ambientes do Estado do Espírito Santo. Assim, no campo isolado com as 11 famílias de meios-irmãos, serão marcadas as plantas selecionadas e eliminadas as demais plantas, para a ocorrência de recombinação natural somente entre as progênies selecionadas. Posteriormente, serão coletadas a mesma quantidade de semente em cada planta de cada família de meios-irmãos para compor o material genético do próximo ciclo de seleção (multiplicação sexuada). Tais plantas serão também preparadas para produção de ramos para serem retirados em quantidades suficientes para produção de mudas clonais (multiplicação assexuada por estaquia) visando aumentar a frequência de alelos favoráveis na população. Para não proporcionar a redução do tamanho efetivo da população será avaliada a divergência genética dos materiais selecionados, com objetivo de fundamentar as estratégias de melhoramento para o próximo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional.

4. CONCLUSÕES

1) Para as características PROD, MAT e TF, a população estudada apresentou significativa variabilidade genética, e potencial em responder à seleção.

2) O método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foi eficiente para o aumento da frequência de alelos favoráveis, proporcionando ganhos consideráveis, para característica PROD e TF.

3) A intensidade de seleção que determinou maior ganho genético foi a de 45% entre e 20% dentro, contudo devido a presença de autoincompatibilidade da espécie somado ao número restrito de famílias de meios-irmãos, sugere-se a utilização da intensidade de seleção com maior probabilidade de seleção de progênies contrastantes e geneticamente compatíveis.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo, SP: Edgard Blucher, 1971, 381p.

BORÉM, A. & MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6 ed. Viçosa, MG: UFV, 2009, 523p.

CRUZ, C.D. & CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. v. 2, 586 .

CRUZ, C.D. **Programa Genes - Biometria**. Viçosa, MG: UFV, 2008. 311p.

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

DUDA, L.L. **Seleção genética de árvores de *Pinus taeda* L. na região de Arapoti, Paraná**. 2003. 61p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR.

ESKES, A.B. & COSTA, W.M. Characterization of incomplete resistance to *Hemileia vastatrix* in the Icatu coffee population. **Euphytica**, v. 32, p. 649-657, 1983.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Silva, M.a. e SILVA, J.C. Viçosa, MG: UFV, 1981. 279p.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman, 1989. 438 p.

FEITOSA, L.T. **Carta agroclimática do Espírito Santo**. Vitória, ES: EMCAPA, 1986. (Mapa).

FERRÃO, M.A.G.; FERRÃO, R.G.; FONSECA, F.A.da.; FILHO, A.C.V.; VOLPI, S.P. Origem, Dispersão Geográfica, Taxonomia e Diversidade Genética de *Coffea canephora*. In: FERRÃO, R.G.; FONSECA, F.A. da.; BRAGANÇA, S.M.; FERRÃO, M.A.G.; MUNER, L.H. de. (Eds.). **Café Conilon**. Vitória, ES: Incaper, 2007, p. 67-81.

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

FERRÃO, R.G.; FONSECA, F.A. da.; FERRÃO, M.A.G.; FILHO, A.C.V.; VOLPI, S.P.; DE MUNER, L.H.; LANI, J.A; PREZOTTI, L.C.; VENTURA, J.A.; MARTINS, D.S.; MAURI, A.L.; MARQUES, E.M.G.; ZUCATELI, F. **Café conilon: Técnicas de produção com variedades melhoradas**. Vitória, ES: Incaper, 2012, 74p.

FONSECA, A.F.A da. Propagação assexuada de *Coffea canephora* no Estado do Espírito Santo. In: PAIVA, R. (Ed.). **Workshop sobre avanços na propagação de plantas lenhosas**. Lavras, MG: UFLA, 1996. p. 31-34.

FONSECA, A.F.A. da. **Análises biométricas em café Conillon (*Coffea canephora* Pierre)**. 1999. 121p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1999.

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

GUERREIRO FILHO, O. Características utilizadas para a identificação de cultivares de café. In: CARVALHO, C.H.S. de (Eds.). **Cultivares de café: origem, características e recomendações**. Brasília, DF: Embrapa-Café, 2008, p. 141-155.

IVOGLO, M.G. **Divergência genética entre progênies de café robusta**. 2007. 75p. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, SP, 2007.

MARTINS, I.S.; MARTINS, R.C.C.; CORREA, H.S. de; Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. **Revista Floresta e Ambiente**, v. 8, n. 1, p. 36-43, 2001.

MARTINS, I.S; CRUZ, C.D.; ROCHA, M.G.B.; REGAZZI, A.J.; PIRES, I.E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Cerne**, v. 11, n. 1, p. 16-24, 2005.

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

OLIVEIRA C.M. **Estimativa de parâmetros genéticos em três grupos de genótipos de Café Conilon selecionados no Sul do Estado do Espírito Santo**. 2010. 92p. Dissertação (Mestrado em Produção vegetal) – Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, ES. 2010.

PINTO JÚNIOR, J.E. **REML/BLUP para análise de múltiplos experimentos no melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* W. Hill Ex Maiden**. 2004. 113p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, 2004.

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

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

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

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

SÁ, R.O. **Variabilidade genética entre progênes de meios irmãos de nabo-forrageiro (*Raphanus sativus* L. var. *Oleiferus*) cultivar CATI AL 1000**. 2005. 69p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Agricultura) - Universidade Estadual Paulista, Botucatu, SP, 2005.

SILVA, M.A. **Melhoramento animal**. Viçosa-MG: UFV, 1982. 51p.

VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 40 p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Eds.) **Melhoramento e produção do milho**. Campinas, SP: Fundação Cargil, 1987. P. 137-214.

CAPÍTULO 2

ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE CAFÉ CONILON

RESUMO

VICENTINI, Victor Bernardo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2013. **Estimativa da diversidade genética em progênies de meios-irmãos de café Conilon.** Orientador: Aluizio Borém de Oliveira. Coorientadora: Maria Amélia Gava Ferrão.

Os programas de melhoramento genético com café Conilon têm voltado atenção especial para obtenção de variedades produtivas e que proporcionem produto de melhor qualidade. Nesse contexto, analisou-se a diversidade genética de 100 progênies selecionadas para a característica produção oriundas de um primeiro ciclo de seleção recorrente, provenientes de 11 famílias de meios-irmãos formadas por genótipos de maturação tardia de *Coffea canephora*, variedade Conilon, do programa de melhoramento genético do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). As características avaliadas e utilizadas para a realização do estudo foram: a) produção de grãos (PROD); b) época de maturação dos frutos (MAT); c) tamanho de fruto (TF); d) uniformidade de maturação (UMAT) e e) reação a ferrugem (FE). Para a análise de diversidade genética utilizou-se a técnica de variável canônica com base nas distâncias de Mahalanobis (D^2), possibilitando a inferência a respeito da amplitude da base genética existente na população de meios-irmãos alvo de seleção, de forma a se verificar a adequação da constituição desta, bem como conhecer a possibilidade de redução do número de progênies, sem prejuízo acentuado de sua base genética, além disso, fundamentar as estratégias de melhoramento para o próximo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional. Puderam-se perceber materiais dissimilares com potencial para hibridações significativas. Em relação à dissimilaridade entre todas as progênies selecionadas, observou-se discreto distanciamento entre as mesmas, indicando ser necessária a introdução de materiais em posteriores ciclos de seleção recorrente, com intuito de aumentar a variabilidade genética da população.

ABSTRACT

VICENTINI, Victor Bernardo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, October, 2013. **Estimation of genetic diversity in half-sib progenies of coffee Conilon.** Adviser: Aluizio Borém de Oliveira. Co-adviser: Maria Amélia Gava Ferrão.

The breeding programs for Conilon coffee have focused in getting high yield varieties with better quality coffee. In this context, it was analyzed the genetic diversity of 100 selected progenies with high yield from a first cycle of recurrent selection provenient of 11 half siblings families formed by late-maturing genotypes of *Coffea canephora*, Conilon variety of program genetic improvement of Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER). The evaluated traits were: a) yield (YD), b) time to fruit maturation (MAT) c) fruit size (FS) d) uniformity of fruit maturation (UMAT) and e) reaction to rust (RR). For the analysis of genetic diversity, it was used the Mahalanobis distances (D^2), allowing inference about the magnitude of the genetic basis of the existing population of target siblings selection in order to verify the adequacy of this constitution, as well as knowing the possibility of reducing the number of progeny, with no significant loss of its genetic basis, moreover to give reasons for the improvement strategies for the next cycle of intrapopulation recurrent selection. It could be perceived dissimilar materials with potential for significant hybridizations. Regarding the dissimilarity between all selected progenies, there was slight gap between them, indicating the introduction of materials in later cycles of recurrent selection be necessary, in order to increase the genetic variability of the population.

1. INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento de plantas a informação quanto à diversidade genética dentro de uma espécie é essencial para o uso racional dos recursos genéticos (Loarce et al., 1996). Portanto, estudos sobre a diversidade genética vêm sendo utilizados com frequência no auxílio a programas de melhoramento genético do cafeeiro proporcionando ao melhorista a seleção dos melhores indivíduos, em busca do aumento da frequência de alelos favoráveis.

Análise da diversidade genética por intermédio de técnicas biométricas tem como objetivos: definição de populações base para efeito de seleção, identificação de genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que também proporcionem maior segregação em recombinações, agrupamento de materiais genotipicamente ou fenotipicamente similares para a formação de variedades sintéticas e caracterização da variabilidade de recursos genéticos em bancos de germoplasma “in situ” e “ex situ”, entre outros. Segundo Ivoglo (2007) genótipos superiores são aqueles que apresentam variabilidade genética, que possuam bom comportamento “per se” e que apresentem médias elevadas para as características avaliadas, com alta adaptabilidade e estabilidade de comportamentos.

Vários métodos multivariados podem ser aplicados na predição da divergência genética, podendo-se citar a análise por componentes principais, por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. A escolha do método mais adequado deve ser realizada em função da precisão desejada, da facilidade de análise e da forma com que os dados foram obtidos (Cruz et al., 1994).

Quando se estuda a diversidade genética pelo método das variáveis canônicas, objetiva-se a simplificação estrutural dos dados amostrais, de forma que diferenças entre tratamentos, em princípio influenciadas por um conjunto maior de variáveis, possam ser avaliadas em espaços bidimensionais ou tridimensionais de fácil interpretação geométrica, o que possibilita a identificação de grupos similares em estudos de divergência genética (Cruz, 1990; Cruz et al., 2004).

Neste trabalho, analisou-se a diversidade genética de 100 progênies selecionadas para a característica produção oriundas de um primeiro ciclo de seleção recorrente, provenientes de 11 famílias de meios-irmãos formadas por genótipos de maturação tardia de *C. canephora*, variedade Conilon, do Programa de Melhoramento Genético de Café Conilon do Incaper/ES, com base em procedimentos multivariados.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Descrição dos materiais

Foi estudado a divergência genética de 100 progênies de café Conilon, selecionadas pela característica produção, de uma população composta de 11 famílias de meios-irmãos do programa de melhoramento genético do Incaper.

A descrição do experimento de avaliação das 11 famílias de meios-irmãos e das características avaliadas estão nos itens 2.1 2.2 do capítulo 1 desta tese.

2.2 Análises de divergência genética multivariada

Foi utilizada a análise multivariada, aplicando-se a técnica de agrupamento de variáveis canônicas. Usou-se como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis, de acordo com as características produção (PROD), maturação (MAT), tamanho de fruto (TF), uniformidade de maturação (UMAT) e reação a ferrugem (FE).

Na análise de variáveis canônicas, a diversidade genética foi evidenciada por meio de gráfico cartesiano, sendo os eixos representados pelas primeiras variáveis canônicas (Cruz et al., 2004). Adicionalmente, foi quantificada a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética, por meio das distâncias generalizadas de Mahalanobis, utilizando o critério proposto por Singh (1981). Todas as análises foram estimadas com auxílio do programa GENES (Cruz, 2008).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Dissimilaridade genética estimada pela distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$)

Na Tabela 3A (Apêndice), encontram-se os resultados das medidas de dissimilaridade baseada na distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Pode se observar que as maiores distâncias envolveram as progênies: FMI 1-12 x FMI 8-19; FMI 4-69 x FMI 8-19; FMI 1-12 x FMI 5-26; FMI 5-57 x FMI 8-19; FMI

1-12 x FMI 3-53; FMI 1-12 x FMI 10-78; FMI 4-69 x FMI 5-26; FMI 4-120 x FMI 8-19; FMI 4-69 x FMI 10-78 e FMI 1-13 x FMI 8-19 com as distâncias de 27,722; 25,006; 22,167; 21,220; 21,082; 19,556; 19,033; 19,004; 18,871 e 18,717, respectivamente.

Os pares menos divergentes foram: FMI 1-39 x FMI 3-74; FMI 2-17 x FMI 5-117; FMI 4-29 x FMI 4-66; FMI 4-88 x FMI 4-123; FMI 3-72 x FMI 8-74; FMI 3-22 x FMI 9-53; FMI 5-28 x FMI 5-115; FMI 4-123 x FMI 10-46; FMI 9-43 x FMI 10-75 e FMI 2-17 x FMI 3-22, tendo as distâncias de 0,014; 0,031; 0,041; 0,058; 0,079; 0,080; 0,093; 0,110; 0,121 e 0,136, respectivamente.

O par com as progênies FMI 1-12 e FMI 8-19, provenientes dos clones 139 e 21+21, respectivamente, mostraram-se como as mais dissimilares, com $D^2_{ii'}$ igual a 27,722, e, as progênies FMI 1-39 e FMI 3-74, oriundas dos clones 139 e 76/2, respectivamente, como as mais similares, com $D^2_{ii'}$ igual a 0,014.

As progênies FMI 8-19; FMI 1-12; FMI 4-69; FMI 8-24; FMI 5-71; FMI 10-78; FMI 5-26; FMI 3-53; FMI 5-57 e FMI 2-32 destacaram-se como as mais dissimilares entre as 100 progênies, com as seguintes distâncias de Mahalanobis médias (DMM): 9,850; 9,478; 8,168; 6,771; 6,261; 6,189; 6,159; 6,036; 5,956 e 5,669.

