

# Divergência genética entre clones de café conilon no Estado do Espírito Santo

Romario Gava Ferrão<sup>1</sup>, Maria Amelia Gava Ferrão<sup>2</sup>, Paulo Sergio Volpi<sup>3</sup>, Abraão Carlos Verdin Filho<sup>3</sup>, Aymbiré Francisco Almeida da Fonseca<sup>2</sup>, Comercio Marcone<sup>3</sup>, Joao Felipe de Brites Senras<sup>4</sup>

Submissão: 10/06/2023

Aprovação: 30/09/2023

**Resumo** – A cafeicultura de conilon se destaca no Espírito Santo em produção, tecnologia e qualidade no âmbito econômico e social. O grande avanço no conilon capixaba advém, sobretudo, de um programa de pesquisa científica contínuo e aplicado, executado há quase quatro décadas nas diferentes áreas do conhecimento, com destaque para o melhoramento genético. Os estudos de divergência genética são estratégicos em programa de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi estudar a divergência genética por diferentes metodologias em clones de café conilon do Programa de Melhoramento Genético do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). Para análise da divergência genética foram utilizadas as técnicas de distância generalizada de Mahalanobis, agrupamento de Tocher e a dispersão gráfica pela técnica de variáveis canônicas. Foram avaliados, em experimentos sem irrigação, por cinco colheitas, 14 características de 40 genótipos de conilon em Sooretama e Marilândia, locais de cultivos representativos do estado. Pela concordância adequada de resultados e complementaridade de informações das diferentes técnicas, o estudo de divergência genética deve ser utilizado como uma ferramenta na definição de progenitores para hibridações e agrupamento de clones para formação de novas cultivares. O estudo possibilitou melhor compreensão das distâncias genéticas relativas dos genótipos de café conilon, nos dois ambientes mais representativos da cafeicultura de Robusta no Estado do Espírito Santo. Os resultados de divergência genética desse trabalho, associados ao potencial produtivo, estabilidade de produção, estimativa de parâmetros genéticos, repetibilidade, interação genótipo x ambientes utilizando o mesmo banco de dados, já publicados, mostram que os materiais genéticos ES 309, ES 311, ES 328, ES 329, ES 337 e ES 01-T2 e os ES 308, ES 309, ES 311, ES 321, ES 327, ES 328, ES 329, ES 337 e ES 01-T2, caracterizaram-se como genótipos promissores para serem mantidos e usados no Programa de Melhoramento genético de conilon para o Espírito Santo.

**Palavras-chave:** Café Conilon. Genética e melhoramento. Clones. Divergência genética.

## Genetic divergence between conilon coffee clones in the state of Espírito Santo

**Abstract** - Conilon coffee production stands out in Espírito Santo in terms of production, technology and quality in the economic and social spheres. The great advance in capixaba conilon comes, above all, from a continuous and applied scientific research program carried out for almost four decades in different areas of knowledge, with emphasis on genetic improvement. Genetic divergence studies are strategic in breeding programs. The objective of this work was to study the genetic divergence by different methodologies in Conilon coffee clones from the Genetic Improvement Program of the Capixaba Institute for Research, Technical Assistance and Rural Extension (Incaper). In experiments without irrigation for five harvests, 14 characteristics of 40 conilon genotypes in Sooretama and Marilândia, representative cultivation sites in the state, were evaluated. For the analysis of genetic divergence, Mahalanobis' generalized distance, Tocher's grouping and graphic dispersion using the canonical variables technique were used. Due to the adequate agreement of results and complementarity of information from different techniques, the study of genetic divergence should be used as a tool in the definition of progenitors for hybridizations and grouping of clones for the formation of new cultivars. The study enabled a better understanding of the relative genetic distances of the Conilon coffee genotypes, in the two most representative environments of Robusta coffee growing in the State of Espírito Santo. The genetic divergence results of this work, associated with the productive potential, production stability, estimation of genetic parameters, repeatability, genotype x environment interaction using the same database, already published, show that the genetic materials ES 309, ES 311, ES 328, ES 329, ES 337 and ES 01-T2 and ES 308, ES 309, ES 311, ES 321, ES 327, ES 328, ES 329, ES 337 and ES 01-T2 were characterized as promising genotypes to be maintained and used in the Improvement Program, Espírito Santo.

**Keywords:** Conilon coffee. Genotypes. Genetics and breeding. Genetic divergence.

1 D.Sc Genética e Melhoramento, Pesquisador e Coordenador de Pesquisa das Faculdades Brasileira, Centro Universitário Multivix, Vitória, ES, e-mail: romario.ferrao@multivix.edu.br

2 Pesquisadores aposentados da Embrapa Café/Incaper, Vitória, ES

3 Pesquisadores do Incaper do Incaper, Fazenda Experimental Marilândia, Marilândia, ES

4 Pesquisador do Incaper da Fazenda Experimental de Bananal do Norte, Cachoeiro de Itapemirim, ES

## INTRODUÇÃO

O café é a segunda bebida natural mais consumida no mundo, após a água, e é produzido por mais de 80 países em diferentes continentes. Dentre as mais de 120 espécies, a *Coffea arabica*, denominado café arábica, e a *Coffea canephora*, conilon e ou robusta, representam todo o café produzido e consumido no mundo, nas proporções de 60% e 40%, respectivamente.

O Brasil é o maior produtor de café, com cerca de 38% do total mundial, que está na ordem de 160 a 170 milhões de sacas de 60 quilos por ano. O Espírito Santo representa menos de 0,5% do território brasileiro, mas é a segunda maior cafeicultura nacional, após a de Minas Gerais.

A cafeicultura capixaba de arábica e conilon sobressai em produção, tecnologia e qualidade, sendo reconhecida por ser uma atividade sustentável no âmbito econômico, social e ambiental. O maior destaque do conilon, que coloca o estado como o maior produtor brasileiro, com mais de 70% do que é produzido no Brasil (Conab, 2022), advém de um programa de pesquisa científica contínuo e aplicado nas diferentes áreas do conhecimento, com destaque para o melhoramento genético.

O programa de melhoramento genético de café conilon vem sendo desenvolvido desde 1985 por diferentes instituições de pesquisa do Estado do Espírito Santo, mas com destaque para o Instituto Capixaba de Pesquisa Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), que nessas quase quatro décadas de trabalhos desenvolveu, lançou e disponibilizou aos cafeicultores de todas as regiões do Estado 11 cultivares clonais e propagadas por sementes. Esses materiais genéticos têm sido a base dos novos plantios e renovação da cafeicultura de conilon capixaba (Ferrão et al., 2019, 2021).

O sucesso de um programa de melhoramento reside na existência de variabilidade genética na população de trabalho. Os melhoristas têm recomendado, para a formação de população-base, o intercruzamento entre cultivares superiores e divergentes. Ainda é muito importante trabalhar com bancos de dados experimentais nos quais se avalia genótipos, locais e anos, o comportamento dos materiais genéticos para diferentes características associadas à produção e qualidade final do produto. Assim, é estratégi-

co para se ter êxito em programa de melhoramento via sexual e assexual realizar as análises estatísticas e biométricas, como análise de variância, testes de médias, estimativas de parâmetros genéticos, interação genótipo x ambiente e estudos de repetibilidade e de divergência genética (Ferrão et al., 2017, 2019, 2020, 2021ab, 2022).

