

VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE CAFÉ ROBUSTA NO ESTADO DE MINAS GERAIS

Felipe Lopes da Silva¹, David Carlos Ferreira Baffa², Juliana Costa de Rezende³, Antonio Carlos Baião de Oliveira⁴, Antonio Alves Pereira⁵, Cosme Damião Cruz⁶

(Recebido: 01 de dezembro de 2013; aceito: 26 de maio de 2014)

RESUMO: A caracterização e o estudo da divergência genética entre os acessos de um banco de germoplasma contribuem para o aumento da eficiência na seleção de genitores a serem utilizados em um programa de melhoramento genético. Objetivou-se, neste trabalho, avaliar a divergência genética, por meio de procedimentos multivariados, entre 71 genótipos de *Coffea canephora koulouensis* e entre 56 genótipos de *Coffea canephora* var. *robusta*, pertencentes ao Banco de Germoplasma do programa de melhoramento genético da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), em parceria com a Universidade Federal de Viçosa. Paralelamente, indicar genótipos superiores e mais divergentes a serem utilizados em cruzamentos intrapopulacionais, visando explorar maior variabilidade genética dentro das populações segregantes. Em julho de 2009, dois ensaios envolvendo os genótipos de *C. canephora* var. *koulouensis* e dois ensaios, envolvendo os genótipos de *C. canephora* var. *robusta* foram implantados na Fazenda Experimental da EPAMIG em Oratórios, Minas Gerais; sob o delineamento experimental de blocos completos com tratamentos casualizados, em cinco repetições e parcelas experimentais constituídas de uma planta. O estudo baseou-se na avaliação de seis características morfo-agronômicas, em julho de 2010 e 2011. A indicação de genótipos superiores foi determinada, utilizando o índice de seleção baseado na soma de rank. Cruzamentos intrapopulacionais entre genótipos superiores e divergentes foram indicados para a geração de maior variabilidade genética a ser explorada na descendência, visando o aumento da probabilidade de obtenção de indivíduos superiores.

Termos para indexação: Melhoramento do cafeeiro, *Coffea canephora*, germoplasma, análise multivariada.

GENETIC VARIABILITY AMONG ROBUSTA COFFEE GENOTYPES IN THE STATE OF MINAS GERAIS

ABSTRACT: The characterization and study of genetic diversity between accessions of the germplasm bank contribute to increased efficiency in selecting parents to be used in a breeding program. Thus, the objective of this work was to evaluate genetic divergence by means of multivariate procedures among 71 genotypes of *Coffea canephora* var. *koulouensis* and 56 genotypes of *Coffea canephora* var. *robusta* of the Germplasm Bank of the breeding program of Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) in a partnership with Universidade Federal de Viçosa. Together with this work, it was also aimed to indicating higher and more divergent genotypes to be used in intrapopulation crossings aiming at exploring greater genetic variability within segregating families. In July 2009, two experiments involving the genotypes of *C. canephora* var. *koulouensis* and two experiments involving the genotypes of *C. canephora* var. *robusta* were deployed at the Experimental Farm EPAMIG in Oratórios, Minas Gerais, in an experimental randomized complete block design with five replicates and experimental plots consisting of a plant. The study was based on an evaluation of six morpho-agronomic traits in July 2010 and 2011. The indication of superior genotypes was determined using the selection index based on the sum of rank. Intrapopulation crossings between higher and divergent genotypes were indicated for creating greater genetic variability to be used in the offspring aiming at increasing the probability of obtaining higher individuals.

Index terms: Coffee tree breeding, *Coffea canephora*, germplasm, multivariate analysis.

1 INTRODUÇÃO

O estado de Minas Gerais figura como potencial produtor brasileiro de *Coffea canephora* Pierre ex Frohener, visto que grande parte das regiões do Vale do Rio Doce, da Zona da Mata, do Vale do Jequitinhonha e do Vale do Mucuri é apta ao cultivo dessa espécie. Assim, o melhoramento genético torna-se um grande aliado nas buscas de genótipos que sejam adequados às condições de cultivo do Estado.