Verifica-se que as combinações mais divergentes envolveram os progenitores 8 (clone 21+21), 1 (clone 139), 4 (clone 45), 5 (clone 153), 10 (clone 99), 3 (clone 76/1) e 2 (clone 76/1). As progênies recombinadas dos progenitores 6 (clone 80), 7 (clone 79), 9 (clone 106) e 11 (clone 25+8) não estiveram entre os mais divergentes.

A progênie FMI 8-19 destacou-se como uma das mais dissimilares de todas, com DMM = 9,850; estando envolvida em 5 das 10 maiores distâncias registradas, além de apresentar, também, a distância de magnitude mais elevada, verificada com a progênie FMI 1-12. A progênie FMI 1-12 apresentou-se como a segunda mais dissimilar, com DMM = 9,478, estando envolvida em 4 das 10 distâncias mais dissimilares registradas, apresentando, além da primeira a terceira maior distância, observada com a progênie FMI 5-26. As progênies FMI 9-43 e FMI 10-75 mostraram-se como as mais similares, com DMM de 2,084 e 2,047, respectivamente, sendo a progênie FMI 4-123 envolvida em 2 das 10 menores distâncias estimadas (Tabela 3A - Apêndice).

Em estudos entre 32 clones de café Conilon, componentes das três variedades clonais, EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131, objetivando a identificação dos mais divergentes utilizando como técnica de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis, em relação a 7 características, Fonseca (1999) constatou D^2 máximo de 87,742 e D^2 mínimo de 0,674. O mesmo autor, concluiu, como era de se esperar, que a maioria entre as maiores distâncias foi detectada entre pares de genótipos componentes de diferentes variedades clonais, ocorrendo apenas uma vez entre genótipos pertencentes à mesma variedade. Entre genótipos da variedade EMCAPA 8121 foram constatadas 9 entre as maiores distâncias. Em contrapartida, as menores distâncias entre genótipos não foram, necessariamente, observadas entre genótipos de uma mesma variedade, caracterizando assim o fato de que nem sempre os cruzamentos de maior interesse encontram-se entre germoplasma de variedades distintas.

Em análise de diversidade genética, também utilizando a distância generalizada de Mahalanobis entre progênies de meios-irmãos de *C. canephora* pertencentes a grupos distintos da espécie (Guineano e Congolês), Ivoglo (2007) observou dissimilaridade máxima de 19,65 e mínima de 1,17, com base em 14 características morfoagronômicas, dentre as características, destaca-se a produção. Enquanto, Ferrão (2004), estudando a dissimilaridade genética entre clones de café Conilon em dois locais, com base em 14 características, estimou distâncias D^2 de magnitudes variando de 1,28 a 211,70.

Dados conjuntos, mostram que a população em estudo apresentou menor divergência genética que os materiais genéticos de café Conilon estudados por Fonseca (1999) e Ferrão (2004).

Com base na Tabela 3A (Apêndice), dentre as 10 progênies com maiores dissimilaridades, com exceção das progênies FMI 2-32; FMI 3-53; FMI 4-69; FMI 5-26; FMI 8-19 e FMI 8-24, as demais são promissoras para hibridação, pois, além de considerável divergência genética, possuem bom potencial produtivo per si, além de outras características importantes, tais como: uniformidade de maturação, tamanho de fruto, época de maturação de frutos e certa resistência à ferrugem, conforme apresentado na Tabela 2A (Apêndice).

Apesar de a progênie FMI 8-19 mostrar-se como a mais divergente em relação às demais, deve-se ter cuidado ao elegê-la em um programa de melhoramento, por apresentar característica desfavorável, como tamanho de fruto. Contudo, para o presente estudo, a característica citada possui uma fração considerável da variância genotípica atribuída aos desvios de dominância.

Segundo Cruz et. al (2012), a existência de variância atribuída a dominância é desejável em programas que objetivam a exploração do vigor manifestado em combinações híbridas. Como existe relação biométrica entre a heterose e o grau médio da dominância, afirma-se que, na existência de variância associada aos desvios de dominância, a heterose se manifesta de maneira significativa. Portanto, a progênie FMI 8-19 pode ser de grande utilidade por possuir características de interesse, sendo recomendado o cruzamento da mesma com outra progênie divergente.

Algumas ressalvas devem ser destacadas em relação a um próximo ciclo de seleção recorrente, visto que a DMM envolvendo todas as progênies selecionadas foi de 3,844, portanto, pode ser interessante, no processo, a inclusão de alguns materiais fornecendo alelos favoráveis para população para posterior ciclo de seleção recorrente.

No entanto, valer salientar que a hibridação entre genótipos bem adaptados às condições locais é de grande importância no melhoramento. Neste sentido, Vello et al. (1972) constataram maior produção em muitas combinações híbridas entre clones locais de cacaueiros baianos, com aparente menor diversidade genética, do que entre híbridos oriundos de cruzamentos entre estes e clones “Trinitários” introduzidos.

Ainda assim, para a segurança do melhorista na utilização dos métodos de melhoramento genéticos em *C. canephora* envolvendo reprodução assexuada e sexuada, é interessante que ambos sejam conduzidos paralelamente, pois, enquanto os primeiros promovem estreitamento da base genética dos materiais obtidos, os últimos permitem a recombinação genética, recuperando a variabilidade e proporcionando a manutenção na população de genes que podem vir a ser considerados importantes em condições futuras (Charrier e Berthaud, 1988; Fonseca, 1999, Ferrão et al., 2007).

3.2 Estudo da divergência genética através das variáveis canônicas

Quando se estuda a diversidade genética pelo método das variáveis canônicas, tem-se como propósito a identificação de genótipos similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensional, possibilitando simplificar a interpretação dos resultados.

Na Tabela 10 são apresentadas as estimativas dos autovalores (λ_i) correspondentes às variáveis canônicas (VC_i), as variações acumuladas e os respectivos coeficientes de ponderação (autovetores) associados às variáveis originais. Constata-se que é necessária a utilização das duas primeiras variáveis canônicas para obtenção 80% da variação total, sendo assim, considerada de boa acurácia para a identificação de genótipos em gráficos de dispersão, conforme referendado por Cruz & Regazzi (1994). Dessa maneira, nesta etapa do trabalho, foi utilizado um gráfico de dispersão envolvendo as 2 primeiras variáveis canônicas (Figura 1).

Na Figura 1, diferencia-se visualmente, com suficiente clareza, o distanciamento dos genótipos 69 (FMI 8-19); 70 (FMI 8-24); 71 (FMI 8-27); 44 (FMI 5-57); 45 (FMI 5-71) e 20 (FMI 3-73), em relação aos demais, caracterizando assim a eficiência do método de discriminação para distinção destes genótipos como aqueles mais dissimilares da população.

Tabela 10. Estimativas dos autovalores (λ_i), da variação acumulada ($\lambda_i\%$) e dos coeficientes de ponderação relativos às variáveis canônicas obtidas com base nas 100 progênies selecionadas para a característica produção oriundas de 11 famílias de meios-irmãos de café Conilon.

VC _i	Auto-Valores	Variância acumulada	Coeficientes de Ponderação				
	(λ_i)	(%)	PROD ¹	MAT ²	TF ³	UMAT ⁴	FE ⁵
VC1	0,796	73,334	1,006	-0,054	-0,068	-0,034	-0,135
VC2	0,161	88,181	0,196	-0,125	-0,555	-0,023	0,832
VC3	0,099	97,297	-0,077	-0,372	0,836	-0,179	0,411
VC4	0,029	100,0	-0,058	0,885	-0,046	-0,554	0,257
VC5	0,0	100,0	0,053	-0,339	0,290	0,831	0,239
S _{.j} (%)	-	-	7,739	13,699	51,611	11,967	14,981

1/produção por planta (kg/planta), 2/época de maturação dos frutos (av), 3/tamanho de fruto (av), 4/uniformidade de maturação dos frutos (av), 5/reação à ferrugem (av).

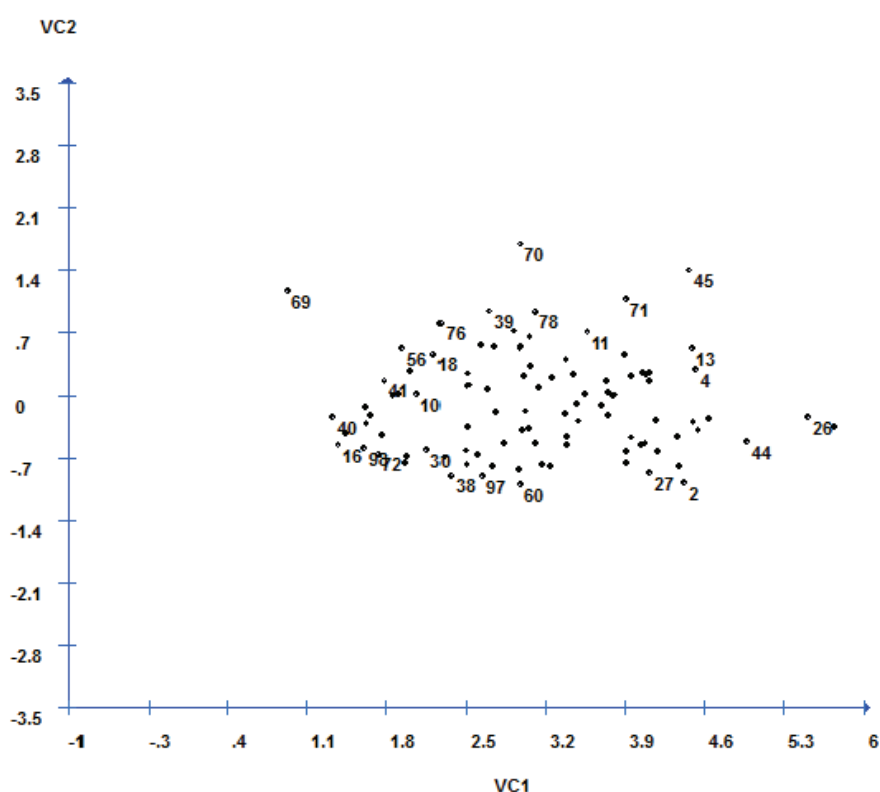


Figura 1 – Dispersão gráfica de 100 progênies de *Coffea canephora*, em relação à primeira (VC1) e à segunda (VC2) variáveis canônicas obtidas com base em 5 características agrônômicas.

Em contrapartida, observa-se também na Figura 1, a aglomeração da maioria das progênies no centro do gráfico, fato que leva a interpretação de que a diversidade genética é relativamente estreita. Espera-se, no entanto, que novas introduções de germoplasma possam vir a colaborar significativamente no próximo ciclo de seleção, pois cruzamentos entre genótipos divergentes propiciam a exploração de maior variabilidade na descendência.

De acordo com Fonseca (1999) a introdução da espécie no país ocorreu de forma muito restrita em relação ao número de materiais e aos locais de origem, pois, segundo consta, praticamente todo o material foi introduzido em uma única ocasião e, por seguinte, multiplicado e transferido para outras regiões do Espírito Santo, especialmente por produtores pioneiros que se transferiram das regiões centro serrana e sul para a região norte do Estado.

Deve-se salientar que este gráfico resultado, aliadas as outras técnicas de diversidade genética, são de grande importância no planejamento da continuidade do programa de seleção recorrente e também para a realização

de cruzamentos direcionados para a obtenção de híbridos, pois subsidiam a indicação de progenitores distintos a serem incluídos nos cruzamentos.

A identificação de progênies com alta divergência tem sido objetivo de muitos estudos em melhoramento vegetal, em virtude da recomendação, de diversos autores (Maluf & Ferreira, 1983; Carvalho, 1993; Cruz & Regazzi, 1994), de cruzá-las, visando maximizar a heterose manifestada nas progênies e aumentar a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas. Recomenda-se, também, evitar cruzamentos entre progenitores de mesmo padrão de similaridade, para que a variabilidade, indispensável em qualquer programa de melhoramento, não seja restrita, de modo a inviabilizar os ganhos a serem obtidos por seleção (Xavier, 1996).

Entretanto, deve-se evitar fazer a escolha dos progenitores, com base apenas em suas divergências, sem considerar seus desempenhos. Dessa maneira, o mais conveniente seria recomendar cruzamentos entre os progenitores divergentes, mas que também exibam bom desempenho.

Na seleção de progenitores de café Conilon, devem-se levar em consideração os estudos de divergência genética, as produtividades e a estabilidade de produção, associados a características de interesses para o produtor, indústria e consumidor (Ferrão, 2004)

Com resultados obtidos no presente trabalho, espera-se traçar a estratégia adequada visando ganhos genéticos significativos no melhoramento intrapopulacional. Leroy et al. (1991, 1993, 1994 e 1997), trabalhando com seleção interpopulacional com duas populações divergentes de *C. canephora* na Costa do Marfim (“Guineana” e “Congolense”), obteve expressivos ganhos genéticos em produtividade e em características relacionadas com a qualidade do café e resistência a doenças. Enquanto Charrier & Berthaud (1985) afirmaram ser possível a obtenção de híbridos em *C. canephora* com produtividades semelhantes ou superiores àquelas obtidas pelos melhores clones.

Os resultados obtidos nesses estudos, associados aos de Fonseca (1999), Fonseca et al. (2003), Ferrão (2004), poderão contribuir de forma satisfatória em futuros trabalhos de melhoramento genético da espécie.

3.3 Importância relativa das características e descarte de variáveis

A possibilidade de descartar características que pouco contribuem na discriminação do material genético avaliado, é extremamente interessante, visto que, segundo Pereira (1989), poderá proporcionar redução de mão-de-obra, tempo e custo despendido na experimentação. Dessa maneira, vários autores relatam a viabilidade de descarte de variáveis pela utilização de análises multivariadas em diferentes espécies, entre eles Dias et al. (1997), em cacau; Pereira (1989), em mandioca; Amaral Junior (1996), em tomate, e Fonseca (1999), Ferrão (2004) e Ivoglo (2007) em *C. canephora*.