A divergência genética tem sido avaliada por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose, ou por processos preditivos. A estatística multivariada tem sido amplamente utilizada para quantificar a divergência genética. Tendo em mãos um banco de dados envolvendo diferentes variáveis de interesse para a espécie em estudo, provenientes de experimentos, é possível integrar às múltiplas informações e escolher os progenitores mais divergentes que terão maiores probabilidades de promover resultados satisfatórios em um programa de melhoramento (Cruz et al., 2012; Ferrão et al., 2019b).

Assim, a estimação da divergência genética em *Coffea canephora* apresenta essencialmente duas importâncias: a identificação de progenitores divergentes para cruzamentos; a identificação de progenitores produtivos e similares que, ao serem propagados vegetativamente e agrupados para formação de cultivares clonais uniformes e de alto rendimento, ou variedades sintéticas propagadas por sementes que são mais rústicas e apresentam maior variabilidade genética.

Em um programa de melhoramento, o estudo da diversidade genética através de análises biométricas é de primordial importância, principalmente, no início de programas, na definição de estratégias de trabalhos. Esses estudos apresentam os seguintes objetivos: definição de populações-base para seleção recorrente recíproca, identificação de progenitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que também proporcionem maior segregação em recombinação, agrupamento de materiais genéticos mais similares para formação de variedades sintéticas e caracterização da variabilidade de recursos genéticos em bancos de germoplasmas “in situ” e “ex situ”. Bons progenitores para melhoramento genético deverão possuir médias altas e divergência genética, ser complementares e estáveis e possuir as características de interesse no melhoramento.

No estudo de divergência genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados. Dentre eles, ci-

tam-se a análise por componentes principais e por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. Estes métodos diferem dos demais, em razão de dependerem fundamentalmente de medidas de similaridade estimadas previamente, como a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis, dentre outras. Já no método dos componentes principais ou análise por variáveis canônicas, o objetivo é avaliar a similaridade entre os indivíduos, por intermédio de uma dispersão gráfica, em que se consideram em geral dois eixos cartesianos. A escolha do método mais adequado tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (Cruz; Carvalho; Vencovsky, 1994; Cruz; Carneiro, 2003; Cruz; Regazzi; Carneiro, 2004, 2012).

Poucos são os trabalhos de divergência genética encontrados na literatura na espécie *Coffea canephora*. Pelas técnicas envolvendo análises multivariadas utilizando dados fenotípicos, têm-se os trabalhos de Fonseca (1999), Fonseca et al. (2003ab) e Sousa et al. (2003) com café conilon. Através das técnicas de marcadores moleculares envolvendo germoplasma de robusta, podem-se citar os trabalhos de Berthaud (1986), Orozco-Castillo et al. (1994), Cabral et al. (1999), Lashermes et al. (1999), Ruas et al. (1999); Silva et al. (2000); Ferrão, R et al., 2003a, Ivoglo et al., (2008), Ferrão, M et al., (2009ab), Souza (2011), Dalcomo (2013). Os resumos desses trabalhos encontram-se publicados por Ferrão et al. (2017, 2019).

Neste artigo, trabalhou-se com um banco de dados de 40 genótipos do programa de melhoramento genético de café conilon do Incaper, avaliados em experimentos de campo em dois locais representativos da cultura do conilon do Espírito Santo, para 14 características associadas à produção e qualidade final do produto. O estudo que analisa a divergência genética nesse citado banco de dados complementa os trabalhos já publicados sobre variabilidade genética e teste de médias, interação genótipos x ambientes, estimativas de parâmetros genéticos e estudos de repetibilidade (Ferrão et al., 2020a, 2021ab, 2022).

O objetivo deste trabalho foi estudar a divergência genética por meio de diferentes metodologias entre genótipos de café conilon do Programa de Melhoramento Genético do Incaper no Estado do Espírito Santo.

## MATERIAIS E MÉTODO

Quarenta genótipos de *Coffea canephora* variedade conilon, do Programa de Melhoramento Genético de Café Conilon do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), sendo 35 desses genótipos clones descendentes da seleção fenotípica de plantas em lavouras de produtores da região norte do Estado do Espírito Santo e os outros cinco utilizados como testemunhas, foram avaliados em experimentos instalados nas Fazendas Experimentais do Incaper de Sooretama e Marilândia, nos respectivos municípios capixabas. Esses ambientes, localizados nas regiões nordeste e noroeste do Espírito Santo, representam cerca de 70% do parque cafeeiro de conilon do Estado.

Segundo a carta agroclimática do Espírito Santo (Feitosa, 1986) e os trabalhos realizados por Tanques e Dadalto (2017), Sooretama está situada na região noroeste do Estado, na altitude de 40 m, solo classificado como Latossolo Vermelho-Amarelo Distrófico Arenoso (80% de areia) de baixa fertilidade; precipitação pluviométrica média anual de 1.200 mm, mal distribuída; temperatura média anual de 24 °C; umidade relativa média do ar de 80%; e topografia plana com vento sul predominante. O município de Marilândia situa-se na região nordeste do Estado, à 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.

Os experimentos foram conduzidos sem irrigação, no delineamento experimental de blocos casualizados, com seis repetições, no espaçamento de 3,0 m entre linhas e 1,5 m entre plantas. As adubações e manejo das plantas foram realizadas seguindo Ferrão et al. (2012, 2017).

A análise de divergência genética foi realizada nos dois locais separadamente, com base em quatro das seis repetições dos experimentos, 14 caracteres avaliados em cinco colheitas. As características analisadas em cada genótipo foram: ciclo – período, em número de dias, da florada principal à completa maturação dos frutos (C); produtividade média de grãos – kg/ha (PMG); relação café cereja e café coco (CeCo); relação café cereja e café beneficiado (CeBe); relação café coco e café beneficiado (CoBe); porcentagem de grãos "chochos" (GCHO); porcen-

tagem de grãos “chatos” (GCHA); porcentagem de grãos “mocas” (GMO); porcentagem de umidade dos grãos (UMI); porcentagem de grãos retidos na peneira 17 (P17); porcentagem de grãos retidos na peneira 15 (P15); porcentagem de grãos retidos na peneira 13 (P13); e porcentagem de grãos retidos na peneira 11 (P11) e peneira média (PM).

## ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA POR TÉCNICAS MULTIVARIADAS

A divergência genética entre genótipos em cada local foi determinada pelas técnicas multivariadas, baseadas na análise de agrupamento e de variáveis canônicas, seguindo Cruz e Carneiro (2003), Cruz, Regazzi e Carneiro (2012).

### Análise de agrupamento

Essa análise envolve, basicamente, as seguintes etapas: 1) estimação da medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os materiais a serem agrupados; e 2) emprego de técnicas de agrupamento para a formação dos grupos. Neste estudo, utilizou-se como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis, enquanto para a formação dos grupos foi empregada a técnica de otimização proposta por Tocher, citado por Rao (1952).

#### Distância generalizada de Mahalanobis ( $D^{2ii'}$ )

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

#### Estimação de $D^{2ii'}$ a partir de variáveis originais

Seja  $X_{ijk}$  a observação referente à  $j$ -ésima característica ( $j = 1, 2, \dots, n$ ) no  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, p$ ) e na  $k$ -ésima repetição ( $k = 1, 2, \dots, r$ ). A partir dessas observações, são estimadas as médias  $X_{ij}$  e a matriz de covariância residual entre os caracteres.

A estatística  $D^{2ii'}$  é definida por:

$$D^{2ii'} = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

em que:

$D^{2ii'}$  = distância de Mahalanobis entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;

$\Psi$  = matriz de variâncias e covariâncias residuais; e

$\delta = [d_1 \ d_2 \ \dots \ d_n]$ , sendo  $d_j = X_{ij} - X_{i'j}$  a diferença entre a média de dois tratamentos  $i$  e  $i'$  em relação à característica  $j$ .