Para alcançar os objetivos desejáveis com o melhoramento genético de *C. canephora*, Ferrão et al. (2007) relatam que é necessário utilizar inúmeras estratégias. As principais são: identificação e seleção fenotípica de indivíduos possuidores de características de interesse em populações naturais segregantes; multiplicação assexuada dos indivíduos selecionados na etapa anterior e sua avaliação em ensaios de competição, com seleção dos superiores por meio de características de interesse, para a composição

^{1,2}Universidade Federal de Viçosa/UFV - Departamento de Fitotecnia - Avenida P.H. Rolfs, s/n - 36570-900 - Viçosa - MG felipe.silva@ufv.br, davidbaffa@yahoo.com.br

³Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais - Campus UFLA - Cx. P 176 - Lavras - MG - julianacr@epamig.ufla.br

^{4,5}Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais - UREZM - Vila Gianetti - casas 46 e 47 - 36570-900 - Viçosa - MG antonio.baiao@embrapa.br, pereira@epamig.ufv.br

⁶Universidade Federal de Viçosa/UFV - Departamento de Biologia Geral - Avenida P.H. Rolfs, s/n - 36570-900 - Viçosa - MG cdacruz@ufv.br

e formação de variedades clonais; hibridações intraespecíficas para o desenvolvimento de cultivares híbridas sintéticas, além da obtenção de importantes informações básicas sobre a estrutura genética da espécie; seleção recorrente intra e interpopulacional, visando o aumento da frequência de alelos favoráveis nas gerações futuras; e, manutenção e caracterização da variabilidade genética em Bancos de Germoplasma. O uso do germoplasma local como fonte de matéria-prima para o melhoramento da espécie é uma alternativa promissora, sobretudo para a obtenção de genótipos produtivos, adaptados e resistentes aos principais estresses bióticos da cultura (SOUZA, 2005). Assim, a caracterização e o estudo da divergência genética entre os acessos do Banco de Germoplasma contribuem para o aumento da eficiência na seleção de genitores no programa de melhoramento genético.

O estudo da divergência genética por meio de técnicas multivariadas é de grande importância, principalmente no planejamento de programas e na definição de estratégias de trabalho e tem sido empregado em populações de *C. canephora* (CECON, 2008; FERRÃO et al., 2009; MISTRO et al., 2003).

A estatística multivariada, por se tratar de uma análise que permite integrar as múltiplas informações de um conjunto de caracteres, extraídas das unidades experimentais, tem sido amplamente utilizada para quantificar a divergência genética, oferecendo maior oportunidade de escolha de genitores divergentes, em programas de melhoramento (FONSECA et al., 2006). Vários métodos multivariados podem ser aplicados na predição da divergência genética e 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; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Da mesma forma, as estimativas das variabilidades genótípicas são extremamente importantes em um programa de melhoramento. Quanto maior seu valor, mais heterogêneos são os genótipos avaliados e, portanto, maior será a possibilidade de selecionar materiais superiores (RODRIGUES et al., 2012b).

Diante do exposto, objetivou-se, neste trabalho, avaliar a divergência genética, por meio de procedimentos multivariados, entre genótipos do Banco de Germoplasma de *Coffea canephora* Pierre ex Frohener do programa de melhoramento genético de Minas Gerais, indicando genótipos divergentes a serem utilizados em cruzamentos intrapopulacionais.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Em julho de 2009, quatro ensaios foram implantados na Fazenda Experimental da EPAMIG em Oratórios, Minas Gerais, sendo dois ensaios envolvendo, ao todo, 68 genótipos de *C. canephora* var. *kouilouensis* De Wild. e três testemunhas comuns; e dois ensaios envolvendo, ao todo, 54 genótipos de *C. canephora* var. *robusta* (L.Linden) A. Chev. e duas testemunhas comuns. Os ensaios foram implantados sob o delineamento experimental de blocos completos com tratamentos casualizados, em cinco repetições e parcelas experimentais constituídas de uma planta, implantada no espaçamento de 3,0 x 1,5 m.