Para avaliar a importância relativa das características, identificaram-se, nas últimas variáveis canônicas, as de menor importância para a divergência genética entre as progênies estimadas como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação são de maior magnitude, em valor absoluto, pois estas são responsáveis pela explicação de uma fração mínima da variância total disponível (Cruz & Regazzi, 1997; Cruz et al., 2004).

Conforme os resultados da Tabela 10 verificou-se que as características de menor importância em ordem de descarte de acordo com Cruz & Regazzi (1997) foram: UMAT na VC5; MAT na VC4; TF na VC3; FE na VC2; e PROD na VC1, por apresentarem os maiores coeficientes em valores absolutos. Segundo Singh (1981), os caracteres que proporcionaram maiores contribuições relativas para o estudo de divergência genética foram TF com 51,61%, FE com 14,98%, MAT com 13,69%, UMAT com 11,96% e PROD com 7,73%.

Embora o estudo indique a baixa importância da característica PROD, é notória a relevância da mesma para a seleção de genótipos, além disso, o número de características utilizadas no trabalho são poucas, conseqüentemente, todas tem seu peso para a discriminação das progênies.

4. CONCLUSÕES

1) As progênies FMI 9-43 e FMI 10-75 mostraram-se como as mais similares, com DMM de 2,084 e 2,047, respectivamente, enquanto as progênies FMI 8-19 e FMI 1-12, como as mais dissimilares, com DMM igual a 9,850 e 9,478, respectivamente.

2) A dispersão gráfica das progênies, obtida a partir das duas primeiras variáveis canônicas, mostrou-se eficaz na identificação dos genótipos mais divergentes.

3) Verificou-se reduzida base genética entre as progênies selecionadas. Este resultado, aliado a autoincompatibilidade genética da espécie, evidencia a necessidade de inclusão de novos materiais genéticos divergentes para garantir a recombinação e obtenção de ganhos genéticos contínuos.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMARAL JUNIOR, A.T. **Análise dialélica de betacaroteno, vitamina C, sólidos solúveis e produção e variabilidade em cultivares de tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill.) via marcadores RAPD.** 1996. 198p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1996.

CARVALHO, L.P. **Divergência genética e análise dialélica em *Gossypium hirsutum* L. var *latifolium* Hutch.** 1993 110p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1993.

CHARRIER, A. & BERTHAUD, J. Botanical classification of coffee. In: CLIFFORT, M.N., WILLSON, L.C. **Coffee - botany, biochemistry and production of beans and beverage.** Westport, Connecticut, USA: The AVI Publishing Company, Inc, 1985. p. 167-195.

CHARRIER, A. & BERTHAUD, J. Principles and Methods in coffee plant breeding: *Coffea canephora* Pierre. In: CLARKE, R.J.; MACRAE, R. (Eds.). **Coffea Agronomy.** London: Elsvier, 1988. v. 4, Cap. 5, p. 167-197.

CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, MG: UFV, 1997. 390p.

CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, MG: UFV, 1994. 390p.

CRUZ, C.D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas.** 1990. 188p. Tese (Doutorado Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP, 1990.

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

CRUZ, C.D., VENCOSKY, R., CARVALHO, S.P. Estudos sobre divergência genética. II. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, v. 41, n. 234, p. 191-201, 1994.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514p.

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

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

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

FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, F.A.da.; PACOVA, B.E.V. Melhoramento Genético de *Coffea canephora*. In: FERRÃO, R.G.; FONSECA, F.A. da.; BRAGANÇA, S.M.; FERRÃO, M.A.G.; MUNER, L.H. de. (Eds.). **Café Conilon**. Vitrória, ES: Incaper, 2007, p. 122-173.

FONSECA, A.F.A. da. **Análises biométricas em café Conillon (*Coffea canephora* Pierre)**. 1999. 121p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1999.

FONSECA, A.F.A. da.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D.; SAKIYAMA, N.S.; FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; BRAGANÇA, S.M. Análise de repetibilidade em café conilon. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 3., 2003, Porto Seguro. **Anais...** Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ – Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café. 2003. p. 214.

LEROY, T.; CHARMETANT, P.; YAPO, A. Application de la sélection récurrente réciproque au caféier *Coffea canephora* Pierre: premiers résultats du programme réalisé en Côte d'Ivoire. **Café Cacao Thé**, v. 35, n. 2, p. 95-103, 1991.

LEROY, T.; MONTAGNON, C.; CHARRIER, A.; ESKES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. I. Characterization and evaluation of breeding populations and value of intergroups hybrids. **Euphytica**, v. 67, n. 1, p. 113-125, 1993.

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

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

LOARCE, Y.; GALLEGO, R.; FERRER, E. A comparative analysis of the genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers. **Euphytica**, v. 88, p. 107-115, 1996.

MALUF, W.R. & FERREIRA, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). **Horticultura Brasileira**, v. 1, n. 2, p. 31-34, 1983.

PEREIRA, A.V. **Utilização da análise multivariada na caracterização de germoplasmas de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz.)**. 1989. 180p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP, 1989.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**. v. 41, n. 1, p. 237-245, 1981.

VELLO, F., GARIA, J.R., MAGALHÃES, W.S. Produção e seleção de cacauzeiros híbridos na Bahia. **Revista Theobroma**, v. 2, n. 3, p. 15-35, 1972.

XAVIER, A. **Aplicação de análise multivariada da diversidade genética no melhoramento de *Eucalyptus* spp.** 1996. 126p. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1996.

APÊNDICE

Tabela 1A. Valores de acurácia seletiva para diversos coeficientes de variação relativa (CV_r) sob diferentes números de repetições (b)

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

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

Tabela 2A. Relação das famílias e das progênes selecionadas de cada uma, para característica produção.

Tratamento	Família	Progênie	PROD	MAT	TF	UMAT	FE
1	1	FMI 1-12	4,458	4,667	5,333	1,333	3,167
2	1	FMI 1-13	5,192	4,667	4,500	1,167	2,500
3	1	FMI 1-27	4,050	4,500	4,333	1,083	2,833
4	1	FMI 1-32	4,258	4,500	4,333	1,250	3,500
5	1	FMI 1-39	3,967	4,500	3,833	1,167	3,167
6	2	FMI 2-11	3,290	4,600	3,200	1,292	2,900
7	2	FMI 2-16	3,917	4,667	4,000	1,083	3,500
8	2	FMI 2-17	3,980	4,667	2,833	1,333	3,167
9	2	FMI 2-19	4,883	4,833	3,500	1,250	3,500
10	2	FMI 2-32	4,277	5,000	2,500	1,583	3,167
11	3	FMI 3-11	4,283	4,000	3,500	1,083	3,500
12	3	FMI 3-22	4,125	4,667	3,000	1,250	3,167
13	3	FMI 3-33	5,608	4,667	4,333	1,417	3,833
14	3	FMI 3-49	4,625	4,833	3,333	1,167	3,500
15	3	FMI 3-51	4,033	4,500	2,333	1,167	2,500
16	3	FMI 3-53	4,167	4,667	2,167	1,000	2,500
17	3	FMI 3-66	4,275	4,500	3,333	1,167	3,167
18	3	FMI 3-71	4,492	4,333	2,500	1,333	3,250
19	3	FMI 3-72	5,233	4,667	4,167	1,250	2,833
20	3	FMI 3-73	4,470	4,400	3,000	1,100	3,500
21	3	FMI 3-74	4,200	4,500	3,833	1,167	3,167
22	3	FMI 3-86	5,625	4,500	4,000	1,333	2,500
23	4	FMI 4-27	4,842	4,250	4,333	1,250	2,833
24	4	FMI 4-29	4,933	4,167	4,000	1,127	3,250
25	4	FMI 4-66	5,942	4,667	4,167	1,500	2,500
26	4	FMI 4-69	6,217	4,667	2,667	1,500	2,500
27	4	FMI 4-73	6,100	4,600	3,600	1,200	2,500
28	4	FMI 4-76	6,158	4,667	4,333	1,167	2,833
29	4	FMI 4-78	6,967	4,833	4,000	1,250	3,500
30	4	FMI 4-79	6,767	4,500	4,667	1,083	3,167
31	4	FMI 4-88	5,917	4,333	4,667	1,167	2,833
32	4	FMI 4-92	4,910	4,200	4,200	1,100	2,833
33	4	FMI 4-107	5,033	4,833	4,000	1,083	2,833
34	4	FMI 4-109	4,742	4,500	3,167	1,250	3,500
35	4	FMI 4-120	4,558	4,833	4,000	1,167	2,500
36	4	FMI 4-121	6,008	4,667	3,833	1,250	2,833
37	4	FMI 4-123	5,367	4,667	4,167	1,083	2,833
38	5	FMI 5-13	4,250	5,000	3,000	1,100	2,500
39	5	FMI 5-25	4,267	4,500	2,833	1,400	3,833
40	5	FMI 5-26	5,483	4,667	2,167	1,000	2,833
41	5	FMI 5-28	4,267	4,667	2,333	1,200	3,167
42	5	FMI 5-37	4,133	4,500	4,333	1,200	2,500
43	5	FMI 5-49	4,092	5,000	2,500	1,333	2,500
44	5	FMI 5-57	4,467	4,667	3,333	1,083	3,500
45	5	FMI 5-71	4,310	4,600	4,800	1,200	2,900

Continua...

Tratamento	Família	Planta	PROD	MAT	TF	UMAT	FE
46	5	FMI 5-89	4,508	4,500	4,167	1,333	4,500
47	5	FMI 5-91	6,500	4,333	3,667	1,250	2,833
48	5	FMI 5-114	4,550	4,500	3,500	1,167	3,500
49	5	FMI 5-115	5,825	4,667	3,667	1,333	3,167
50	5	FMI 5-117	4,142	4,667	2,500	1,167	3,300
51	5	FMI 5-126	4,325	4,667	2,833	1,333	3,167
52	5	FMI 5-132	4,567	4,600	4,200	1,417	3,000
53	6	FMI 6-24	6,508	4,833	3,333	1,250	2,833
54	6	FMI 6-25	5,775	4,500	2,500	1,083	3,500
55	6	FMI 6-30	5,542	4,833	3,667	1,333	2,833
56	6	FMI 6-31	6,008	4,667	3,000	1,500	2,500
57	6	FMI 6-33	5,692	4,667	3,500	1,083	2,833
58	6	FMI 6-34	5,892	4,333	3,667	1,300	3,167
59	6	FMI 6-38	5,175	4,667	3,667	1,100	3,500
60	6	FMI 6-51	5,250	4,400	3,600	1,127	2,500
61	7	FMI 7-6	4,500	4,667	3,333	1,250	2,250
62	7	FMI 7-16	6,117	4,667	4,000	1,083	3,167
63	7	FMI 7-20	4,983	4,167	3,167	1,167	3,500
64	7	FMI 7-24	4,275	4,500	2,833	1,333	3,500
65	7	FMI 7-35	5,808	4,500	3,667	1,333	3,167
66	7	FMI 7-43	4,317	4,333	3,833	1,167	3,500
67	8	FMI 8-13	5,158	4,667	3,667	1,167	2,833
68	8	FMI 8-17	5,617	4,667	3,667	1,167	3,500
69	8	FMI 8-19	4,633	3,833	2,833	1,333	4,167
70	8	FMI 8-24	5,900	4,667	2,500	1,083	2,500
71	8	FMI 8-27	5,175	4,667	3,000	1,167	2,583
72	8	FMI 8-29	7,000	4,667	4,167	1,167	2,833
73	8	FMI 8-31	5,783	4,667	4,167	1,250	2,833
74	8	FMI 8-72	5,067	4,500	3,833	1,250	2,833
75	8	FMI 8-74	4,842	4,667	3,833	1,250	2,833
76	8	FMI 8-83	4,660	4,400	4,000	1,400	3,612
77	9	FMI 9-13	4,992	4,667	2,667	1,250	3,833
78	9	FMI 9-17	5,183	4,833	3,333	1,250	4,167
79	9	FMI 9-19	4,983	4,833	2,500	1,250	3,167
80	9	FMI 9-27	5,450	4,833	3,333	1,417	2,500
81	9	FMI 9-34	5,917	4,667	3,000	1,250	2,833
82	9	FMI 9-37	4,725	4,667	3,333	1,167	2,833
83	9	FMI 9-43	7,108	4,500	2,833	1,167	2,833
84	9	FMI 9-53	5,508	4,500	3,333	1,250	2,833
85	10	FMI 10-12	4,700	4,667	4,167	1,083	3,500
86	10	FMI 10-21	4,683	4,667	3,000	1,083	2,833
87	10	FMI 10-46	5,583	4,167	4,167	1,083	2,833
88	10	FMI 10-58	5,083	4,667	4,000	1,417	3,500
89	10	FMI 10-67	5,058	4,667	3,000	1,417	3,167
90	10	FMI 10-70	4,658	4,167	3,000	1,333	3,167
91	10	FMI 10-72	5,192	4,667	2,000	1,083	2,833
92	10	FMI 10-75	4,758	4,833	3,500	1,417	3,700
93	10	FMI 10-78	5,525	4,500	4,000	1,167	2,500

Continua...

Tratamento	Família	Planta	PROD	MAT	TF	UMAT	FE
94	11	FMI 11-8	4,075	4,667	2,000	1,500	2,500
95	11	FMI 11-11	4,008	4,500	4,333	1,417	2,833
96	11	FMI 11-25	4,900	5,000	3,250	1,377	3,833
97	11	FMI 11-48	4,617	4,833	2,333	1,167	2,833
98	11	FMI 11-52	3,975	5,000	3,167	1,167	2,500
99	11	FMI 11-55	5,267	4,667	2,333	1,167	2,500
100	11	FMI 11-64	4,033	4,667	4,000	1,250	2,833

1/produção por planta (kg/planta), 2/época de maturação dos frutos (av), 3/tamanho de fruto (av), 4/uniformidade de maturação dos frutos (av), 5/reação a ferrugem (av).