#### Estimação de $D^{2ii'}$ a partir de variáveis transformadas

A condensação pivotal consiste em se justapor à direita da matriz de dispersão a matriz de identidade  $e$ , em seguida, por operações elementares nas linhas, transformam-se os elementos de cada coluna, de maneira que a diagonal assumam valor 1 e valor 0 (zero) abaixo dela. Assim, as variáveis são padronizadas. A sequência dos elementos da matriz justaposta à direita, após cada condensação, corresponde aos coeficientes de transformação linear das variáveis originais em variáveis não correlacionadas, e o elemento da diagonal transformado na unidade corresponde à variável daquela variável não correlacionada (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012).

#### Métodos de agrupamento

Um dos métodos mais comumente utilizados para agrupamento de materiais genéticos é o de Tocher, citado por Rao (1952).

#### Método de otimização de Tocher

O método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares, que formarão o grupo inicial. A partir daí, é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância intergrupo.

A inclusão de um indivíduo em um grupo aumenta o valor médio dentro desse grupo. Assim, pode-se tomar a decisão de incluir o indivíduo em um grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido, que pode ser estabelecido arbitrariamente, ou adotado, como tem sido geralmente realizado, o valor máximo ( $\theta$ ) da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada indivíduo. Assim, a inclusão ou não do indivíduo  $k$  no grupo é realizada como a seguir:

Se  $d_{(grupo)k} / n < \theta$ , inclui-se o indivíduo  $k$  no grupo; e

Se  $d_{(grupo)k} / n > \theta$ , o indivíduo  $k$  não é incluído no grupo, sendo  $n =$  o número de indivíduos que constituem o grupo original.

A distância entre o indivíduo  $k$  e o grupo formado pelos indivíduos  $ij$  é

dada por:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

#### Divergência genética por variáveis canônicas

Para a análise de variáveis canônicas, cada variável é uma combinação linear das variáveis originais, independentes entre si e estimadas com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da informação, em termos de variação total, contida nos dados originais. Essa técnica mantém o princípio do processo de agrupamento com base na distância generalizada de Mahalanobis, ou seja, leva em consideração a matriz de covariância residual e a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados. Em estudos de divergência genética, tal procedimento permite plotar e identificar os genótipos mais similares em gráficos bi ou tridimensionais.

Seja  $X_{ij}$  a média do  $j$ -ésimo caráter ( $j = 1, 2, 3, \dots, n$ ) avaliados no  $i$ -ésimo tratamento ( $i = 1, 2, 3, \dots, p$ ),  $T$  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 em um novo conjunto de variáveis, que são funções lineares dos  $X$ 's, com propriedades definidas (Cruz, Regazzi, Carneiro, 2012).

a) Se  $Y_i j$  é uma variável canônica, então:

$$Y_{ij} = a_1 X_{i1} + a_2 X_{i2} + a_3 X_{i3} + \dots + a_n X_{in}$$

b) Se  $Y_i j'$  é outra variável, tem-se:

$$Y_{ij'} = b_1 X_{i1} + b_2 X_{i2} + b_3 X_{i3} + \dots + b_n X_{in}$$

tal que:

$$\sum_j \sum_j a_j a_j \hat{\sigma}_{jj'} = \sum_j \sum_j b_j b_j \hat{\sigma}_{jj'} = 1$$

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

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

c) Dente 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:

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

em que a  $j$ -ésima variância é dada pela raiz característica (autovalor) de ordem correspondente, obtida pela solução de:

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

em que:

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

$E$  = matriz de covariâncias residuais;

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

$\alpha_j$  = autovetor associado a cada estimativa dos autovalores de  $E^{-1}T$ , cujos elementos são os coeficientes de ponderações 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. Logo, para maior simplificação e facilidade de cálculo, as variáveis canônicas têm sido estimadas a partir de dados transformados por meio da condensação pivotal (Rao, 1952). Nesse processo, obtêm-se novas variáveis com variâncias residuais iguais à unidade e covariâncias nulas. Detalhes dessa operação matemática encontram-se em Cruz e Regazzi (1997), Cruz e Carneiro (2003) e Cruz et al. (2004). Dessa forma, o conjunto de variáveis originais  $X_1, X_2, X_3, \dots, X_n$  é transformado, pelo processo de condensação pivotal, em um conjunto novo de variáveis padronizadas  $Z_1, Z_2, Z_3, \dots, Z_n$ , com a matriz de covariâncias fenotípicas iguais a  $T^*$  e a matriz de covariâncias residuais igual à matriz de identidade ( $I$ ). Assim, as variáveis canônicas são obtidas pelos autovetores de  $T^*$  e suas variâncias correspondem aos respectivos

autovalores, estimados pela solução do seguinte sistema:

$$(T^* - \lambda_j) \alpha_j = \Phi$$

Nesse caso,  $\alpha_j$  representa o autovetor cujos elementos são coeficientes de ponderação das variáveis obtidas por condensação pivotal. É interessante estimar os coeficientes de ponderação associados às variáveis originais, para que seja avaliada a contribuição de cada característica para determinada variável canônica. Esses coeficientes constituem o autovetor "a" que pode ser obtido de  $\alpha_j$  ou a partir do sistema:

$$(E - T - \lambda_j) \alpha = \Phi$$

Para a dispersão gráfica, é indiferente considerar uma combinação linear de variáveis transformadas (por condensação pivotal) ou a combinação linear das características originais, pois os escores obtidos serão os mesmos. Ressalta-se que a análise gráfica, para estudo do padrão de similaridade entre os genótipos, deve ser considerada quando for possível resumir em poucas variáveis aproximadamente 80% da variação total disponível.

A importância relativa de cada variável canônica é dada pela razão entre a variância por ela quantificada,  $\lambda_j$ , e o total da variância disponível. A escolha das variáveis canônicas a serem submetidas à seleção, para o estudo de divergência genética, depende da variação acumulada, referenciada como acima de 80%. Assim, os escores relativos às primeiras variáveis são utilizados para a dispersão dos genótipos em gráficos de dispersão.

Análises estatísticas e biométricas foram realizadas pelo programa computacional Genes (Cruz, 2001, 2008).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### ANÁLISE MULTIVARIADA

A importância dos estudos de divergência genética no melhoramento genético deve-se ao fato de a identificação de progenitores em programas de cruzamentos possibilitar a obtenção de combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior probabilidade de recuperação de genótipos superiores nas

gerações segregantes (Cruz et al., 1994), além de facilitar o conhecimento da base genética da população.

Para Dias et al. (1997), nos estudos de divergência genética visando buscar subsídios para programas de melhoramento, devem-se definir variáveis bem relacionadas com os aspectos econômicos e comerciais. No entanto, são inapropriadas as inclusões das variáveis que se apresentem fortemente correlacionadas com outras já consideradas nos estudos (Cruz; Carneiro, 2003; Cruz; Regazzi; Carneiro, 2004, 2012).

### Dissimilaridade genética avaliada pela distância generalizada de Mahalanobis

A distância generalizada de Mahalanobis é a mais robusta das medidas de distância para análise de dados quantitativos, referenciada em numerosos trabalhos com distâncias genéticas, quando aplicadas em dados experimentais (Dias, 1998).

Nas Tabelas 1 e 2 são apresentadas as medidas de dissimilaridade genética entre os pares de genótipos, em Sooretama e Marilândia, respectivamente, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii'}$ ).