As características foram avaliadas em julho de 2010 e 2011, sendo elas: vigor vegetativo (VV) médio das plantas - avaliado pelo aspecto geral da planta, observando-se o enfolhamento, o número de ramos ortotrópicos e plagiotrópicos, o estado nutricional e a sanidade dos cafeeiros, adotando-se notas de 1 (planta totalmente depauperada) a 10 (planta altamente vigorosa); reação à ferrugem do cafeeiro (RF) - avaliada nos meses de pico da doença no campo (entre março e julho), considerando notas de 1 a 5, sendo: 1 - plantas imunes, sem qualquer sinal de infecção; 2 - plantas com reação de hipersensibilidade visível macroscopicamente, lesões cloróticas, pequenas tumefações, sem ocorrência de esporulação; 3 - plantas com reação de hipersensibilidade visível macroscopicamente, lesões cloróticas geralmente esporulando na borda e pequenas tumefações; 4 - plantas com reação de hipersensibilidade visível macroscopicamente, lesões cloróticas, tumefações, ocorrência de média esporulação; e, 5 - plantas com lesões com esporulação intensa e presença de muitas pústulas grandes; reação à cercospora (RC) - avaliada pela escala de notas de 1 a 3, sendo que a nota 1 refere-se a plantas que não apresentaram incidência da doença e nota 3 para as plantas com grande incidência da doença; número médio de ramos ortotrópicos por planta (NR_{Ort}); número médio de ramos plagiotrópicos por planta (NR_{Pla}); e, diâmetro médio da copa das plantas (DCo) - determinado em centímetros (cm).

O programa utilizado para estimação dos parâmetros e predição dos valores genéticos foi o SELEGEN- REML/BLUP (Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction), sendo o procedimento adotado pelo programa para a predição dos valores genéticos o BLUP (melhor predição linear não viciada) ou modelos mistos, que utiliza estimativas de variância obtidas pelo

método REML (máxima verossimilhança restrita), descritos por Resende (2007). As equações de modelo misto (RESENDE, 2002) foram utilizadas para prever os valores genotípicos dos genótipos dentro de cada grupo de *C. canephora*, kouillou ou robusta. Como os genótipos (exceto as testemunhas) não eram comuns aos dois ensaios de cada grupo, os blocos experimentais caracterizam-se como incompletos e, portanto, foram analisados como tal. Assim, o modelo usado foi:

$$y = Xm + Zg + Wb + Ti + Qp + e,$$

em que: y : vetor de dados; m : vetor dos efeitos fixos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados a média geral; g : vetor dos efeitos genotípicos $g \sim N(0, A\sigma_g^2)$; sendo A a matriz de parentescos e σ_g^2 a variância genotípica; b : vetor dos efeitos de blocos $b \sim N(0, I\sigma_b^2)$ sendo I a matriz identidade e σ_b^2 a variância ambiental entre blocos; i : vetor dos efeitos da interação genótipos x medições $i \sim N(0, A\sigma_i^2)$; sendo σ_i^2 a variância da interação genótipos x medições; p : vetor dos efeitos de ambiente permanente $p \sim N(0, I\sigma_p^2)$, sendo $I\sigma_p^2$ a variância de ambiente permanente; e : vetor de erros ou resíduos $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$, sendo $I\sigma_e^2$ a variância residual, X , Z , W , T e Q : matrizes de incidência para os efeitos m , g , b , i e p , respectivamente (RESENDE, 2007).

Os valores genotípicos, preditos para cada genótipo dentro de cada grupo, foram utilizados para estimar as matrizes de distâncias genéticas de Mahalanobis e, para delimitação dos grupos, utilizou-se a técnica de otimização proposta por Tocher (RAO, 1952).

O processo de seleção foi também realizado com base no índice de seleção proposto por Mulamba e Mock (1978), em que são somados os "ranks" de cada material genético em relação a cada um dos caracteres em ordem favorável ao melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; SANTOS et al., 2007).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

População de kouillou

Os resultados referentes às estimativas dos parâmetros genéticos para os genótipos de kouillou (Tabela 1) apresentam significância da herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo para as características VV, RF e RC, indicando excelente possibilidade de seleção, pois as características apresentaram valores expressivos de coeficiente de herdabilidade média

entre genótipos (56, 77 e 72%, respectivamente). Dessa forma, as estimativas obtidas para essas características indicam variabilidade genética e poderão maximizar os ganhos genéticos com seleção.

Por outro lado, a caracterização de NRort, NRPla e DCo foram muito influenciadas pelo ambiente e, em ambos os níveis, os valores de herdabilidade foram baixos, podendo-se inferir que genótipos que evidenciaram maior número de ramos ortotrópicos, plagiotrópicos e maior diâmetro da copa tendem a menor estabilidade de expressão frente às alterações de ambiente.