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação a 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
	Progênie	FMI 4-29	FMI 4-30	FMI 4-64	FMI 4-66	FMI 4-67	FMI 4-68	FMI 4-69	FMI 4-72	FMI 4-73	FMI 4-76	FMI 4-78	FMI 4-79	FMI 4-80	FMI 4-81	
1	FMI 4-27	0,777	0,759	1,807	1,985	0,970	2,858	7,366	4,229	2,414	1,241	3,543	1,772	3,854	4,992	
2	FMI 4-29		0,042	2,941	3,989	0,606	2,270	7,364	3,980	2,233	1,443	2,758	1,506	2,825	4,507	
3	FMI 4-30			2,708	4,195	0,486	2,115	7,801	3,944	2,528	1,658	3,171	1,823	2,762	4,515	
4	FMI 4-64				5,039	4,090	3,803	14,703	8,196	6,441	2,698	5,530	2,390	6,144	9,481	
5	FMI 4-66					3,746	4,057	4,047	3,807	2,321	2,109	3,317	3,921	5,227	4,374	
6	FMI 4-67						2,482	5,994	2,507	1,907	2,174	4,236	3,283	2,242	2,944	
7	FMI 4-68							6,698	2,254	2,966	2,050	1,956	3,393	1,368	2,742	
8	FMI 4-69								2,804	2,711	6,222	5,237	9,408	5,589	2,422	
9	FMI 4-72									1,229	2,978	3,776	5,867	0,778	0,057	
10	FMI 4-73										1,074	2,009	2,688	1,548	1,370	
11	FMI 4-76											1,243	0,597	2,085	3,549	
12	FMI 4-78												1,715	2,934	4,061	
13	FMI 4-79													3,971	6,570	
14	FMI 4-80														0,993	
15	FMI 4-81															
16	FMI 4-83															2,360
17	FMI 4-85															2,612
18	FMI 4-88															6,274
19	FMI 4-92															4,537
20	FMI 4-95															2,418
21	FMI 4-97															0,595
22	FMI 4-107															2,085

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênes selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
	Progênie	FMI 4-83	FMI 4-85	FMI 4-88	FMI 4-92	FMI 4-95	FMI 4-97	FMI 4-107	FMI 4-109	FMI 4-113	FMI 4-120	FMI 4-121	FMI 4-123	FMI 4-129	FMI 4-130
1	FMI 4-27	2,315	0,758	0,474	0,436	1,479	3,036	2,542	3,450	3,994	2,130	1,676	1,556	1,119	1,347
2	FMI 4-29	1,082	0,604	1,136	0,318	0,958	2,225	2,087	1,894	3,769	2,554	1,638	1,264	0,981	0,471
3	FMI 4-30	1,052	0,468	1,295	0,327	0,742	2,133	2,082	1,966	3,675	2,453	1,884	1,326	0,790	0,466
4	FMI 4-64	6,273	3,133	1,550	2,343	1,819	6,169	3,751	7,204	7,666	3,665	4,654	2,820	2,915	4,257
5	FMI 4-66	5,308	3,209	2,547	3,531	4,512	4,234	4,001	4,620	3,438	2,899	1,605	3,364	2,980	3,858
6	FMI 4-67	0,393	0,140	2,110	0,592	1,499	1,320	2,139	1,847	2,495	1,922	1,810	1,622	0,721	0,802
7	FMI 4-68	3,049	1,712	3,638	2,904	0,735	1,268	1,190	1,333	1,466	1,546	1,729	1,538	0,648	1,897
8	FMI 4-69	5,466	6,151	8,832	7,897	9,153	4,209	6,691	3,683	2,779	6,037	3,331	6,879	6,080	5,979
9	FMI 4-72	2,175	2,095	5,449	3,892	3,846	0,417	1,624	1,857	0,283	1,194	1,541	2,278	2,064	3,703
10	FMI 4-73	1,698	1,646	2,572	2,012	3,567	1,245	1,399	2,015	1,787	1,369	0,318	1,191	2,221	2,714
11	FMI 4-76	2,791	1,474	0,733	1,118	1,845	2,216	0,824	2,940	3,187	1,071	0,479	0,324	1,670	2,465
12	FMI 4-78	4,402	3,502	2,988	3,516	2,900	3,077	2,086	2,090	3,359	3,067	0,972	1,868	2,808	2,860
13	FMI 4-79	3,983	2,629	0,612	1,385	2,300	4,286	2,088	4,324	6,004	2,946	1,765	1,114	2,957	2,973
14	FMI 4-80	1,771	1,627	4,361	2,837	2,308	0,283	0,435	1,729	1,147	0,780	1,543	1,023	1,627	3,230
15	FMI 4-81	2,360	2,612	6,274	4,537	4,569	0,595	2,085	1,898	0,391	1,726	1,841	2,816	2,611	4,101
16	FMI 4-83		0,676	3,356	1,263	2,418	1,035	2,221	1,511	2,490	2,403	2,061	1,915	1,502	1,322
17	FMI 4-85			1,665	0,470	0,963	0,995	1,318	1,819	2,076	1,118	1,352	0,946	0,369	0,952
18	FMI 4-88				0,618	2,084	4,087	2,467	4,597	5,529	2,498	1,783	1,299	2,223	2,419
19	FMI 4-92					1,356	2,380	1,821	3,046	4,087	1,901	1,665	0,939	1,240	1,321
20	FMI 4-95						2,061	1,562	2,148	3,150	1,953	2,276	1,305	0,442	1,146
21	FMI 4-97							0,892	1,010	0,538	0,914	1,270	1,310	0,994	2,151
22	FMI 4-107								2,380	1,971	0,350	1,028	0,205	1,355	2,986

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênies selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat	Progênie	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43
		FMI 4-136	FMI 6-15	FMI 6-21	FMI 6-22	FMI 6-24	FMI 6-25	FMI 6-30	FMI 6-31	FMI 6-32	FMI 6-33	FMI 6-34	FMI 6-38	FMI 6-44	FMI 6-51
1	FMI 4-27	1,024	9,042	8,731	5,272	4,447	8,789	2,467	5,328	7,595	3,288	1,453	3,185	0,613	1,764
2	FMI 4-29	1,525	7,821	6,473	2,947	3,686	5,419	2,680	5,794	6,187	2,074	1,025	1,516	0,531	1,356
3	FMI 4-30	1,330	7,967	6,691	2,951	4,078	5,776	2,834	6,148	6,359	2,282	1,301	1,598	0,504	1,487
4	FMI 4-64	2,903	16,295	15,120	7,988	8,739	14,489	5,543	11,634	14,730	6,565	5,275	5,055	1,881	5,536
5	FMI 4-66	2,936	7,199	8,626	7,119	3,300	10,115	1,493	2,388	7,116	4,390	2,074	5,234	2,569	3,184
6	FMI 4-67	0,715	5,868	5,116	3,269	3,615	5,411	2,407	4,614	4,243	2,013	1,432	2,180	0,992	0,800
7	FMI 4-68	2,042	5,938	5,392	1,242	2,824	5,287	1,381	5,219	5,983	2,122	2,415	0,824	0,962	2,897
8	FMI 4-69	6,689	1,274	2,777	6,003	1,958	4,710	2,644	0,224	1,757	4,190	3,358	6,247	6,767	4,074
9	FMI 4-72	1,889	2,270	1,889	2,750	1,289	3,865	0,953	2,178	1,658	1,182	2,855	2,347	2,863	1,402
10	FMI 4-73	1,745	4,059	3,034	3,494	0,600	3,855	0,720	1,897	2,664	0,547	1,117	1,983	1,845	0,372
11	FMI 4-76	1,426	8,093	6,635	3,952	2,034	6,533	1,187	4,551	6,624	1,375	1,454	1,647	0,648	1,298
12	FMI 4-78	4,155	6,731	5,667	2,497	1,377	4,533	1,328	4,126	6,529	1,844	1,493	1,299	1,844	3,036
13	FMI 4-79	2,996	11,688	9,433	5,133	3,903	7,956	3,153	7,470	9,762	2,724	2,256	2,363	1,264	2,705
14	FMI 4-80	1,554	4,583	2,717	1,739	1,714	3,493	1,469	4,649	3,331	0,548	3,044	0,918	1,921	1,332
15	FMI 4-81	2,509	1,742	1,354	2,787	1,216	3,348	1,209	2,023	1,186	1,276	3,100	2,604	3,497	1,633
16	FMI 4-83	1,456	4,739	3,271	2,628	3,016	3,389	2,752	4,585	2,824	1,333	1,758	1,862	1,838	0,614
17	FMI 4-85	0,303	6,152	5,284	2,988	3,197	5,688	1,818	4,612	4,641	1,655	1,458	1,697	0,516	0,737
18	FMI 4-88	1,811	11,332	10,060	6,205	4,599	9,520	3,024	6,658	9,376	3,344	1,984	3,346	0,936	2,204
19	FMI 4-92	0,864	8,888	7,349	4,407	4,057	7,003	2,797	6,094	6,709	2,207	1,606	2,286	0,631	1,053
20	FMI 4-95	1,481	8,687	7,632	2,353	4,537	6,884	2,635	7,206	7,844	2,809	2,374	1,270	0,397	2,734
21	FMI 4-97	1,167	3,241	2,229	1,533	1,580	3,182	1,099	3,345	2,291	0,677	2,116	1,069	1,602	0,909
22	FMI 4-107	1,069	6,778	4,770	2,558	1,986	5,175	1,292	5,256	5,295	0,735	2,627	0,904	1,019	1,279

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57
	Progênie	FMI 6-53	FMI 6-65	FMI 6-67	FMI 8-11	FMI 8-13	FMI 8-17	FMI 8-18	FMI 8-19	FMI 8-21	FMI 8-24	FMI 8-27	FMI 8-29	FMI 8-31	FMI 8-69
1	FMI 4-27	1,866	4,769	2,038	2,068	1,998	2,914	15,128	6,528	2,525	8,918	4,670	2,128	0,984	5,040
2	FMI 4-29	1,493	2,570	3,175	1,121	1,475	1,494	11,697	4,093	0,944	6,777	3,582	1,986	1,417	3,784
3	FMI 4-30	1,507	2,520	3,066	0,966	1,556	1,673	11,821	4,252	0,796	7,143	3,743	2,398	1,576	3,675
4	FMI 4-64	4,930	5,178	0,442	5,002	4,752	5,202	24,620	11,992	4,792	15,420	9,539	4,498	2,922	6,010
5	FMI 4-66	3,558	7,901	4,661	5,025	2,900	4,213	16,003	9,137	6,805	8,789	4,793	2,394	1,301	6,076
6	FMI 4-67	0,811	3,968	4,231	0,366	1,250	2,268	9,740	4,585	1,502	5,568	2,509	2,920	1,772	4,627
7	FMI 4-68	2,345	1,160	3,863	2,066	1,204	0,897	12,154	6,221	2,796	6,624	3,140	2,912	1,590	0,762
8	FMI 4-69	4,934	10,101	13,659	6,175	4,062	5,109	6,523	7,208	9,310	3,180	2,419	5,140	4,921	7,950
9	FMI 4-72	1,133	5,146	7,065	1,704	0,845	2,311	8,682	7,961	5,758	2,292	0,478	3,192	2,260	4,526
10	FMI 4-73	0,655	5,063	5,129	1,805	0,488	1,595	10,450	6,980	4,961	2,556	0,819	0,774	0,863	5,372
11	FMI 4-76	1,282	3,552	1,770	2,356	0,844	1,381	15,845	8,275	4,242	6,201	3,056	0,275	0,164	4,265
12	FMI 4-78	3,256	2,422	4,794	4,188	1,667	0,704	13,496	6,482	4,718	5,832	3,434	0,873	1,226	2,482
13	FMI 4-79	2,827	3,603	1,701	3,725	2,338	2,120	18,735	8,623	4,218	8,779	5,428	0,818	1,187	5,274
14	FMI 4-80	0,789	2,829	4,986	1,061	0,482	1,277	10,767	8,122	4,487	2,920	0,976	2,507	1,948	3,552
15	FMI 4-81	1,444	5,562	8,250	2,027	1,118	2,533	7,763	7,874	6,229	1,751	0,340	3,570	2,789	4,919
16	FMI 4-83	0,694	3,962	5,994	0,231	1,191	2,073	7,615	4,315	1,957	3,505	1,557	3,123	2,525	5,188
17	FMI 4-85	0,567	3,357	3,093	0,348	0,814	1,819	11,150	5,526	1,795	5,689	2,388	2,331	1,154	3,925
18	FMI 4-88	2,352	5,000	1,261	3,103	2,383	3,048	18,415	8,423	3,763	9,590	5,522	1,364	0,963	6,049
19	FMI 4-92	1,082	3,967	2,191	1,139	1,497	2,334	14,052	6,355	2,102	7,182	3,744	1,839	1,210	5,354
20	FMI 4-95	2,248	1,336	2,308	1,590	1,715	1,509	14,017	5,856	1,387	8,633	4,512	3,052	1,667	1,883
21	FMI 4-97	0,576	3,051	5,473	0,579	0,361	1,253	8,504	6,155	3,406	2,761	0,651	2,653	1,749	3,220
22	FMI 4-107	0,762	2,629	2,616	1,380	0,419	1,147	14,182	8,965	4,343	4,657	1,964	1,386	0,939	3,557