Em Sooretama (Tabela 1), os pares de genótipos mais dissimilares foram: ES 309 e ES 318 (121,90), ES 311 e ES 318 (147,42), ES 311 e ES 335 (139,78), ES 311 e ES 339 (147,65), ES 318 e ES 321 (141,60), ES 318 e ES 322 (138,93), ES 318 e ES 335 (128,78), ES 318 e ES 340 (135,55) e ES 318 com ES 01(T2) (153,93), com  $D^2_{ii'}$  variando de 121,90 a 153,93. Os pares de genótipos ES 316 e ES 320 (4,55), ES 316 e ES 326 (4,55), ES 319 e ES 326 (4,83) e ES 323 e ES 331 (3,60), ES 323 e ES 332 (3,18), ES 327 e ES 331 (4,59), ES 329 e ES 336 (4,87), ES 330 e ES 336 (3,11) foram os mais similares entre os demais pares estudados, com  $D^2_{ii'}$  variando de 3,11 a 4,87.

Em Sooretama (Tabela 3), os genótipos ES 308, ES 309, ES 311, ES 317, ES 318, ES 335, ES 339 e ES 01 (T<sub>2</sub>) destacaram-se como os mais dissimilares, com as seguintes distâncias de Mahalanobis médias (DMM): o clone ES 309 esteve envolvido 12 vezes entre todos os pares de genótipos com as maiores distâncias (DMM=94,5); ES 308, envolvido 14 vezes (DMM=99,0); o clone ES 311, envolvido 32 vezes (DMM=113,6); ES 318, 35 vezes (DMM=143,5); e o

clone ES 01 (T2), 25 vezes (DMM=121,4). Os materiais genéticos ES 331 e ES 332 mostraram-se de menores distâncias médias, com DMM de 5,0 e 3,9, respectivamente.

**Tabela 1.** Medidas de dissimilaridade entre pares de 40 genótipos de café conilon, obtidas em relação a 14 características (C, PMG, CeCo, CeBe, CoBe, GCHO, GCHA, GMO, UMI, P17, P15, P13, P11 e PM), com base na distância generalizada de Mahalanobis, oriundas de cinco colheitas, em Sooretama, ES.

T/G	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
	ES 306	ES 307	ES 308	ES 309	ES 310	ES 311	ES 312	ES 313	ES 314	ES 315	ES 316	ES 317	ES 318	ES 319	ES 320	ES 321	ES 322	ES 323	ES 324	ES 325
1 ES 306		26,47	30,22	67,64	19,26	115,02	42,66	27,01	31,69	37,86	47,90	19,26	67,66	40,25	46,67	42,98	35,15	11,11	35,20	41,00
2 ES 307			46,87	18,18	26,61	49,53	17,72	6,91	7,91	44,84	12,34	44,77	98,78	7,65	6,31	16,87	27,76	15,07	9,91	13,36
3 ES 308				84,37	18,18	109,10	34,98	67,79	26,08	21,21	46,57	11,86	15,33	54,41	50,14	93,12	92,81	22,10	38,35	37,87
4 ES 309					25,14	25,86	35,35	21,80	25,75	71,82	10,35	90,11	121,90	20,19	8,46	24,08	46,64	43,92	23,14	34,68
5 ES 310						80,27														
6 ES 311							107,15	30,79	40,94	21,11	37,41	48,42	14,52	72,72	37,37	43,02	65,55	65,95	18,79	29,39
7 ES 312								61,61	67,90	43,95	104,14	30,78	117,97	147,42	50,99	26,87	83,75	113,62	86,36	49,11
8 ES 313										33,95	7,96	42,36	11,22	44,65	72,03	11,09	16,24	45,95	56,17	13,59
9 ES 314											22,61	53,84	23,46	60,24	116,89	13,05	17,74	5,39	11,89	21,82
10 ES 315												26,93		8,51	32,76	63,12	9,97	6,18	37,89	50,28
11 ES 316														41,77	30,89	45,55	46,61	65,89	67,04	27,84
12 ES 317																53,83	80,33	11,32	4,55	34,86
13 ES 318																		60,65	56,57	89,02
14 ES 319																			98,56	91,61
15 ES 320																				141,60
16 ES 321																				19,61
17 ES 322																				28,14
18 ES 323																				47,22
19 ES 324																				6,89
20 ES 325																				32,60
21 ES 326	50,39																			
22 ES 327		9,20																		
23 ES 328			60,81																	
24 ES 329				11,63																
25 ES 330					49,71															
26 ES 331						39,71														
27 ES 332							10,72													
28 ES 333								16,83												
29 ES 334									10,44											
30 ES 335										53,46										
31 ES 336											4,55									
32 ES 337												67,81								
33 ES 338													103,29							
34 ES 339														4,83						
35 ES 340															5,77					
36 ES 341																22,82				
37 ES 342																	37,57			
38 ES 343																		24,39		
39 VCP																			6,43	
40 VSM																				18,33

Continua..

Tabela 1 – Cont.

T G	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40
	ES326	ES 327	ES 328	ES 329	ES 330	ES 331	ES 332	ES 333	ES 334	ES 335	ES 336	ES 337	ES 338	ES 339	ES 340	ES 36	ES 01	ES 23	VCP	VSM
1 ES 306		16,98	33,97	32,69	17,08	7,21	11,55	18,79	7,97	24,88	19,47	64,16	19,31	31,11	40,68	34,85	94,52	10,08	26,42	15,26
2 ES 307			9,98	11,18	9,42	15,72	5,84	8,97	13,02	34,17	11,39	13,24	31,82	48,07	16,98	15,16	39,33	8,87	12,60	3,96
3 ES 308				65,27	11,18	52,52	17,47	26,17	47,07	33,03	74,17	56,72	71,89	12,05	72,53	85,00	73,54	44,87	62,90	42,33
4 ES 309					38,80	51,54	35,32	31,54	51,16	81,86	41,96	12,03	64,90	94,45	30,02	16,22	13,78	41,64	25,21	23,47
5 ES 310						9,76	14,31	29,56	14,22	28,90	26,97	57,94	21,69	41,52	62,71	58,02	107,82	20,31	47,20	25,43
6 ES 311							72,93													
7 ES 312								75,11												
8 ES 313									17,00											
9 ES 314										13,60										
10 ES 315											48,35									
11 ES 316												46,17								
12 ES 317													5,06							
13 ES 318														88,26						
14 ES 319															42,01					
15 ES 320																66,08				
16 ES 321																	113,16			
17 ES 322																		135,55		
18 ES 323																			26,71	
19 ES 324																				21,85
20 ES 325	9,62																			
21 ES326		14,95																		
22 ES 327			4,37																	
23 ES 328				21,71																
24 ES 329					20,17															
25 ES 330						20,47														
26 ES 331							11,55													
27 ES 332								17,20												
28 ES 333									21,89											
29 ES 334										48,88										
30 ES 335											21,85									
31 ES 336												18,91								
32 ES 337													30,89							
33 ES 338														65,24						
34 ES 339															42,71					
35 ES 340																39,71				
36 ES 341																	27,42			
37 ES 342																		27,42		
38 ES 343																			27,33	
39 VCP																				18,33
40 VSM																				12,85

T = tratamentos e G = genótipos.

**Tabela 2.** Medidas de dissimilaridade entre pares de 40 genótipos de café conilon, obtidas em relação a 14 características (C, PMG, CeCo, CeBe, CoBe, GCHO, GCHA, GMO, UMI, P17, P15, P13, P11 e PM), com base na distância generalizada de Mahalanobis, oriundas de cinco colheitas, em Marilândia, ES.