Observa-se, para a maioria das características (com exceção de NRort), valores de acurácia satisfatórios (0,61 e 0,88,) indicando que os valores genéticos preditos estão medianamente próximos dos verdadeiros, corroborando a facilidade de selecionar plantas superiores partindo-se dessas características, aos 24 meses após o plantio. A correlação genotípica através das medições apresentam o mesmo comportamento da acurácia, variando entre 0,81 a 0,97, a exceção de NRort. (Tabela 1).

As medidas das dissimilaridades genéticas, estimadas pelas distâncias genéticas de Mahalanobis entre os pares de genótipos (dados não apresentados), identificaram, para o grupo kouillou, os genótipos 3628-52 e 3629-15, como sendo os mais similares e os genótipos 3628-2 e 3629-16, como sendo os mais dissimilares. O genótipo 3628-16 destacou-se como o mais dissimilar de todos, pois foi o de maior distância média entre os pares de distâncias nos quais esse genótipo fazia parte. Por outro lado, o genótipo 3629-24 foi o mais similar de todos, em razão da menor distância média entre os pares de distâncias nos quais esse genótipo fazia parte.

A análise de agrupamento, pelo método Tocher (RAO, 1952), utilizando como medida de dissimilaridade as distâncias genéticas de Mahalanobis, demonstrou que os genótipos pertencentes ao grupo kouillou foram agrupados em 13 grupos, sendo que a maior concentração de genótipos (50 no total) ficou alocada no primeiro grupo (Tabela 2).

Da mesma forma, Ivoglo et al. (2008), utilizando o método Tocher, reuniu 21 progênies de meios-irmãos de *C. canephora*, em quatro grupos distintos. O agrupamento de 32 clones de kouillou, componentes de três variedades clonais melhoradas, se fez em três grupos distintos (FONSECA et al., 2006).

TABELA 1 - Média, componentes de variância e parâmetros genéticos para as características vigor vegetativo (VV), reação à ferrugem (RF) e à cercospora (RC), número de ramos ortotrópicos (NROrt), número de ramos plagiotrópicos (NRPla) e diâmetro da copa (DCo), avaliadas em 71 genótipos do grupo kouillou do Banco de Germoplasma da EPAMIG/UFV.

Parâmetros ¹	VV	RF	RC	NROrt	NRPla	DCo
h_g^2	0,07±0,03	0,14±0,04	0,15±0,04	0,00±0,01	0,04±0,02	0,05±0,03
h_m^2	0,56	0,77	0,72	0,06	0,37	0,53
AC_g	0,75	0,88	0,85	0,25	0,61	0,73
c_{bl}^2	0,31	0,05	0,03	0,06	0,19	0,17
c_{gm}^2	0,00	0,00	0,04	0,05	0,03	0,01
c_{perm}^2	0,43	0,01	0,09	0,15	0,19	0,10
r_{med}	0,97	0,97	0,81	0,10	0,57	0,91
Média	4,40	1,73	2,40	3,81	32,78	51,78

¹ h_g^2 : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo; h_m^2 : herdabilidade ao nível de média de genótipos; AC_g : acurácia da predição de valores genotípicos; c_{bl}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c_{gm}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições; c_{perm}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente; r_{med} : correlação genotípica através das medições; Média: média geral do experimento.

Genótipos de grupos distintos podem ser cruzados, visando à obtenção de maior variabilidade genética na descendência ou para obtenção de uma possível heterose na descendência, para caracteres que exibem dominância alélica (RESENDE, 2007). Assim, os cruzamentos intrapopulacionais entre os genótipos mais dissimilares de cada grupo favorecerá a obtenção de maior variabilidade genética dentro das progênies, em relação à variabilidade contida dentro das populações originais, considerando-se as características avaliadas.

Pelos resultados do presente trabalho, baseado no agrupamento de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância genética de Mahalanobis, estimada a partir das seis características estudadas (Tabela 2), foi possível identificar os principais cruzamentos intrapopulacionais para obter maior variabilidade genética, destacando-se entre eles: 3628-2 x 3628-23; 3628-23 x 3628-40; 3628-2 x 3629-34; 3628-2 x 3628-4; 3628-2 x 3627-24; e, 3628-2 x 3628-40, aumentando assim, a probabilidade de obter indivíduos superiores na descendência.