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71
	Progênie	FMI 8-71	FMI 8-72	FMI 8-74	FMI 8-77	FMI 8-79	FMI 8-83	FMI 8-86	FMI 8-90	FMI 8-95	FMI 9-13	FMI 9-16	FMI 9-17	FMI 9-19	FMI 9-25
1	FMI 4-27	2,705	0,796	1,268	2,197	4,737	1,394	1,998	3,786	3,996	7,556	4,396	6,320	8,133	9,187
2	FMI 4-29	2,321	0,893	1,405	2,271	2,596	1,508	1,630	2,527	2,347	4,900	2,360	4,099	6,094	6,452
3	FMI 4-30	2,174	0,956	1,404	2,094	2,614	1,485	1,457	2,498	2,284	5,066	2,269	4,214	6,261	6,480
4	FMI 4-64	4,440	3,601	3,617	4,648	7,228	3,292	4,224	8,196	7,959	12,132	6,605	8,469	13,543	13,815
5	FMI 4-66	3,474	1,655	1,850	3,457	6,785	2,485	3,192	5,103	5,733	8,117	6,863	7,220	7,509	10,166
6	FMI 4-67	1,969	0,715	1,104	1,144	3,432	2,118	1,266	1,396	1,555	4,915	2,363	5,117	5,123	5,403
7	FMI 4-68	0,206	1,430	0,921	1,673	1,497	1,567	0,409	2,307	1,770	2,986	1,016	1,481	3,721	4,083
8	FMI 4-69	5,264	4,059	4,248	5,326	6,823	6,395	5,084	3,425	4,150	4,254	6,649	6,638	2,637	5,303
9	FMI 4-72	1,125	1,532	1,080	0,726	4,375	4,470	1,666	0,661	1,128	3,193	2,038	4,157	1,616	2,107
10	FMI 4-73	2,047	0,681	0,821	1,370	4,511	3,585	2,340	1,409	2,023	4,101	2,850	4,604	3,097	4,063
11	FMI 4-76	1,860	0,702	0,748	1,811	4,334	2,450	2,221	3,252	3,503	5,918	3,122	4,450	5,933	6,691
12	FMI 4-78	2,199	1,879	1,819	3,877	2,522	2,453	2,576	3,853	3,550	3,405	2,835	1,901	4,250	5,589
13	FMI 4-79	3,695	2,000	2,333	3,937	4,961	3,114	3,846	5,404	5,378	7,630	4,377	5,380	8,675	9,251
14	FMI 4-80	0,735	1,530	1,002	0,628	3,385	4,329	1,535	0,890	0,994	3,119	0,748	3,088	2,332	1,867
15	FMI 4-81	1,516	1,947	1,508	1,133	4,537	5,070	2,075	0,642	1,127	2,889	2,195	4,229	1,200	1,722
16	FMI 4-83	2,338	1,241	1,617	1,377	3,326	3,456	1,855	0,713	0,894	3,768	1,763	4,749	3,723	3,589
17	FMI 4-85	1,288	0,428	0,599	0,674	3,290	1,863	0,901	1,433	1,570	4,901	1,988	4,584	5,008	5,223
18	FMI 4-88	3,646	1,395	1,888	3,145	5,794	2,423	3,334	5,125	5,384	8,832	5,177	6,953	9,498	10,405
19	FMI 4-92	2,668	0,862	1,335	1,802	4,405	2,333	2,207	2,920	3,117	6,764	3,254	5,918	7,265	7,489
20	FMI 4-95	1,136	1,394	1,289	1,981	2,100	1,246	0,849	3,104	2,556	4,945	1,721	3,052	6,304	6,325
21	FMI 4-97	0,555	0,950	0,646	0,387	2,763	3,234	0,840	0,281	0,405	2,553	0,789	2,988	1,896	1,902
22	FMI 4-107	0,828	1,081	0,657	0,744	3,796	3,517	1,636	1,949	2,077	4,594	1,418	3,553	4,143	3,897

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85
	Progênie	FMI 9-27	FMI 9-34	FMI 9-37	FMI 9-39	FMI 9-43	FMI 9-45	FMI 9-46	FMI 9-48	FMI 9-53	FMI 9-63	FMI 9-67	FMI 10-6	FMI 10-12	FMI 10-21
1	FMI 4-27	3,772	4,732	3,015	6,958	6,908	2,943	5,913	6,896	2,408	7,556	8,465	5,275	2,318	5,087
2	FMI 4-29	4,370	3,617	2,120	5,850	4,997	1,667	3,968	5,329	1,784	5,004	6,354	3,662	1,297	3,368
3	FMI 4-30	4,548	3,939	2,148	5,878	5,601	1,680	4,025	5,420	1,998	5,101	6,397	3,578	1,220	3,421
4	FMI 4-64	8,299	9,958	6,454	13,020	13,346	6,425	11,921	12,763	6,829	14,302	14,845	9,373	2,509	9,198
5	FMI 4-66	1,631	4,057	3,897	6,495	6,468	4,927	6,920	6,591	2,627	9,730	9,560	6,053	5,152	6,359
6	FMI 4-67	3,292	3,063	1,444	3,802	4,906	1,059	2,791	3,809	1,373	3,514	4,351	2,722	2,198	2,486
7	FMI 4-68	2,956	3,180	1,442	4,579	6,113	1,991	3,956	3,929	2,249	6,420	6,177	1,749	0,691	2,630
8	FMI 4-69	1,246	1,427	3,545	2,181	2,232	4,610	2,884	2,104	2,131	4,564	4,183	3,703	9,049	4,095
9	FMI 4-72	0,837	1,039	0,422	0,794	3,204	0,990	2,104	1,009	1,032	3,154	1,966	1,149	3,538	0,803
10	FMI 4-73	1,046	0,793	0,782	2,453	1,731	1,030	2,985	2,431	0,356	3,709	3,407	2,763	3,022	1,540
11	FMI 4-76	2,682	2,972	1,866	5,853	4,563	2,097	5,818	5,560	1,688	7,259	7,169	4,483	1,361	3,389
12	FMI 4-78	2,910	2,369	2,447	6,024	3,497	3,095	5,160	4,946	1,961	7,469	7,630	3,757	1,961	3,671
13	FMI 4-79	5,481	5,085	3,792	9,191	6,133	3,655	8,064	8,502	3,355	9,399	10,112	6,824	1,682	5,477
14	FMI 4-80	2,452	1,783	0,327	2,221	3,784	0,490	2,950	2,106	1,509	3,652	2,686	1,412	1,536	0,547
15	FMI 4-81	0,917	0,839	0,538	0,470	2,765	1,113	1,804	0,652	1,092	2,720	1,521	1,067	4,149	0,701
16	FMI 4-83	3,500	2,208	1,032	2,663	3,344	0,460	1,746	2,585	1,123	1,755	2,507	2,073	2,608	1,356
17	FMI 4-85	2,887	2,981	1,143	3,896	5,137	0,940	3,269	3,899	1,331	4,254	4,687	2,613	1,464	2,314
18	FMI 4-88	4,831	5,449	3,818	8,773	7,085	3,670	7,842	8,554	3,155	9,255	10,076	6,956	2,304	5,927
19	FMI 4-92	4,346	4,174	2,321	6,202	5,740	1,837	5,138	6,095	2,113	5,836	6,746	4,704	1,696	3,739
20	FMI 4-95	4,738	4,800	2,322	6,581	7,573	2,291	5,110	5,992	2,934	7,104	7,705	3,299	0,387	3,815
21	FMI 4-97	1,696	1,277	0,085	1,429	3,337	0,258	1,743	1,368	0,825	2,648	2,122	0,762	1,840	0,469
22	FMI 4-107	2,750	2,597	0,854	4,068	4,681	1,029	4,657	3,910	1,785	5,671	4,863	2,783	0,815	1,671

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
	Progênie	FMI 10-36	FMI 10-38	FMI 10-46	FMI 10-58	FMI 10-59	FMI 10-64	FMI 10-66	FMI 10-67	FMI 10-70	FMI 10-72	FMI 10-73	FMI 10-74	FMI 10-75	FMI 10-76	FMI 10-78
1	FMI 4-27	7,245	0,726	1,855	3,152	2,660	6,327	4,335	3,105	12,192	7,069	2,746	4,012	7,886	7,886	0,976
2	FMI 4-29	6,028	0,384	2,133	2,121	2,198	5,010	3,721	2,139	9,088	4,041	3,157	3,441	6,966	6,966	1,244
3	FMI 4-30	6,041	0,541	2,174	2,089	2,175	4,990	3,871	2,249	9,363	4,000	3,046	3,455	7,002	7,002	1,379
4	FMI 4-64	12,661	3,111	3,611	8,064	6,185	11,210	9,190	8,523	19,334	10,497	6,614	6,422	12,972	12,972	3,701
5	FMI 4-66	6,881	3,625	1,829	4,598	3,058	5,820	3,209	4,043	12,393	9,585	2,435	3,566	6,587	6,587	2,012
6	FMI 4-67	4,112	0,928	2,709	1,365	1,332	4,073	3,054	1,494	7,585	4,253	1,620	3,684	5,105	5,105	1,069
7	FMI 4-68	4,208	3,495	1,007	2,922	1,239	2,611	2,279	3,383	8,020	2,599	2,104	0,789	4,110	4,110	2,532
8	FMI 4-69	2,850	7,419	5,313	3,658	3,027	2,836	1,418	2,714	4,545	7,113	2,832	4,457	2,723	2,723	4,862
9	FMI 4-72	0,618	4,200	3,453	2,751	0,323	2,193	1,403	2,629	3,667	4,230	0,393	2,707	0,617	0,617	1,912
10	FMI 4-73	2,435	1,715	2,869	2,913	0,914	3,889	1,909	2,229	5,065	5,327	1,355	3,344	2,675	2,675	0,475
11	FMI 4-76	5,537	1,039	1,859	4,433	1,988	5,936	3,670	4,016	9,461	6,290	2,714	3,245	5,626	5,626	0,469
12	FMI 4-78	5,725	3,129	1,490	4,410	2,559	4,241	2,579	3,914	8,119	4,321	4,002	1,751	5,450	5,450	2,423
13	FMI 4-79	8,846	1,086	2,922	6,074	4,150	8,542	6,022	5,613	12,381	7,429	5,477	4,910	9,190	9,190	1,639
14	FMI 4-80	1,637	3,142	3,454	3,508	0,667	3,320	2,650	3,573	4,343	3,265	1,513	2,863	1,793	1,793	1,686
15	FMI 4-81	0,329	4,749	3,992	2,815	0,486	2,027	1,333	2,619	2,897	4,125	0,622	2,964	0,341	0,341	2,361
16	FMI 4-83	2,879	1,359	3,914	1,385	1,254	3,703	2,929	1,369	4,989	3,317	1,935	4,213	4,003	4,003	1,457
17	FMI 4-85	3,985	0,885	2,147	1,828	1,039	4,078	2,962	1,990	7,890	4,300	1,346	3,119	4,719	4,719	0,719
18	FMI 4-88	8,778	0,609	2,624	5,127	3,786	8,453	5,822	4,793	13,492	8,497	4,300	5,171	9,306	9,306	1,076
19	FMI 4-92	6,279	0,140	2,838	3,167	2,419	6,491	4,679	3,085	10,146	6,009	2,994	4,654	7,192	7,192	0,712
20	FMI 4-95	6,365	1,982	1,471	3,077	2,202	4,658	4,028	3,635	10,589	3,646	3,107	2,303	6,814	6,814	2,211
21	FMI 4-97	1,223	2,727	2,709	1,935	0,149	2,141	1,600	2,035	4,030	2,721	0,674	2,218	1,545	1,545	1,410
22	FMI 4-107	3,414	2,080	2,680	4,326	1,167	4,800	3,459	4,293	6,973	4,609	2,013	2,998	3,478	3,478	0,972

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênes selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37
	Progênie	FMI 4-113	FMI 4-120	FMI 4-121	FMI 4-123	FMI 4-129	FMI 4-130	FMI 4-136	FMI 6-15	FMI 6-21	FMI 6-22	FMI 6-24	FMI 6-25	FMI 6-30	FMI 6-31
23	FMI 4-109	1,260	2,966	1,553	2,505	1,307	1,019	2,974	2,747	2,326	0,490	1,636	1,865	1,494	3,082
24	FMI 4-113		1,553	1,609	2,626	1,505	2,942	2,134	2,028	2,348	2,053	1,544	3,995	0,780	2,055
25	FMI 4-120			1,115	0,556	1,225	3,311	0,502	6,445	5,268	3,713	2,357	6,681	1,095	4,467
26	FMI 4-121				0,780	1,385	1,914	1,545	4,735	4,042	2,764	0,714	4,376	0,287	2,202
27	FMI 4-123					1,227	2,347	0,861	7,610	5,613	3,058	2,202	5,642	1,413	5,285
28	FMI 4-129						0,788	0,750	5,758	5,490	2,098	3,128	5,734	1,408	4,485
29	FMI 4-130							2,215	5,897	5,650	2,129	3,590	4,694	2,455	4,670
30	FMI 4-136								7,003	6,105	4,206	3,519	7,325	1,833	4,947
31	FMI 6-15									1,096	4,066	2,861	2,935	3,640	1,808
32	FMI 6-21										2,856	2,034	0,991	3,656	3,321
33	FMI 6-22											2,564	1,831	2,607	5,417
34	FMI 6-24												2,575	0,680	1,565
35	FMI 6-25													4,618	5,207
36	FMI 6-30														1,610
37	FMI 6-31														
38	FMI 6-32														2,176
39	FMI 6-33														3,475
40	FMI 6-34														2,339
41	FMI 6-38														5,216