T	G	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
		ES 306	ES 307	ES 308	ES 309	ES 310	ES 311	ES 312	ES 313	ES 314	ES 315	ES 316	ES 317	ES 318	ES 319	ES 320	ES 321	ES 322	ES 323	ES 324	ES 325	
1	ES 306																					
2	ES 307	37,20																				
3	ES 308		51,63																			
4	ES 309			67,27																		
5	ES 310				106,90																	
6	ES 311					16,64																
7	ES 312						83,07															
8	ES 313							36,36														
9	ES 314								28,81													
10	ES 315									27,23												
11	ES 316										124,82											
12	ES 317											48,77										
13	ES 318												57,15									
14	ES 319													6,68								
15	ES 320														21,74							
16	ES 321															63,16						
17	ES 322																78,67					
18	ES 323																	40,92				
19	ES 324																		21,07			
20	ES 325																			46,26		
21	ES 326	35,29																			18,22	
22	ES 327		7,19																			10,55
23	ES 328			75,37																		16,50
24	ES 329				31,22																	37,09
25	ES 330					37,41																21,86
26	ES 331						20,35															30,26
27	ES 332							9,65														4,89
28	ES 333								10,68													21,06
29	ES 334									7,59												22,65
30	ES 335										159,16											11,20
31	ES 336											8,10										6,03
32	ES 337												60,46									12,21
33	ES 338													94,53								14,99
34	ES 339														4,85							40,06
35	ES 340															6,30						43,76
36	ES 36																19,99					28,21
37	ES 01																	21,46				25,83
38	ES 23																		18,22			11,82
39	VCP																			15,47		8,70
40	VSM																				15,47	11,17

Continua...

Tabela 2 – Cont.

T	G	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	
		ES 326	ES 327	ES 328	ES 329	ES 330	ES 331	ES 332	ES 333	ES 334	ES 335	ES 336	ES 337	ES 338	ES 339	ES 340	ES 36	ES 01	ES 23	VCP	VSM	
1	ES 306	35,29																				
2	ES 307		40,47																			
3	ES 308			21,01																		
4	ES 309				57,52																	
5	ES 310					14,01																
6	ES 311						18,21															
7	ES 312							9,19														
8	ES 313								11,27													
9	ES 314									11,27												
10	ES 315										22,50											
11	ES 316											79,34										
12	ES 317												40,32									
13	ES 318													33,47								
14	ES 319														45,12							
15	ES 320															28,44						
16	ES 321																72,86					
17	ES 322																	25,08				
18	ES 323																		44,36			
19	ES 324																			40,16		
20	ES 325																				53,68	
21	ES326																					73,19
22	ES 327		46,35																			10,31
23	ES 328			26,35																		66,69
24	ES 329				22,08																	23,21
25	ES 330					8,96																14,55
26	ES 331						37,95															17,21
27	ES 332							3,06														29,06
28	ES 333								6,22													26,16
29	ES 334									6,22												26,16
30	ES 335										20,39											26,16
31	ES 336											12,99										26,16
32	ES 337												7,85									26,16
33	ES 338													6,01								26,16
34	ES 339														3,91							26,16
35	ES 340															111,60						26,16
36	ES 36																38,24					26,16
37	ES 01																	22,83				26,16
38	ES 23																		34,93			26,16
39	VCP																			42,51		26,16
40	VSM																				15,26	26,16

T = tratamentos e G = genótipos.

Em Marilândia (Tabela 2), os pares de genótipos ES 307 e ES 315 (144, 08), ES 309 e ES 315 (211,70), ES 309 e ES 317 (133,22), ES 309 e ES 318 (161,44), ES 311 e ES 315 (191,56), ES 312 e ES 315 (130,42), ES 313 e ES 315 (148,19), ES 315 e ES 316 (131,59), ES 315 e ES 319 (150,16), ES 315 e ES 320(158,22), ES 315 e ES 321 (190,99), ES 315 e ES 322 (153,92), ES

315 e ES 326 (159,16), ES 315 e ES 328 (133,37), ES 315 e ES 329 (150,79) e ES 318 com ES 321 (135,10) mostraram-se como os mais dissimilares, com D<sup>2</sup>ii' variando de 130,42 a 211,70. Os pares ES 307 e ES 319 (3,75), ES 307 e ES 320 (4,08), ES 310 e ES 331 (3,08), ES 311 e ES337 (3,91), ES 312 e ES 314 (4,56), ES 314 e ES 319 (4,86), ES 319 e ES 326

(4,85), ES 310 e ES 327 (4,24), ES 324 e ES 333 (1,28) e ES 325 e ES 330 (4,89) foram os mais similares entre todos os demais pares estudados, com D2ii' variando de 1,28 a 4,89.

Em Marilândia (Tabela 3), os genótipos ES 308, ES 309, ES 311, ES 315, ES 317, ES 318, ES 32, ES 337, ES 338 e ES 01 (T<sub>2</sub>) destacaram-se como os mais dissimilares entre os 40 materiais, com as seguintes distâncias de Mahalanobis médias (DMM): o clone ES 309 esteve envolvido 23 vezes, entre todos os pares de genótipos, com as maiores distâncias médias (DMM=155,6); o clone ES 311, envolvido em 21 vezes (DMM=128,3); ES 315, 33 vezes (DMM=187,3); ES 318, 27 vezes (DMM=131,9); e o clone ES 01 (T<sub>2</sub>), 12 vezes (DMM=117,6). Os materiais genéticos ES 307, ES 310, ES 319, ES 324 e ES 331 mostraram-se os mais similares, com DMM de 5,0 a 6,1.

Com exceção dos clones ES 315 e ES 318, os demais são promissores para hibridação, pois, além de

considerável divergência genética, possuem bom potencial produtivo e outras características importantes.

Em Sooretama, apesar de o clone ES 318 mostrar-se o mais divergente em relação aos demais, deve-se ter cuidado ao elegê-lo para programa de melhoramento, por apresentar características desfavoráveis, como baixo potencial de produção e alta porcentagem de grãos chochos e grãos pequenos. No entanto, os clones ES 309 e ES 311, apesar de não estarem entre os genótipos mais produtivos, apresentam alta divergência genética, associada a outras características de interesse, como porte mais ereto, alto vigor vegetativo e grãos grandes. Os clones ES 329 e ES 337, mesmo apresentando divergência genética de magnitudes intermediárias, são promissores em programas de melhoramento pela alta produtividade e elevada estabilidade de produção, associadas a outras características de interesse, como alto vigor de planta e grãos grandes. O clone ES 01 (T<sub>2</sub>) é o de maior potencial, por agregar nele várias características de interesse, como: alta divergência genética,

**Tabela 3.** Medidas de dissimilaridade média e relação dos genótipos menos similares e mais similares de café conilon, com base nas distâncias generalizadas de Mahalanobis, envolvendo 40 genótipos, 14 características (C, PMG, CeCo, CeBe, CoBe, GCHO, GCHA, GMO, UMI, P17, P15, P13, P11 e PM), em Sooretama e Marilândia, ES.