A escolha das características vigor vegetativo, reação à ferrugem e à cercospora,

para seleção de indivíduos, baseou-se no fato de terem apresentado maiores magnitudes para a herdabilidade, acurácia e correlação genotípica através das medições, sendo a reação à ferrugem um dos principais objetivos dos programas de melhoramento do cafeeiro (BRITO et al., 2007; SILVA et al., 2006). Visando aumentar a confiabilidade dos resultados obtidos, foi utilizado também o índice de seleção com base na soma de “ranks” (MULAMBA; MOCK, 1978), o qual tem sido indicado na literatura por proporcionar melhores ganhos simultâneos em várias situações (COSTA et al., 2010; SANTOS et al., 2007).

O ganho genético é inversamente proporcional à intensidade de seleção, a qual quantifica o número de indivíduos selecionados. Dessa forma, no presente trabalho, foi considerada a necessidade de se trabalhar com maior número de indivíduos (intensidade de seleção de 10%) para assegurar um número efetivo mínimo que, de acordo com Rocha et al. (2009), permite maior eficiência nas etapas seguintes de seleção.

A nova média prevista com a seleção dos sete genótipos (Tabela 3), baseada na reação à ferrugem foi de 1,58, valor 8,67% inferior à média geral de todas as plantas avaliadas no experimento.

TABELA 2 - Agrupamento, pelo método de Tocher, de 71 genótipos do grupo kouillou, pertencentes ao Banco de Germoplasma de *Coffea canephora* da EPAMIG/UFV, com base na dissimilaridade expressa pela distância genética de Mahalanobis, estimada a partir de seis características.

Grupos	Genótipos do grupo kouillou						
1	3629-4	3629-23	3628-46	3629-1	3628-32	3629-30	3627-27
	3628-20	3629-17	3629-x	3627-30	3629-15	3629-32	3628-44
	3629-8	3628-39	3629-11	3628-3	3629-36	3628-28	3629-25
	3629-28	3629-29	3638-49	3629-37	3628-51	3629-9	3627-31
	3629-12	3628-10	3629-31	3628-36	3628-33	3629-20	3628-43
	3628-17	3628-47	3628-22	3627-24	3628-27	3629-10	3628-26
	3628-24	3629-24	3629-26	3628-35	3628-48	3628-52	3627-29
	3627-8						
2	3628-37	513	3628-4				
3	3629-39	3629-7					
4	3628-42	3628-38	3628-1				
5	3627-25	3628-5	3628-29				
6	3628-45	3629-34					
7	3627-20	3628-40					
8	3629-27						
9	3629-38						
10	3629-16						
11	3628-2						
12	3628-23						
13	3628-16						

TABELA 3 - Valores genotípicos preditos (Vg), classificação (R) de sete genótipos de Conilon e valores relativos ao índice de Mulamba e Mock (1978) (Ij), para as características vigor vegetativo (VV), reação à ferrugem (RF) e à cercóspera (RC).

Genótipos	VV		RF		RC		Ij
	Vg	R	Vg	R	Vg	R	
3627-29	4,63	14	1,49	2	2,04	3	19
3628-42	5,25	1	1,56	5	2,21	15	21
3629-34	4,61	15	1,58	8	2,04	2	25
3628-40	4,7	9	1,51	4	2,21	14	27
3627-30	5,04	3	1,66	19	2,13	6	28
3628-45	4,59	17	1,62	13	1,98	1	31
3628-46	5,14	2	1,67	21	2,16	8	31
¹ Nova média	4,85		1,58		2,1		
² Ganho predito (%)	10,23		- 8,67		- 4,98		
Média das progênies	4,40		1,73		2,40		

¹Média de plantas selecionadas, ²Ganho genético aditivo predito (%)

Da mesma forma, a reação à cercospora apresentou uma redução de 4,98% com a seleção, e o vigor vegetativo das plantas (escala de nota) foi 10,23% superior à média geral.

População de robusta

As herdabilidades de parcelas individuais no sentido amplo foram significativas para as características VV, RC, NROrt, DCo, conduzindo a valores de elevada magnitude para as herdabilidades médias dos genótipos e acurácias das características RC, NROrt, DCo, avaliadas na população de conilon (Tabela 4). Por meio das elevadas estimativas de h^2 , são verificadas as confiabilidades, no que se refere a como os valores fenotípicos representam os valores genotípicos dos materiais genéticos estudados (Ferrão et al., 2008).

Considerando essas características, observam-se valores de 0,83, 0,82 e 0,74, respectivamente, para herdabilidade, e de 0,91, 0,85 e 0,86 para acurácia, o que indica um expressivo controle genético.