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51
	Progênie	FMI 6-32	FMI 6-33	FMI 6-34	FMI 6-38	FMI 6-44	FMI 6-51	FMI 6-53	FMI 6-65	FMI 6-67	FMI 8-11	FMI 8-13	FMI 8-17	FMI 8-18	FMI 8-19
23	FMI 4-109	2,643	1,384	1,121	0,817	1,835	1,940	2,057	1,896	7,267	1,563	1,139	0,632	5,958	2,584
24	FMI 4-113	2,139	1,713	2,480	2,122	2,511	2,015	1,743	4,206	7,127	1,937	1,045	1,973	8,051	6,540
25	FMI 4-120	5,094	1,334	2,840	1,956	1,189	1,222	0,678	4,180	2,597	1,455	0,596	2,104	14,631	9,882
26	FMI 4-121	3,872	0,755	0,658	1,326	0,923	0,782	0,956	3,566	3,788	1,908	0,347	0,882	11,507	6,280
27	FMI 4-123	5,854	0,862	1,957	1,039	0,571	0,962	0,660	2,788	1,864	1,308	0,475	1,156	14,704	8,238
28	FMI 4-129	5,151	2,033	1,485	1,320	0,363	1,608	1,299	2,258	3,220	0,890	0,924	1,359	11,098	5,055
29	FMI 4-130	5,243	2,625	0,754	1,660	0,919	2,002	2,235	2,364	5,025	1,452	1,805	1,451	8,836	2,199
30	FMI 4-136	5,319	1,959	2,427	2,448	0,864	0,947	0,552	4,549	2,455	0,778	0,961	2,640	13,707	8,251
31	FMI 6-15	0,684	4,234	4,656	5,547	7,416	4,715	5,119	8,579	15,642	5,198	4,282	4,998	3,163	6,085
32	FMI 6-21	0,476	2,234	4,537	3,668	6,526	3,334	3,543	6,684	13,751	3,709	3,061	3,595	4,030	6,651
33	FMI 6-22	4,062	1,892	2,704	0,623	2,661	3,363	3,139	0,937	7,983	2,340	1,881	0,753	7,182	3,779
34	FMI 6-24	2,347	0,739	1,638	1,815	2,912	1,601	1,894	4,548	7,308	3,091	0,950	1,284	9,195	6,829
35	FMI 6-25	2,219	2,390	4,055	2,708	6,188	4,030	4,433	4,574	13,556	4,115	3,547	2,646	4,180	4,472
36	FMI 6-30	3,461	1,178	1,189	1,670	1,414	1,412	1,430	3,862	4,749	2,350	0,545	1,187	10,932	6,772
37	FMI 6-31	2,176	3,475	2,339	5,216	4,988	3,088	3,798	8,758	10,783	5,027	2,997	4,140	7,840	6,859
38	FMI 6-32		2,717	4,037	4,682	6,374	2,799	3,190	8,286	13,595	3,432	3,138	4,426	3,684	6,380
39	FMI 6-33			1,720	0,780	1,782	0,623	0,596	3,122	5,251	1,229	0,282	0,796	9,760	6,632
40	FMI 6-34				1,784	1,156	1,279	1,833	3,557	5,230	2,127	1,211	1,156	9,116	3,244
41	FMI 6-38					1,145	1,849	1,618	0,784	4,584	1,472	0,739	0,132	10,304	5,098

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65
	Progênie	FMI 8-21	FMI 8-24	FMI 8-27	FMI 8-29	FMI 8-31	FMI 8-69	FMI 8-71	FMI 8-72	FMI 8-74	FMI 8-77	FMI 8-79	FMI 8-83	FMI 8-86	FMI 8-90
23	FMI 4-109	1,961	3,455	1,521	2,943	2,302	1,708	1,156	1,374	1,406	2,273	0,700	1,928	0,796	0,851
24	FMI 4-113	4,796	3,359	1,041	3,558	2,228	2,962	0,665	1,450	0,979	1,048	3,117	3,185	0,908	0,844
25	FMI 4-120	5,042	5,224	2,063	1,878	0,888	4,398	0,880	0,906	0,465	0,292	4,970	3,510	1,569	2,028
26	FMI 4-121	3,957	3,972	1,495	0,427	0,228	3,526	1,264	0,309	0,359	1,392	3,255	2,073	1,459	1,792
27	FMI 4-123	3,650	5,314	2,393	0,842	0,536	3,951	1,266	0,734	0,606	0,991	3,883	2,907	1,767	2,295
28	FMI 4-129	1,606	6,493	2,792	2,656	1,130	2,072	0,547	0,542	0,471	0,933	2,108	0,968	0,186	1,675
29	FMI 4-130	0,473	6,709	3,503	2,965	1,951	2,552	2,013	1,058	1,541	2,670	1,416	0,729	0,969	2,173
30	FMI 4-136	3,448	6,235	2,653	2,492	1,142	4,967	1,393	0,683	0,620	0,338	4,941	2,811	1,404	1,982
31	FMI 6-15	8,199	2,323	1,978	7,393	6,623	6,699	4,569	4,949	4,804	4,989	5,332	7,147	4,397	2,196
32	FMI 6-21	7,426	0,418	0,846	5,797	5,942	6,747	4,095	4,512	4,322	4,039	4,829	7,958	4,498	1,290
33	FMI 6-22	2,589	4,198	2,429	4,073	3,525	1,210	1,382	2,719	2,420	3,157	0,487	3,127	1,413	1,624
34	FMI 6-24	6,049	1,918	0,785	1,344	1,684	4,315	2,063	1,625	1,500	2,460	3,697	4,152	2,639	1,683
35	FMI 6-25	5,682	1,498	2,044	5,461	6,235	5,595	4,705	4,973	5,062	5,588	3,090	7,259	4,816	2,148
36	FMI 6-30	4,730	4,016	1,413	1,256	0,606	2,957	0,833	0,605	0,381	1,310	3,231	2,169	1,142	1,711
37	FMI 6-31	7,863	3,725	2,170	3,846	3,340	6,657	3,977	2,712	2,879	4,010	5,986	4,682	3,764	2,952
38	FMI 6-32	7,306	0,881	0,866	5,933	5,645	7,807	4,381	3,962	4,017	3,623	5,777	7,437	4,355	1,188
39	FMI 6-33	4,170	1,967	0,588	1,186	1,396	4,170	1,467	1,102	1,004	1,244	3,223	3,988	2,028	0,896
40	FMI 6-34	2,320	4,918	2,378	1,292	0,997	3,413	2,184	0,595	1,105	2,626	2,327	1,183	1,536	2,097
41	FMI 6-38	2,398	4,195	2,025	1,849	1,645	1,734	0,911	1,404	1,207	1,947	1,213	2,523	1,200	1,578

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79
	Progênie	FMI 8-95	FMI 9-13	FMI 9-16	FMI 9-17	FMI 9-19	FMI 9-25	FMI 9-27	FMI 9-34	FMI 9-37	FMI 9-39	FMI 9-43	FMI 9-45	FMI 9-46	FMI 9-48
23	FMI 4-109	0,438	0,814	0,813	1,165	1,527	2,257	2,320	1,153	0,862	2,327	2,626	1,077	0,946	1,537
24	FMI 4-113	0,984	2,445	1,781	3,013	1,517	2,359	0,798	1,263	0,625	1,178	3,844	1,384	1,857	1,136
25	FMI 4-120	2,452	5,739	2,367	4,946	4,695	4,804	2,030	2,874	1,011	3,738	5,501	1,371	4,919	3,986
26	FMI 4-121	2,071	3,726	2,387	3,296	3,432	4,597	1,067	1,187	0,877	3,389	2,618	1,311	3,417	3,090
27	FMI 4-123	2,467	5,240	1,926	4,053	5,115	5,101	3,001	2,849	1,176	4,876	4,635	1,179	4,982	4,681
28	FMI 4-129	1,472	3,935	1,537	3,062	4,477	4,969	2,627	3,068	1,220	4,110	5,794	1,392	3,269	3,837
29	FMI 4-130	1,759	3,410	2,159	2,988	4,887	5,771	3,763	3,166	2,113	4,987	4,847	1,946	2,677	4,287
30	FMI 4-136	2,398	6,452	2,763	5,923	5,836	5,949	2,763	3,588	1,397	4,212	6,198	1,371	4,590	4,562
31	FMI 6-15	2,468	2,304	4,699	5,247	0,944	2,494	2,380	1,610	2,989	0,792	2,888	3,800	1,159	0,600
32	FMI 6-21	1,542	1,745	2,889	4,463	0,414	0,684	3,185	1,003	1,874	0,578	1,469	2,097	1,020	0,282
33	FMI 6-22	0,833	0,629	0,341	0,470	1,722	1,748	4,017	2,224	1,481	3,389	3,868	1,669	1,893	2,301
34	FMI 6-24	2,007	2,456	2,561	3,002	1,611	2,816	0,944	0,286	0,979	2,127	1,114	1,622	2,640	1,701
35	FMI 6-25	1,820	0,939	2,353	2,914	1,147	1,223	5,141	1,669	2,630	2,641	1,374	2,491	1,412	1,604
36	FMI 6-30	1,954	3,290	2,399	2,965	2,698	4,073	0,442	1,099	0,835	2,709	3,128	1,638	3,180	2,479
37	FMI 6-31	3,643	4,338	5,827	5,974	2,945	5,558	0,561	1,294	2,798	2,314	2,560	3,849	2,966	2,299
38	FMI 6-32	1,771	2,865	3,948	6,023	1,155	1,941	2,438	1,078	2,002	0,262	1,755	2,234	0,861	0,352
39	FMI 6-33	1,127	2,771	1,209	3,068	2,197	2,258	2,072	0,849	0,338	2,276	1,778	0,363	2,491	1,973
40	FMI 6-34	2,112	3,301	2,864	3,210	3,959	5,548	1,972	1,617	1,680	4,084	2,656	1,869	2,669	3,484
41	FMI 6-38	1,124	1,998	0,372	1,196	2,784	2,709	3,388	2,016	0,908	3,925	3,503	0,951	2,924	3,083

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênes selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93
	Progênie	FMI 9-53	FMI 9-63	FMI 9-67	FMI 10-6	FMI 10-12	FMI 10-21	FMI 10-36	FMI 10-38	FMI 10-46	FMI 10-58	FMI 10-59	FMI 10-64	FMI 10-66	FMI 10-67
23	FMI 4-109	0,801	2,567	3,178	0,528	2,097	1,322	2,095	2,487	3,098	1,777	0,784	0,797	0,914	0,750
24	FMI 4-113	1,116	3,681	2,806	0,692	3,186	1,289	0,424	1,134	4,542	2,308	2,012	0,269	1,171	0,759
25	FMI 4-120	1,843	6,122	5,029	3,088	1,676	2,155	2,468	3,252	2,372	2,671	4,247	1,011	4,886	3,363
26	FMI 4-121	0,473	4,948	4,821	2,611	1,900	2,058	2,537	3,324	1,521	1,386	2,679	0,839	3,438	1,606
27	FMI 4-123	1,654	5,937	5,646	3,492	0,752	2,258	3,846	4,397	1,065	2,394	4,088	1,469	5,459	3,743
28	FMI 4-129	1,546	5,167	5,481	1,991	1,018	2,593	3,013	4,139	1,829	1,043	1,656	0,900	2,939	2,251
29	FMI 4-130	1,573	4,393	5,942	2,528	1,872	3,369	4,443	5,435	1,500	1,413	0,846	1,860	3,025	2,354
30	FMI 4-136	1,907	5,555	5,270	3,434	1,887	2,728	3,104	4,094	1,434	2,737	3,183	1,262	5,202	3,758
31	FMI 6-15	2,650	2,493	2,030	1,722	8,630	2,713	1,181	1,306	8,821	6,277	2,816	2,617	1,214	1,311
32	FMI 6-21	2,174	1,099	0,533	1,426	6,656	0,938	1,313	0,587	7,041	7,031	3,442	2,245	2,263	2,202
33	FMI 6-22	2,146	3,544	3,901	0,742	1,837	1,584	3,127	3,160	4,568	2,757	2,217	1,671	1,521	1,925
34	FMI 6-24	0,638	3,903	3,316	2,097	3,534	1,422	1,763	1,976	3,632	2,924	3,326	1,129	2,710	1,191
35	FMI 6-25	2,661	1,555	2,063	1,960	5,641	1,623	3,594	2,632	6,392	6,761	3,490	3,296	2,827	2,938
36	FMI 6-30	0,657	5,227	4,631	1,996	2,384	2,039	1,674	2,627	2,871	1,186	2,646	0,563	2,440	0,975
37	FMI 6-31	1,484	4,912	4,558	3,359	7,319	3,781	1,919	2,915	5,798	3,719	3,019	2,190	2,656	1,036
38	FMI 6-32	1,828	0,964	0,578	1,808	7,521	1,457	0,933	0,641	6,494	6,817	2,677	2,050	2,339	1,941
39	FMI 6-33	0,657	2,923	2,566	1,822	1,855	0,557	2,016	1,931	2,003	3,254	3,018	0,798	3,475	2,202
40	FMI 6-34	0,585	4,359	5,405	2,760	2,573	2,959	3,567	4,510	1,350	1,229	1,349	1,473	2,983	1,448
41	FMI 6-38	1,473	4,222	4,410	1,592	0,556	1,394	3,362	3,519	2,331	2,084	2,742	1,258	2,984	2,407