T G	Sooretama											Marilândia														
	Média Geral	Menos Similar					Mais Similar					Média Geral	Menos Similar					Mais Similar								
		Genótipos					Médias						Genótipos					Médias								
1 ES 306	34,9	6	37	13	4	32	81,8	26	29	38	18	27	9,6	38,4	10	4	6	32	37	95,4	28	19	29	12	26	11,4
2 ES 307	21,3	13	6	34	3	10	57,2	40	27	15	8	14	5,9	3,02	10	13	3	38	12	83,4	14	15	11	21	25	6,0
3 ES 308	50,6	37	6	16	17	35	99,0	12	33	13	26	22	15,3	55,2	4	6	16	17	32	105,9	33	27	26	13	5	16,2
4 ES 309	41,9	13	34	12	3	30	94,5	15	11	21	32	37	11,3	71,0	10	13	33	12	3	155,6	37	16	6	32	11	22,0
5 ES 310	39,3	37	6	4	13	17	86,8	26	22	29	27	12	12,6	30,1	4	10	6	32	37	77,7	26	22	34	27	29	5,2
6 ES 311	78,3	34	13	20	12	1	113,6	37	4	32	15	11	24,5	61,1	10	13	33	3	12	128,3	32	11	37	21	4	13,9
7 ES 312	32,4	34	37	13	30	6	70,9	19	20	23	9	21	6,6	28,9	10	13	33	4	3	71,3	9	14	21	2	11	8,3
8 ES 313	26,0	13	6	3	12	10	73,3	40	16	31	2	25	6,1	28,7	10	13	3	33	12	86,7	36	17	18	39	21	7,5
9 ES 334	23,5	13	34	17	30	37	53,4	19	15	20	27	23	6,8	25,6	10	13	4	33	3	69,6	7	14	21	31	29	7,1
10 ES 315	46,1	6	37	4	35	17	81,7	33	3	9	26	18	21,8	122,7	4	6	16	37	32	187,3	33	3	13	27	34	50,5
11 ES 316	30,8	34	13	30	12	17	69,8	15	21	19	9	32	6,7	32,3	10	13	33	12	3	76,6	32	2	14	21	9	7,6
12 ES 317	54,0	6	37	4	16	17	99,6	3	22	26	5	1	13,9	47,6	4	6	16	32	37	103,7	26	1	27	22	5	12,3
13 ES 318	90,8	37	6	16	17	35	143,5	3	33	10	12	26	34,8	74,2	4	16	6	37	32	131,9	33	12	3	27	26	24,0
14 ES 319	25,8	13	12	34	3	6	64,7	21	19	2	20	15	7,4	28,0	10	13	3	33	12	82,1	2	21	9	7	15	5,0
15 ES 320	27,7	13	34	30	12	3	66,0	11	32	21	9	2	5,7	34,8	10	13	3	33	12	97,3	2	14	21	11	15	7,6
16 ES 321	36,6	13	6	3	12	6	74,7	8	39	17	35	26	7,1	47,7	10	13	33	3	12	127,5	35	8	17	36	37	14,7
17 ES 322	42,7	13	6	3	12	37	101,3	16	25	39	8	31	10,8	38,2	10	13	3	33	12	99,9	8	36	18	39	30	8,9
18 ES 323	24,7	6	37	13	34	4	62,3	27	26	28	29	40	6,4	28,6	10	13	6	33	3	74,7	8	30	17	39	24	8,7
19 ES 324	26,2	13	34	30	37	6	62,0	7	9	20	11	21	5,4	25,0	10	4	13	3	6	69,1	28	29	25	39	40	6,1
20 ES 325	28,6	13	37	6	34	30	66,5	7	23	19	9	14	5,8	27,8	10	13	4	3	6	73,2	25	14	39	19	2	8,2
21 ES 326	29,6	13	34	12	30	3	74,5	11	14	32	15	19	5,4	30,7	10	13	3	33	12	92,9	14	15	2	9	11	6,8
22 ES 327	28,6	6	37	13	34	17	67,0	26	27	23	18	5	8,1	37,7	4	6	10	32	37	86,7	5	26	27	34	29	8,9
23 ES 328	27,7	13	34	6	37	30	67,8	20	19	7	9	27	7,2	33,8	10	4	6	13	37	81,8	31	29	9	26	7	11,2
24 ES 329	29,2	13	6	3	12	37	76,5	31	8	25	40	2	8,9	38,4	10	13	33	12	3	94,9	18	31	8	9	7	15,5
25 ES 330	25,2	13	6	37	3	10	73,1	31	28	40	29	38	5,5	26,9	10	13	3	33	4	73,7	20	19	14	36	2	6,9
26 ES 331	25,7	6	37	13	4	32	65,2	27	18	22	29	1	5,0	30,8	4	6	10	16	37	77,8	5	27	22	29	12	5,5
27 ES 332	19,8	6	13	37	34	4	55,9	18	26	40	29	28	3,9	31,1	4	6	37	16	32	75,0	26	5	29	40	33	7,4
28 ES 333	24,1	13	6	37	24	3	64,8	27	25	40	18	38	6,4	27,2	10	4	13	3	6	71,4	19	29	1	25	17	7,2
29 ES 334	24,3	6	37	13	4	32	67,2	38	27	26	25	31	5,5	22,3	10	4	6	32	13	62,5	28	19	40	5	26	6,4
30 ES 335	46,5	6	13	37	4	11	107,1	34	38	29	31	24	14,7	31,2	10	13	6	4	32	85,0	18	40	39	31	8	9,7
31 ES 336	26,7	13	6	37	3	12	75,3	25	24	8	38	29	5,3	28,7	10	4	13	6	32	77,9	29	5	23	9	26	8,6
32 ES 337	36,9	13	34	12	3	30	84,0	21	15	11	4	14	9,0	52,7	10	13	12	33	38	111,9	6	11	37	2	21	11,7
33 ES 338	35,3	6	37	4	16	32	72,7	10	3	26	19	18	11,9	52,6	4	6	16	37	32	111,3	2	27	26	13	12	13,2
34 ES 339	55,7	6	13	37	4	11	111,2	30	29	38	31	24	21,4	37,1	6	4	32	10	37	82,0	5	22	30	26	40	11,3
35 ES 340	38,6	13	6	3	12	10	91,0	16	8	39	24	36	10,4	35,5	10	13	3	33	12	90,3	16	15	36	2	8	12,0
36 ES 36	32,3	13	3	12	6	5	74,3	39	8	16	40	35	8,9	28,4	10	13	3	33	12	78,4	39	8	17	25	19	6,6
37 ES 01	66,8	13	12	3	34	30	121,4	6	4	32	15	36	21,4	49,3	10	13	33	3	12	117,4	6	32	4	11	16	13,7
38 ES 23	24,5	13	6	37	3	4	66,2	40	29	27	31	25	5,1	41,0	10	4	6	32	37	93,5	40	29	5	27	39	18,4
39 VCP	28,2	13	6	3	12	27	73,3	36	16	40	8	35	7,4	26,1	10	13	4	6	3	71,0	40	36	19	25	20	6,4
40 VSM	19,7	13	6	37	3	12	54,9	2	38	27	8	28	4,1	25,4	10	4	6	32	13	69,1	39	29	19	30	27	7,4

T = tratamento e G = genótipos.

alta produtividade e estabilidade de produção, menor efeito da bionalidade, bom rendimento no beneficiamento, baixa porcentagem de grãos “chochos” e alta

porcentagem de grãos chatos, grãos grandes e boa uniformidade de maturação, entre outras.

Em Marilândia, apesar de os clones ES 315 e ES 318 se mostrarem como os mais divergentes em relação aos demais materiais, existem restrições em utilizá-los em programas de melhoramento, por apresentarem baixas produtividades e estabilidade de produção, grãos pequenos, baixa uniformidade de maturação e alta porcentagem de grãos do tipo “moca”. No entanto, como já mencionados em Sooretama, clones como ES 308, ES 309, ES 311, ES 314, ES 327, ES 328, ES 329, ES 337 e ES 01 (T2), apesar de apresentarem divergência genética de magnitudes intermediárias a alta, exibem produtividades e características agrônomicas e comerciais superiores. Assim, são considerados como boas opções para serem utilizados em programas de melhoramento.