A acurácia da predição dos valores genótipos refere-se à correlação entre o valor genotípico

verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos, sendo importante parâmetro para a prática da seleção genotípica (RESENDE; DUARTE, 2007).

Corroborando esses resultados, as características VV, RC, NROrt, DCo apresentam alta magnitude de correlação genotípica, favorecendo a seleção precoce dos melhores genótipos, uma vez que há alta coincidência dos ranks ao longo das medições.

As medidas das dissimilaridades genéticas identificaram os genótipos 3360-173 e 3365-144 como mais similares, sendo esse último o mais similar de todos os genótipos avaliados. Por outro lado, os mais dissimilares foram os genótipos 514 e 3631-6 (dados não apresentados).

A análise de agrupamento pelo método Tocher (RAO, 1952), utilizando como medida de dissimilaridade as distâncias genéticas de Mahalanobis, classificou os genótipos em cinco grupos, associando, no primeiro grupo, 51 dos 56 genótipos avaliados (Tabela 5).

TABELA 4 - Média, componentes de variância e parâmetros genéticos para as características vigor vegetativo (VV), reação à ferrugem (RF) e à cercospora (RC), número de ramos ortotrópicos (NROrt), número de ramos plagiotrópicos (NRPla) e diâmetro da copa (DCo), avaliadas em 56 genótipos do grupo Robusta do Banco de Germoplasma da EPAMIG/UFV.

Parâmetros ¹	VV	RF	RC	NROrt	NRPla	DCo
h_g^2	0,11±0,05	0,04±0,03	0,28±0,08	0,15±0,06	0,08±0,05	0,18±0,07
h_m^2	0,59	0,00	0,83	0,72	0,47	0,74
AC_g	0,77	0,00	0,91	0,85	0,69	0,86
c_{bl}^2	0,00	0,02	0,03	0,02	0,01	0,10
c_{gm}^2	0,01	0,14	0,05	0,03	0,07	0,01
c_{perm}^2	0,56	0,01	0,06	0,08	0,33	0,43
r_{med}	0,93	0,23	0,84	0,82	0,54	0,95
Média	4,18	1,46	2,43	2,35	17,83	47,39

h_g^2 : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo; h_m^2 : herdabilidade ao nível de média de genótipos; AC_g : acurácia da predição de valores genotípicos; r : repetibilidade de parcelas individuais; c_{bl}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c_{gm}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições; c_{perm}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente; r_{med} : correlação genotípica através das medições; Média: média geral do experimento.

TABELA 5 - Agrupamento, pelo método de Tocher, de 56 genótipos do grupo Robusta pertencentes ao Banco de Germoplasma de *Coffea canephora* da EPAMIG/UFV, com base na dissimilaridade expressa pela distância genética de Mahalanobis, estimada a partir de seis características.

Grupos	Genótipos do grupo Robusta						
1	3360-169	3357-91	3371-22	3375-65	3371-19	3631-1	3631-13
	3631-9	3631-8	3356-76	3367-105	3370-50	3376-8	3368-52
	3367-98	3360-173	3631-5	3631-11	3356-71	3370-47	3366-139
	3366-134	3367-101	3630-6	3366-138	3375-66	3631-10	3357-93
	3377-12	3373-43	3630-2	3374-29	3363-125	3360-171	3630-10
	3371-20	3356-74	3367-96	3358-88	3376-9	3365-144	3361-151
	3362-118	3631-12	3630-7	3373-36	3631-3	3363-122	3367-97
	3631-4	3370-49					
2	3630-5	3631-2					
3	3631-6						
4	514						
5	3368-58						

De acordo com esses resultados, foi possível identificar como promissores os seguintes cruzamentos: 514 x 3630-5; 3630-6 x 3374-29; 514 x 3630-6; 514 x 3367-101; e, 3631-2 x 3360-169, os quais serão realizados pelo programa de melhoramento de *C. canephora* de Minas Gerais.

Com base nos parâmetros genéticos estimados, as características VV, RC, NR_{Ort}, DCo foram escolhidas para a seleção dos seis genótipos (intensidade de seleção de 10%) da população de Robusta. Visando aumentar a eficiência na seleção de cafeeiros, essas quatro características morfológicas foram correlacionadas positivamente com produtividade em conilon (RODRIGUES et al., 2012a).