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat	Progênie	87 FMI 10- 38	88 FMI 10- 46	89 FMI 10- 58	90 FMI 10- 59	91 FMI 10- 64	92 FMI 10- 66	93 FMI 10- 67	94 FMI 10- 70	95 FMI 10- 72	96 FMI 10- 73	97 FMI 10- 74	98 FMI 10- 75	99 FMI 10- 76	100 FMI 10- 78
23	FMI 4-109	2,487	3,098	1,777	0,784	0,797	0,914	0,750	0,850	4,142	0,966	1,872	1,034	2,906	2,576
24	FMI 4-113	1,134	4,542	2,308	2,012	0,269	1,171	0,759	2,109	4,430	3,277	0,355	1,448	1,035	2,386
25	FMI 4-120	3,252	2,372	2,671	4,247	1,011	4,886	3,363	4,242	7,832	5,965	1,166	3,275	3,247	0,781
26	FMI 4-121	3,324	1,521	1,386	2,679	0,839	3,438	1,606	2,205	6,513	4,640	1,402	2,003	3,375	0,468
27	FMI 4-123	4,397	1,065	2,394	4,088	1,469	5,459	3,743	3,934	8,054	5,136	2,310	3,323	4,656	0,500
28	FMI 4-129	4,139	1,829	1,043	1,656	0,900	2,939	2,251	2,039	8,318	3,329	1,281	1,608	4,536	1,382
29	FMI 4-130	5,435	1,500	1,413	0,846	1,860	3,025	2,354	1,030	8,292	2,711	2,682	2,123	6,275	2,120
30	FMI 4-136	4,094	1,434	2,737	3,183	1,262	5,202	3,758	3,323	8,891	6,063	1,207	3,898	4,589	0,647
31	FMI 6-15	1,306	8,821	6,277	2,816	2,617	1,214	1,311	2,496	2,148	4,274	2,768	4,122	1,428	6,316
32	FMI 6-21	0,587	7,041	7,031	3,442	2,245	2,263	2,202	3,020	0,364	3,224	3,220	4,861	0,978	5,134
33	FMI 6-22	3,160	4,568	2,757	2,217	1,671	1,521	1,925	2,537	4,340	0,358	3,322	1,381	3,455	4,073
34	FMI 6-24	1,976	3,632	2,924	3,326	1,129	2,710	1,191	2,611	3,713	4,198	1,963	2,405	1,826	1,868
35	FMI 6-25	2,632	6,392	6,761	3,490	3,296	2,827	2,938	3,088	1,233	1,773	5,267	4,702	3,285	5,809
36	FMI 6-30	2,627	2,871	1,186	2,646	0,563	2,440	0,975	2,325	6,186	4,457	0,850	1,295	2,385	1,112
37	FMI 6-31	2,915	5,798	3,719	3,019	2,190	2,656	1,036	2,214	5,555	6,812	1,868	3,429	2,759	3,443
38	FMI 6-32	0,641	6,494	6,817	2,677	2,050	2,339	1,941	2,192	1,248	4,486	2,331	5,244	1,187	4,530
39	FMI 6-33	1,931	2,003	3,254	3,018	0,798	3,475	2,202	2,619	3,759	3,390	1,875	3,044	2,253	1,030
40	FMI 6-34	4,510	1,350	1,229	1,349	1,473	2,983	1,448	0,934	7,095	3,856	2,159	2,008	4,982	1,232
41	FMI 6-38	3,519	2,331	2,084	2,742	1,258	2,984	2,407	2,810	5,506	1,744	2,798	1,739	3,810	2,013

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênies selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	
	Progênie	FMI 6-51	FMI 6-53	FMI 6-65	FMI 6-67	FMI 8-11	FMI 8-13	FMI 8-17	FMI 8-18	FMI 8-19	FMI 8-21	FMI 8-24	FMI 8-27	FMI 8-29	FMI 8-31	
42	FMI 6-44	1,441	1,269	2,146	1,889	1,314	0,852	1,077	13,471	5,778	1,886	6,974	3,259	1,423	0,491	
43	FMI 6-51		0,142	4,678	4,563	0,707	0,475	1,780	9,999	6,317	3,578	2,969	0,981	1,385	1,149	
44	FMI 6-53			4,218	3,931	0,455	0,346	1,757	10,901	7,212	3,646	3,287	1,047	1,661	1,167	
45	FMI 6-65				5,515	3,275	2,804	1,076	12,523	5,278	2,244	7,973	5,060	4,150	3,568	
46	FMI 6-67					4,701	3,876	4,762	25,145	13,614	6,084	13,365	8,182	3,246	2,255	
47	FMI 8-11						0,846	1,841	9,173	5,447	2,046	4,086	1,631	3,052	2,100	
48	FMI 8-13							0,693	10,393	6,275	3,353	3,148	0,865	1,063	0,633	
49	FMI 8-17								9,953	4,553	2,526	4,116	1,943	1,373	1,267	
50	FMI 8-18									4,637	9,566	6,070	6,946	14,795	14,175	
51	FMI 8-19										2,186	8,595	6,659	7,994	7,285	
52	FMI 8-21											8,837	5,423	5,074	3,851	
53	FMI 8-24												0,853	5,089	5,880	
54	FMI 8-27													2,720	2,599	
55	FMI 8-29														0,496	
56	FMI 8-31															
57	FMI 8-69															3,576
58	FMI 8-71															1,317
59	FMI 8-72															0,312
60	FMI 8-74															0,336

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênes selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70
	Progênie	FMI 8-69	FMI 8-71	FMI 8-72	FMI 8-74	FMI 8-77	FMI 8-79	FMI 8-83	FMI 8-86	FMI 8-90	FMI 8-95	FMI 9-13	FMI 9-16	FMI 9-17	FMI 9-19
42	FMI 6-44	2,553	1,028	0,420	0,489	1,375	2,548	0,993	0,822	2,487	2,342	4,801	2,020	3,348	5,550
43	FMI 6-51	5,571	1,996	0,556	0,808	0,850	4,336	3,452	2,011	0,973	1,524	4,466	2,361	5,084	3,694
44	FMI 6-53	5,165	1,489	0,616	0,640	0,376	4,331	3,591	1,720	0,905	1,394	4,615	1,910	4,933	3,752
45	FMI 6-65	0,972	1,988	3,372	3,065	4,247	0,844	2,808	2,041	3,854	2,710	2,852	1,072	0,952	4,992
46	FMI 6-67	6,761	4,161	3,243	3,112	3,861	7,985	4,306	4,552	7,574	7,678	11,996	6,270	8,604	12,550
47	FMI 8-11	4,333	1,455	1,022	1,099	0,664	3,195	3,159	1,253	0,701	0,814	3,957	1,259	4,351	3,811
48	FMI 8-13	3,205	0,658	0,361	0,226	0,556	2,817	2,537	0,990	0,840	1,036	3,082	1,187	2,925	2,648
49	FMI 8-17	1,605	0,978	1,137	1,045	2,184	1,099	2,004	1,149	1,691	1,290	1,799	0,773	1,035	2,607
50	FMI 8-18	11,562	10,976	10,945	11,512	11,623	7,751	12,096	9,511	5,944	5,616	4,473	8,566	9,147	4,621
51	FMI 8-19	5,025	6,510	5,419	6,385	8,232	2,307	3,736	4,509	4,895	3,960	3,360	5,166	4,410	5,973
52	FMI 8-21	3,106	3,245	2,624	3,169	4,100	1,629	1,694	1,921	3,365	2,574	4,359	2,562	3,702	6,643
53	FMI 8-24	8,777	5,082	4,766	4,683	4,278	6,584	9,365	5,808	1,859	2,474	3,220	3,819	6,042	1,352
54	FMI 8-27	5,277	1,979	1,749	1,606	1,427	4,096	5,100	2,421	0,402	0,869	2,440	1,884	3,978	1,092
55	FMI 8-29	4,948	2,610	1,095	1,270	2,633	4,554	3,184	3,036	3,377	3,709	5,405	3,535	4,407	5,307
56	FMI 8-31	3,576	1,317	0,312	0,336	1,415	3,765	1,706	1,479	2,664	2,908	5,164	2,908	3,983	5,094
57	FMI 8-69		1,512	3,337	2,851	4,435	0,733	1,814	1,356	4,093	2,955	2,465	1,914	0,642	4,357
58	FMI 8-71			0,986	0,479	0,834	2,055	1,978	0,305	1,408	1,192	2,838	0,935	2,020	2,840
59	FMI 8-72				0,136	0,831	2,972	1,389	0,801	1,424	1,644	4,051	2,141	3,669	3,971
60	FMI 8-74					0,516	2,953	1,650	0,598	1,352	1,531	3,855	1,767	3,273	3,561

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84
	Progênie	FMI 9-25	FMI 9-27	FMI 9-34	FMI 9-37	FMI 9-39	FMI 9-43	FMI 9-45	FMI 9-46	FMI 9-48	FMI 9-53	FMI 9-63	FMI 9-67	FMI 10-6	FMI 10-12
42	FMI 6-44	6,108	3,045	3,317	1,595	5,458	5,545	1,677	4,507	5,051	1,645	6,287	6,748	3,188	0,616
43	FMI 6-51	4,063	1,953	1,434	0,678	2,537	2,527	0,499	2,666	2,642	0,541	2,907	2,965	2,630	2,531
44	FMI 6-53	3,742	2,148	1,806	0,511	2,569	3,357	0,360	2,990	2,749	0,866	3,274	2,992	2,436	2,006
45	FMI 6-65	4,678	6,448	4,835	3,075	7,202	6,852	3,095	4,997	5,822	3,952	7,072	7,791	2,984	0,815
46	FMI 6-67	12,594	7,324	8,798	5,583	11,893	11,761	5,600	11,811	11,831	6,141	13,617	13,468	9,176	2,337
47	FMI 8-11	3,432	3,312	2,529	0,753	2,780	4,342	0,346	2,286	2,781	1,344	2,608	2,886	1,843	1,762
48	FMI 8-13	3,021	1,422	1,120	0,201	2,426	2,788	0,405	2,599	2,234	0,480	3,650	3,314	1,618	1,290
49	FMI 8-17	3,075	2,706	1,566	0,955	3,850	2,907	1,175	2,777	2,948	1,083	4,385	4,686	1,642	0,860
50	FMI 8-18	5,702	9,681	6,393	8,283	4,884	6,398	8,145	2,622	4,119	7,480	2,993	4,563	5,173	14,508
51	FMI 8-19	7,496	7,639	5,382	5,885	7,162	5,940	5,573	2,899	5,750	4,441	4,737	7,696	4,306	6,856
52	FMI 8-21	6,859	6,612	5,336	3,570	6,976	7,106	2,993	3,740	6,065	3,391	5,239	7,354	3,565	2,301
53	FMI 8-24	1,460	3,549	1,157	2,197	1,160	1,000	2,247	2,163	1,055	2,378	1,539	0,757	2,785	7,206
54	FMI 8-27	1,456	1,362	0,352	0,379	0,592	1,382	0,595	1,350	0,579	0,620	1,683	1,024	1,199	3,817
55	FMI 8-29	6,349	2,533	2,281	2,025	5,571	3,122	2,289	5,507	5,130	1,453	6,741	6,737	4,645	2,204
56	FMI 8-31	6,200	1,737	2,414	1,478	4,870	4,318	1,898	4,848	4,635	1,182	6,647	6,545	3,611	1,514
57	FMI 8-69	5,168	4,810	4,577	3,330	6,542	7,485	4,084	4,685	5,237	3,860	8,062	8,445	2,426	1,939
58	FMI 8-71	3,206	1,907	2,246	0,717	3,079	5,060	1,267	3,098	2,741	1,514	5,144	4,579	1,208	1,069
59	FMI 8-72	4,915	1,420	1,761	0,816	3,372	3,636	1,033	3,045	3,225	0,549	4,522	4,712	2,351	1,583
60	FMI 8-74	4,321	1,228	1,768	0,601	3,113	4,022	0,993	3,228	2,999	0,740	4,875	4,591	2,011	1,318

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênies selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98
	Progênie	FMI 10-21	FMI 10-36	FMI 10-38	FMI 10-46	FMI 10-58	FMI 10-59	FMI 10-64	FMI 10-66	FMI 10-67	FMI 10-70	FMI 10-72	FMI 10-73	FMI 10-74	FMI 10-75
42	FMI 6-44	3,161	4,262	5,363	0,942	0,993	2,635	1,475	4,383	3,030	2,744	9,484	4,300	2,143	2,137
43	FMI 6-51	1,332	2,233	2,576	0,965	3,267	2,334	0,876	4,215	2,550	1,924	5,323	4,889	1,304	3,945
44	FMI 6-53	1,145	2,079	2,410	1,213	3,294	2,705	0,733	4,304	2,854	2,499	5,555	4,767	1,144	3,841
45	FMI 6-65	3,772	6,362	6,702	4,260	2,666	4,169	3,360	4,209	4,348	4,711	8,783	1,674	5,411	2,163
46	FMI 6-67	8,001	9,716	11,255	2,739	4,092	8,766	5,602	11,488	9,003	8,902	17,593	10,958	6,088	6,766
47	FMI 8-11	1,239	2,459	2,755	1,506	3,392	1,794	0,920	3,669	3,019	1,994	5,636	3,299	1,504	3,654
48	FMI 8-13	0,944	1,749	2,196	1,579	1,937	2,339	0,326	2,968	1,710	2,149	5,157	3,490	0,992	2,094
49	FMI 8-17	1,637	3,248	3,592	2,245	1,499	2,429	1,170	2,601	1,783	2,329	5,594	1,936	2,608	1,275
50	FMI 8-18	6,993	6,691	6,089	13,754	12,650	4,712	8,115	4,358	5,893	4,665	4,076	5,374	9,049	9,657
51	FMI 8-19	6,477	7,652	8,277	6,131	5,030	1,664	5,545	3,558	3,946	1,808	8,566	2,819	6,944	4,596
52	FMI 8-21	4,651	6,581	7,406	2,453	2,908	1,680	3,450	4,412	4,349	2,232	9,945	2,669	4,657	3,548
53	FMI 8-24	1,157	2,008	1,027	6,589	8,259	4,855	2,859	4,170	3,365	4,062	0,623	5,034	3,892	6,528
54	FMI 8-27	0,291	0,632	0,500	3,611	4,264	2,514	0,621	2,404	1,483	2,094	2,081	3,602	1,202	3,416
55	FMI 8-29	3,285	4,682	5,317	1,396	2,417	4,646	2,284	5,898	3,420	3,898	8,285	6,352	3,237	3,569
56	FMI 8-31	3,094	3,622	4,736	1,254	1,140	3,386	1,348	4,604	2,577	3,056	8,881	5,684	1,779	2,322
57	FMI 8-69	4,547	5,277	6,325	5,891	1,371	3,490	2,967	2,436	2,775	4,122	9,389	1,963	4,313	0,570
58	FMI 8-71	1,713	1,940	2,758	3,227	1,299	2,486	0,523	2,171	1,689	2,805	6,529	2,817	1,083	0,994
59	FMI 8-72	2,130	2,489	3,467	1,005	1,186	1,797	0,630	3,265	1,746	1,624	7,185	4,325	0,945	2,039
60	FMI 8-74	1,855	2,057	3,005	1,622	1,150	2,230	0,417	3,023	1,688	2,170	6,958	4,164	0,721	1,688