De modo geral, houve certa concordância de resultados em relação à variação e ordem de classificação dos genótipos nos dois locais. Em Marilândia, o clone ES 315 foi o que apresentou a maior dissimilaridade média com os demais materiais genéticos, enquanto em Sooretama teve estimativa de magnitude intermediária. Assim, pode-se concluir que a divergência genética pode ser influenciada pelas condições edafoclimáticas.

Entre os genótipos estudados nos dois locais, os materiais genéticos de maior e menor divergência genética foram os que apresentaram estimativas de 211,70 e 1,28, respectivamente. Fonseca (1999) e Fonseca et al. (2003) encontraram divergência genética de 0,67 a 87,74 em um conjunto de clones

diferentes desses, ou seja, do Programa de Melhoramento Genético de Café Conilon do Incaper.

### Agrupamento de genótipos de café conilon

#### Método de otimização de Tocher

No agrupamento pelo método de otimização de Tocher, adota-se o critério de que a média de dissimilaridade dentro de cada grupo seja menor que a distância média entre grupos (Cruz; Carneiro, 2003; Cruz; Regazzi; Carneiro, 2004, 2012).

Os grupos de similaridade genética entre os genótipos estabelecidos pelo método de Tocher, a partir da distância generalizada de Mahalanobis em Sooretama e Marilândia encontram-se na Tabela 4.

Em Sooretama, verificou-se a formação de 10 grupos. O genótipo 36 (ES 36-T<sub>1</sub>) mostrou-se como um dos mais divergentes, constituindo o grupo X, seguido pelos genótipos 1 (ES 306), grupo IX; 3 (ES 308) e 13 (ES 318), grupo VIII; 37 (ES 01-T<sub>2</sub>) e 6 (ES 311), grupo VII; 32 (ES337) e 4 (ES 309), grupo VI. A maioria dos genótipos mais dissimilares pela distância generalizada de Mahalanobis (Tabela 3) foi enquadrada nos grupos VI a X, pelo método de Tocher. Os materiais genéticos com menores distâncias de Mahalanobis estiveram agrupados no grupo I, podendo citar os genótipos 2 (ES 307), 7 (ES 312), 9 (ES 314), 11 (ES 316), 14 (ES 319), 15 (ES 320), 19 (ES 324), 20 (ES 325), 21 (ES 326), 23 (ES 328), 2 (ES 332), 28 (ES 333) e 40 (VSM-T<sub>5</sub>).

**Tabela 4.** Agrupamento, pelo método de Tocher, de 40 genótipos de café conilon com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis estimada a partir de 14 características (C, PMG, CeCo, CeBe, CoBe, GCHO, GCHA, GMO, UMI, P17, P15, P13, P11 e PM), em Sooretama e Marilândia, ES.

Grupos	Genótipos em Sooretama	Genótipos em Marilândia
I	7(ES 312) 19(ES 324) 20(ES 325) 23(ES 328) 9(ES 314) 14(ES 319) 21(ES 326) 11(ES 316) 15(ES 320) 2(ES 307) 27(ES 332) 40(VSM-T <sub>5</sub> ) 28(ES 333) 18(ES 323)	19(ES 324) 28(ES 333) 29(ES 334) 40(VSM-T <sub>5</sub> ) 39(VCP-T <sub>4</sub> ) 25(ES 330) 20(ES 325) 36(ES 36-T <sub>1</sub> ) 14(ES 319) 9(ES 314) 8(ES 313) 21(ES 326) 2(ES 307) 7(ES 312) 15(ES 320) 18(ES 323) 11(ES 316) 31(ES 336) 30(ES 335) 17(ES 322) 35(ES 340) 23(ES 328) 5(ES 310) 26(ES 331) 27(ES 332) 24(ES 329) 1(ES 306) 34(ES 339)
II	25(ES 330) 31(ES 336) 38(ES 23-T <sub>3</sub> ) 29(ES 334) 8(ES 313) 24(ES 329) 39(VCP-T <sub>4</sub> ) 16(ES 321) 17(ES 322) 35(ES 340)	6(ES 311) 32(ES 337) 37(ES 01-T <sub>2</sub> ) 4(ES 309) 16(ES 321)

III	22(ES 327) 26(ES 331) 5(ES 310) 12(ES 317)	3(ES 308) 33(ES 338) 13(ES 318) 12(ES 317) 22(ES 327)
IV	10(ES 315) 33(ES 338)	38(ES 23-T <sub>3</sub> )
V	30(ES 335) 34(ES 339)	10(ES 315)
VI	4(ES 309) 32(ES 337)	
VII	6(ES 311) 37(ES 01-T <sub>2</sub> )	
VIII	3(ES 308) 13(ES 318)	
IX	1(ES 306)	
X	36(ES 36-T <sub>1</sub> )	

Em Marilândia foram formados cinco grupos. O clone 10 (ES 315) mostrou-se como um dos materiais mais divergentes, constituindo, assim, o grupo V, seguido pelos genótipos 38 (ES 23-T<sub>3</sub>), no grupo IV, e os 3 (ES 308), 33 (ES 338), 13 (ES 318), 12 (ES 317) e 22 (ES 327), no grupo III. A maioria dos genótipos mais dissimilares pela distância generalizada de Mahalanobis (Tabela 3) pertenceu aos grupos III, IV e V, no método de Tocher. Os materiais genéticos com menores distâncias médias de Mahalanobis estiveram agrupados no grupo I, sendo eles: 2 (ES 307), 7 (ES 312), 8 (ES 313), 11 (ES 316), 14 (ES 319), 15 (ES 320), 19 (ES 324), 21 (ES 326), 25 (ES 330), 28 (ES 333), 29 (ES 334), 36 (ES 36-T<sub>1</sub>), 39 (VCP-T<sub>4</sub>) e 40 (VSP-T<sub>5</sub>).

Apesar de o número de grupos formados não ter sido igual em Sooretama e Marilândia, verificou-se razoável concordância quanto à similaridade e dissimilaridades dos materiais genéticos que compõem os dois locais.

Os resultados oferecem consistência ao presente trabalho, ainda mais quando comparados com os de outros, a exemplo dos obtidos por Ferrão, M et al., (2009ab), Fonseca (1999) e Souza (2011).

Em Marilândia, os genótipos mais dissimilares foram: 10 (ES 315), 13 (ES 318), 38 (ES 23-T<sub>3</sub>), 4 (ES 309), 37 (ES 01-T<sub>1</sub>), 35 (ES 340), 16 (ES 321), 33 (ES 338), 3 (ES 308), 24 (ES 329) e 1 (ES 306). Desses, com exceção do clone 35 (ES 340), todos os demais pertenciam aos últimos quatro grupos de Tocher (Quadro 4), com exceção dos 35 (ES 340), 24 (ES 329) e 1 (ES 306); os demais apresentaram as maiores

estimativas médias de divergência genética pelo método da distância generalizada de Mahalanobis (Tabela 3). Todos os genótipos mais similares por esse método se encontraram agrupados no grupo I de Tocher (Tabela 4) e exibiram as menores distâncias generalizadas médias de Mahalanobis.

Verificou-se concordância parcial na classificação dos genótipos quanto à divergência genética nos dois locais estudados, com a utilização desse método, e alguns genótipos inverteram a ordem de classificação.