Baseado na soma dos ranks das quatro características, foram selecionados os genótipos 3631-1, 514, 3360-169, 3631-3, 3631-2, 3630-6, os quais apresentaram ganhos preditos de 8,61% para VV, 10,69% para RC (seleção no sentido de decréscimo), 10,69% para NR_{Ort} e 11,19% para DCo. Esses resultados denotam que a seleção de plantas nessa população é bastante promissora.

4 CONCLUSÕES

No grupo kouilouensis, os genótipos 3628-52 e 3629-15 são considerados os mais similares e os 3628-2 e 3629-16 os mais dissimilares, enquanto que na população de robusta, os genótipos 3360-173 e 3365-144 são considerados os mais similares e 514 e 3631-6 os mais dissimilares.

Os principais cruzamentos intrapopulacionais para obter maior variabilidade genética dentro de cada grupo e aumentar a probabilidade de obter indivíduos superiores na descendência são: 3628-2 x 3628-23; 3628-23 x 3628-40; 3628-2 x 3629-34; 3628-2 x 3628-4; 3628-2 x 3627-24; e, 3628-2 x 3628-40, para o grupo kouilouensis; e, 514 x 3630-5; 3630-6 x 3374-29; 514 x 3630-6; 514 x 3367-101; e, 3631-2 x 3360-169, para o grupo Robusta.

5 AGRADECIMENTOS

Ao Consórcio Pesquisa Café, à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico,

pelo aporte financeiro ao programa de melhoramento genético do cafeeiro da EPAMIG e pela concessão de bolsas de doutorado (DCFB), de PNPd (JCR) e de produtividade em pesquisa (AAP).

6 REFERÊNCIAS

BRITO, G. G. de et al. Inheritance of coffee leaf rust resistance and identification of AFLP markers linked to the resistance gene. *Euphytica*, Wageningen, v. 173, n. 2, p. 255-264, 2010.

CECON, P. R. Análise de medidas repetidas na avaliação de clones de café 'Conilon'. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 43, p. 1171-1176, 2008.

COSTA, R. B. da et al. Predição de parâmetros e valores genéticos para caracteres de crescimento e produção de látex em progênies de seringueira. *Bragantia*, Campinas, v. 69, n. 1, p. 49-56, 2010.

- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. v. 1, 480 p.
- FERRÃO, M. A. G. et al. Genetic divergence in Conilon coffee revealed by RAPD markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, p. 67-74, 2009.
- FERRÃO, R. G. et al. **Café conilon**. Vitória: Incaper, 2007. 702 p.
- _____. Parâmetros genéticos em café Conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, p. 61-69, 2008.
- FONSECA, A. F. A. et al. Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, p. 599-605, 2006.
- IVOGLO, M. G. et al. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, Campinas, v. 67, p. 823-831, 2008.
- MISTRO, J. C. et al. Estimates of genetic parameters and expected genetic gains with selection in robust coffee. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, p. 86-91, 2004.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.
- RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, 1952. 390 p.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- _____. **Selegen-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Curitiba: EMBRAPA Florestas, 2007. 359 p.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, p. 182-194, 2007.
- ROCHA, R. B. et al. Avaliação genética de procedências de bandarra (*Schizolobium amazonicum*) utilizando REML/BLUP: máxima verossimilhança restrita/Melhor predição linear não viciada. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 37, n. 84, p. 351-358, dez. 2009.
- RODRIGUES, W. N. et al. Crop yield of conilon coffee plants of different levels of vegetative vigor and rust severity. **Nucleus**, Ituverava, v. 9, p. 1-6, 2012a.
- _____. Estimativa de parâmetros genéticos de grupos de clones de café conilon. **Coffee Science**, Lavras, v. 7, n. 2, p. 177-186, 2012b.
- SANTOS, F. S. et al. Predição de ganhos genéticos por índice de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 3, p. 389-396, 2007.
- SILVA, M. do C. et al. Coffee resistance to the main diseases: leaf rust and coffee berry disease Braz. **Journal of Plant Physiology**, Irvine, v. 18, p. 119-147, 2006.
- SOUZA, F. F. **Divergência genética em clones de café conilon (*Coffea canephora* Pierre.) coletados em Rondônia**. Porto Velho: EMBRAPA Rondônia, 2005. 3 p. (Comunicado Técnico, 289).