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênes selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
	Progênie	FMI 10-38	FMI 10-46	FMI 10-58	FMI 10-59	FMI 10-64	FMI 10-66	FMI 10-67	FMI 10-70	FMI 10-72	FMI 10-73	FMI 10-74	FMI 10-75	FMI 10-76	FMI 10-78
42	FMI 6-44	5,363	0,942	0,993	2,635	1,475	4,383	3,030	2,744	9,484	4,300	2,143	2,137	5,728	0,853
43	FMI 6-51	2,576	0,965	3,267	2,334	0,876	4,215	2,550	1,924	5,323	4,889	1,304	3,945	3,238	0,317
44	FMI 6-53	2,410	1,213	3,294	2,705	0,733	4,304	2,854	2,499	5,555	4,767	1,144	3,841	2,984	0,382
45	FMI 6-65	6,702	4,260	2,666	4,169	3,360	4,209	4,348	4,711	8,783	1,674	5,411	2,163	6,985	4,626
46	FMI 6-67	11,255	2,739	4,092	8,766	5,602	11,488	9,003	8,902	17,593	10,958	6,088	6,766	11,388	2,768
47	FMI 8-11	2,755	1,506	3,392	1,794	0,920	3,669	3,019	1,994	5,636	3,299	1,504	3,654	3,650	1,269
48	FMI 8-13	2,196	1,579	1,937	2,339	0,326	2,968	1,710	2,149	5,157	3,490	0,992	2,094	2,421	0,529
49	FMI 8-17	3,592	2,245	1,499	2,429	1,170	2,601	1,783	2,329	5,594	1,936	2,608	1,275	3,773	1,826
50	FMI 8-18	6,089	13,754	12,650	4,712	8,115	4,358	5,893	4,665	4,076	5,374	9,049	9,657	7,382	13,105
51	FMI 8-19	8,277	6,131	5,030	1,664	5,545	3,558	3,946	1,808	8,566	2,819	6,944	4,596	9,553	7,515
52	FMI 8-21	7,406	2,453	2,908	1,680	3,450	4,412	4,349	2,232	9,945	2,669	4,657	3,548	8,618	3,911
53	FMI 8-24	1,027	6,589	8,259	4,855	2,859	4,170	3,365	4,062	0,623	5,034	3,892	6,528	1,467	4,684
54	FMI 8-27	0,500	3,611	4,264	2,514	0,621	2,404	1,483	2,094	2,081	3,602	1,202	3,416	0,812	1,908
55	FMI 8-29	5,317	1,396	2,417	4,646	2,284	5,898	3,420	3,898	8,285	6,352	3,237	3,569	5,378	0,765
56	FMI 8-31	4,736	1,254	1,140	3,386	1,348	4,604	2,577	3,056	8,881	5,684	1,779	2,322	4,760	0,401
57	FMI 8-69	6,325	5,891	1,371	3,490	2,967	2,436	2,775	4,122	9,389	1,963	4,313	0,570	6,118	5,278
58	FMI 8-71	2,758	3,227	1,299	2,486	0,523	2,171	1,689	2,805	6,529	2,817	1,083	0,994	2,693	1,851
59	FMI 8-72	3,467	1,005	1,186	1,797	0,630	3,265	1,746	1,624	7,185	4,325	0,945	2,039	3,805	0,320
60	FMI 8-74	3,005	1,622	1,150	2,230	0,417	3,023	1,688	2,170	6,958	4,164	0,721	1,688	3,122	0,506

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênes selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75
	Progênie	FMI 8-79	FMI 8-83	FMI 8-86	FMI 8-90	FMI 8-95	FMI 9-13	FMI 9-16	FMI 9-17	FMI 9-19	FMI 9-25	FMI 9-27	FMI 9-34	FMI 9-37	FMI 9-39
61	FMI 8-77	4,423	3,448	1,181	1,046	1,453	4,839	1,872	4,857	3,785	3,763	1,924	2,399	0,594	2,484
62	FMI 8-79		1,921	1,482	2,840	1,769	1,202	1,283	0,504	3,270	3,888	4,905	3,365	2,691	5,265
63	FMI 8-83			1,011	3,865	3,345	4,610	3,456	3,095	6,270	7,950	3,556	4,309	3,221	6,749
64	FMI 8-86				1,395	1,073	2,745	1,214	2,126	3,267	3,959	2,141	2,482	1,040	3,329
65	FMI 8-90					0,166	2,031	1,098	3,362	1,362	1,470	1,948	0,920	0,275	0,784
66	FMI 8-95						1,323	0,571	2,300	1,276	1,294	2,534	1,231	0,449	1,292
67	FMI 9-13							1,570	0,961	0,784	1,434	3,949	1,759	2,272	2,706
68	FMI 9-16								1,364	2,126	1,590	3,879	2,290	0,871	3,038
69	FMI 9-17									2,601	3,218	4,644	3,120	2,780	5,266
70	FMI 9-19										0,595	2,539	0,904	1,614	0,895
71	FMI 9-25											4,383	1,990	1,817	1,404
72	FMI 9-27												1,039	1,399	1,905
73	FMI 9-34													0,776	1,087
74	FMI 9-37														1,345
75	FMI 9-39														
76	FMI 9-43														
77	FMI 9-45														
78	FMI 9-46														
79	FMI 9-48														

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89
	Progênie	FMI 9-43	FMI 9-45	FMI 9-46	FMI 9-48	FMI 9-53	FMI 9-63	FMI 9-67	FMI 10-6	FMI 10-12	FMI 10-21	FMI 10-36	FMI 10-38	FMI 10-46	FMI 10-58
61	FMI 8-77	4,933	0,754	3,354	2,806	1,412	4,226	3,437	2,099	2,014	1,430	1,595	2,231	2,339	2,959
62	FMI 8-79	5,108	2,897	2,653	3,879	2,771	5,016	6,206	1,684	2,113	3,339	4,821	5,344	4,570	2,008
63	FMI 8-83	6,862	3,672	4,664	5,962	2,515	7,714	8,934	3,642	2,205	5,282	5,429	7,159	2,705	0,315
64	FMI 8-86	5,248	1,446	2,518	2,916	1,386	4,721	4,883	1,187	1,335	2,235	2,311	3,373	2,785	0,866
65	FMI 8-90	2,416	0,273	0,736	0,690	0,693	1,244	1,113	0,567	2,961	0,311	0,785	0,834	3,087	3,583
66	FMI 8-95	2,842	0,440	0,652	0,906	0,975	1,477	1,611	0,266	2,439	0,479	1,262	1,314	3,344	3,174
67	FMI 9-13	2,802	2,686	1,225	1,512	2,421	2,904	3,309	0,824	4,321	1,994	2,917	2,750	6,628	4,043
68	FMI 9-16	4,122	0,843	2,188	2,323	1,952	3,251	3,237	0,849	1,153	0,942	2,687	2,624	3,554	3,090
69	FMI 9-17	4,874	3,372	3,456	3,777	3,178	6,056	6,440	1,816	2,379	3,241	4,660	4,978	5,981	2,417
70	FMI 9-19	2,020	2,214	1,082	0,321	2,004	2,186	1,543	0,727	5,438	1,084	1,153	0,818	7,143	5,159
71	FMI 9-25	3,130	1,992	1,735	0,903	3,073	2,015	1,156	1,058	5,128	0,765	1,845	0,976	7,523	6,924
72	FMI 9-27	3,026	2,406	3,005	1,991	0,939	4,958	4,073	2,352	4,679	2,484	1,067	2,066	4,387	2,425
73	FMI 9-34	0,711	1,220	1,287	0,730	0,406	2,215	1,938	1,332	4,095	0,910	1,110	1,170	3,802	3,425
74	FMI 9-37	2,436	0,194	1,616	1,193	0,477	2,465	2,016	0,835	1,903	0,349	0,948	1,159	2,460	2,605
75	FMI 9-39	2,505	1,736	1,029	0,183	1,713	1,455	0,582	1,174	6,272	0,967	0,268	0,135	6,292	5,920
76	FMI 9-43		2,543	2,273	1,934	1,499	2,368	2,603	3,305	6,348	2,079	3,194	2,692	4,777	6,072
77	FMI 9-45			1,641	1,595	0,719	1,912	1,824	1,208	1,881	0,346	1,597	1,576	1,924	3,404
78	FMI 9-46				0,584	1,453	0,732	1,321	0,710	5,217	1,356	1,557	1,508	5,109	4,675
79	FMI 9-48					1,453	1,281	0,736	0,677	5,547	0,780	0,501	0,307	6,073	5,170

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênes selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
	Progênie	FMI 10-38	FMI 10-46	FMI 10-58	FMI 10-59	FMI 10-64	FMI 10-66	FMI 10-67	FMI 10-70	FMI 10-72	FMI 10-73	FMI 10-74	FMI 10-75	FMI 10-76	FMI 10-78
61	FMI 8-77	2,231	2,339	2,959	2,917	0,550	3,803	2,750	3,035	6,324	4,867	0,609	3,240	2,535	0,919
62	FMI 8-79	5,344	4,570	2,008	1,926	2,606	1,845	2,241	2,337	6,853	0,621	4,274	1,132	5,734	4,752
63	FMI 8-83	7,159	2,705	0,315	1,991	2,545	3,462	2,538	2,244	11,410	4,216	3,036	1,331	7,428	2,784
64	FMI 8-86	3,373	2,785	0,866	1,320	0,646	1,746	1,406	1,722	7,141	2,440	1,088	0,829	3,591	1,965
65	FMI 8-90	0,834	3,087	3,583	1,312	0,379	1,745	1,389	1,298	2,719	2,344	0,956	2,813	1,428	1,977
66	FMI 8-95	1,314	3,344	3,174	1,095	0,548	1,312	1,344	1,267	2,978	1,296	1,424	2,187	1,908	2,528
67	FMI 9-13	2,750	6,628	4,043	2,336	2,380	0,877	1,449	2,376	2,787	0,595	4,007	1,941	2,973	5,684
68	FMI 9-16	2,624	3,554	3,090	2,526	1,209	2,358	2,508	2,884	4,376	1,038	2,661	2,075	3,033	3,000
69	FMI 9-17	4,978	5,981	2,417	3,467	2,831	2,004	2,318	3,729	6,264	0,999	4,710	0,984	4,867	5,359
70	FMI 9-19	0,818	7,143	5,159	3,020	1,750	1,097	1,271	2,811	1,203	2,174	2,784	2,880	0,846	5,067
71	FMI 9-25	0,976	7,523	6,924	4,196	2,351	2,432	3,003	4,235	1,005	2,097	3,751	4,378	1,251	5,725
72	FMI 9-27	2,066	4,387	2,425	2,891	0,926	2,386	0,866	2,396	5,587	5,804	0,687	2,267	1,773	1,952
73	FMI 9-34	1,170	3,802	3,425	2,215	0,886	1,845	0,781	1,612	2,399	3,319	1,632	2,585	1,328	2,212
74	FMI 9-37	1,159	2,460	2,605	1,934	0,135	2,123	1,341	1,833	3,596	2,733	0,786	2,152	1,449	1,173
75	FMI 9-39	0,135	6,292	5,920	2,693	1,326	1,916	1,680	2,458	1,572	4,073	1,489	4,303	0,456	3,988
76	FMI 9-43	2,692	4,777	6,072	3,833	2,933	3,954	2,507	2,755	2,268	4,762	4,199	5,209	3,142	3,718
77	FMI 9-45	1,576	1,924	3,404	1,961	0,521	2,906	2,156	1,885	3,627	2,726	1,357	3,129	2,213	1,204
78	FMI 9-46	1,508	5,109	4,675	0,868	1,568	1,012	1,241	0,825	2,122	1,769	2,321	3,242	2,279	4,248
79	FMI 9-48	0,307	6,073	5,170	2,220	1,228	1,212	1,166	2,005	1,218	2,779	1,793	3,367	0,602	4,089

Continua...

Tabela 3A. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de café Conilon, das 100 progênie selecionadas, em relação às 5 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Trat		81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	
	Progênie	FMI 9-63	FMI 9-67	FMI 10-6	FMI 10-12	FMI 10-21	FMI 10-36	FMI 10-38	FMI 10-46	FMI 10-58	FMI 10-59	FMI 10-64	FMI 10-66	FMI 10-67	FMI 10-70	
80	FMI 9-53	2,518	2,685	1,444	2,753	1,132	1,442	1,915	1,935	2,115	1,315	0,442	2,091	0,821	0,887	
81	FMI 9-63		0,595	2,138	6,841	1,522	2,599	1,855	5,596	7,909	2,407	2,885	3,367	3,441	2,176	
82	FMI 9-67			1,963	7,035	0,945	1,444	0,612	6,668	8,391	3,670	2,467	3,491	3,467	3,416	
83	FMI 10-6				3,177	0,861	1,019	1,183	5,026	3,156	1,393	0,749	0,547	0,930	1,651	
84	FMI 10-12					2,995	5,120	5,725	2,067	1,968	3,984	2,146	4,932	4,134	4,320	
85	FMI 10-21						1,065	0,676	3,752	4,581	2,670	0,780	2,478	2,072	2,533	
86	FMI 10-36							0,287	5,701	4,431	2,629	0,738	1,675	1,259	2,514	
87	FMI 10-38								6,405	6,074	3,422	1,295	2,276	2,038	3,221	
88	FMI 10-46									3,159	3,361	2,689	6,770	4,697	3,029	
89	FMI 10-58										2,543	1,978	2,971	1,889	2,654	
90	FMI 10-59											1,499	1,351	1,222	0,145	
91	FMI 10-64												1,624	0,886	1,475	
92	FMI 10-66													0,515	1,565	
93	FMI 10-67														1,022	
94	FMI 10-70															
95	FMI 10-72															5,061
96	FMI 10-73															2,777
97	FMI 10-74															1,910
98	FMI 10-75															2,533
99	FMI 10-76															4,035
100	FMI 10-78															2,774

Continua...