### Variáveis canônicas

O uso de variáveis canônicas no estudo de divergência genética teve como objetivo a identificação e distribuição dos genótipos similares e dissimilares em gráficos de dimensão bi ou tridimensional, visando à simplificação da visualização e interpretação dos resultados, como um método auxiliar ao de agrupamento de Tocher.

A viabilidade da utilização da técnica de variáveis canônicas em estudo de divergência genética está restrita à concentração da variabilidade disponível entre as primeiras variáveis, a qual é referenciada por muitos autores, citados por Cruz e Regazzi (1997) e Cruz e Carneiro (2003, 2004) como acima de 80%. Segundo esses autores, a técnica consiste na transposição de um espaço n-dimensional para bidimensional, de forma que ocorra um pequeno grau de distorção, até considerado desprezível, na transposição dos citados espaços. Quando as duas primeiras variáveis canônicas não acumulam no mínimo 80%

da variação total, utiliza-se a complementação em relação à terceira e, se necessário, a outras de ordem maior até atingir o limite superior.

As Tabelas 5 e 6 contêm as estimativas dos autovalores ( $\lambda_i$ ) associadas às variáveis canônicas ( $VC_i$ ), as variâncias acumuladas (%) e as respectivas importâncias relativas (autovetores) das diferentes variáveis, em Sooretama e Marilândia, respectivamente. Nota-se, nestes quadros, que nos dois locais, em virtude da acumulação de porcentagem próxima a 80% da variação total, foi necessário o uso das três primeiras variáveis canônicas. Dessa forma, em cada local, os materiais genéticos foram dispersos de forma bidimensionais, envolvendo as duas primeiras variáveis canônicas e a primeira e a terceira variável canônica. Para ilustrar a dispersão dos genótipos nos dois locais, usaremos os gráficos tridimensionais (Figura 1 e 2).

Em Sooretama (Tabela 5), a importância relativa das duas primeiras variáveis canônicas explicou 69,36% da variância total. Dessa forma, utilizaram-se as três primeiras variáveis canônicas, cuja dispersão gráfica se encontra nas Figuras 1, 2 e 3. Nessas figuras, distingue-se visualmente, com clareza, o grande distanciamento dos genótipos 13 (ES 318), 6 (ES 311), 3 (ES 308), 37 (ES 01-T<sub>2</sub>) e 4 (ES 309), pertencentes aos últimos grupos de Tocher, bem como a proximidade entre os genótipos 7 (ES 312), 9 (ES 314), 19 (ES324), 15 (ES 320), 21 (ES 326), 20 (ES 325), 2

(ES 307), 14 (ES 319), 40 (VSM-T5), 27 (ES 332), 23 (ES 328) e 11 (ES 316), incluídos no primeiro grupo de Tocher. Através dessa técnica, visualizam-se os materiais genéticos mais similares e os mais dissimilares. Assim, é possível agrupar esses genótipos e ter resultados concordantes com os encontrados pela técnica de agrupamento de Tocher. Apesar da complementaridade das técnicas do agrupamento de Tocher com a dispersão gráfica por variáveis canônicas, verifica-se, pela primeira técnica, que o tratamento 36 (ES 36-T1) foi o mais dissimilar, já pela segunda técnica não ficou evidenciada a grande divergência genética do citado material em relação aos outros genótipos, conforme demonstrado no espaço tridimensional envolvendo as três primeiras variáveis canônicas (Figura 1).

Em Marilândia (Tabela 6), a importância relativa das duas primeiras variáveis canônicas explicou 66,89% da variância total, necessitando, assim, de utilizar as três primeiras variáveis para explicar aproximadamente 80% da variância total. As dispersões dos genótipos em gráfico encontram-se nas Figura 2. Nestas, visualiza-se com clareza que os genótipos de maiores distâncias em relação aos demais são os materiais genéticos 10 (ES 315), 13 (ES 318), 33 (ES 338), 12 (ES 317), 4 (ES 309), 32 (ES 337) e 16 (ES 321), pertencentes aos últimos grupos de Tocher, e os mais similares apresentam concentração na parte mediana dos gráficos, podendo ser vistos nos grupos 1 e 2, de Tocher.

**Tabela 5.** Estimativas dos autovalores ( $\lambda_i$ ), variação acumulada ( $\lambda_i - \%$ ), importância relativa dos caracteres e contribuição relativa dos caracteres para a divergência (%) das variáveis canônicas, obtidas com base em 40 genótipos e 14 características de café conilon, avaliadas em cinco colheitas, em Sooretama, ES.

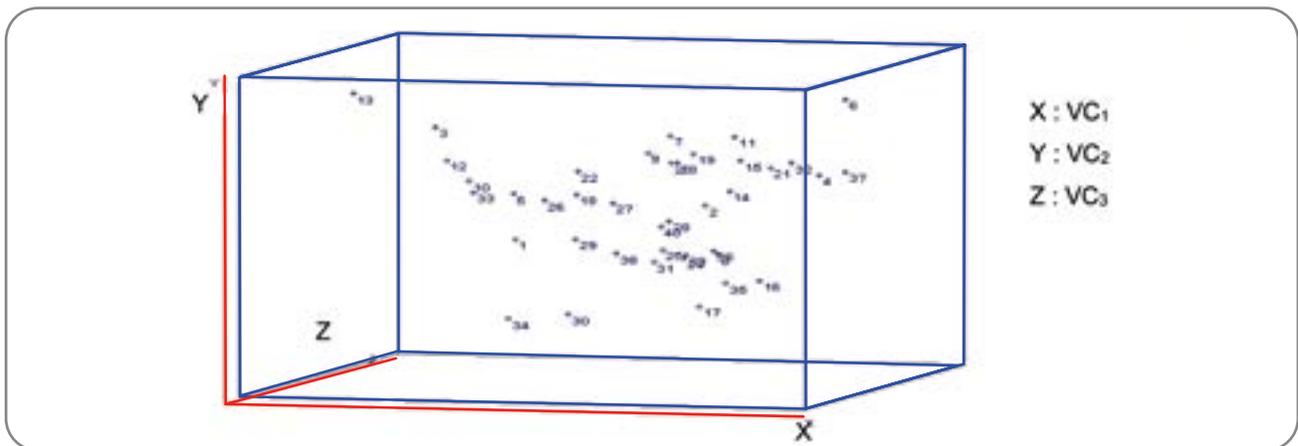
VC <sub>i</sub>	Autovalores ( $\lambda_i$ )	Variância Acumulada (%)	Importância Relativa dos Caracteres nas Variáveis Canônicas													
			C	PMG	CeCo	CeBe	CoBe	GCHO	GCHA	GMO	UMI	P17	P15	P13	P11	PM
VC <sub>1</sub>	7,023	39,42	0,399	0,137	-0,044	0,051	-0,004	0,359	-0,055	-0,071	-0,095	0,182	-0,250	-0,754	-0,588	0,189
VC <sub>2</sub>	5,333	69,36	-1,356	-0,013	-0,001	-0,213	-0,035	0,241	0,483	0,061	-0,007	1,046	0,866	0,964	1,094	0,269
VC <sub>3</sub>	2,001	80,59	-0,555	0,004	-0,117	-0,157	0,141	0,117	0,264	-0,033	0,037	-0,428	0,688	0,483	-0,316	0,221
VC <sub>4</sub>	1,164	87,13	-0,060	0,309	0,139	-0,089	-0,087	-0,089	-0,159	-0,133	-0,106	-0,435	-1,552	-0,246	-1,246	0,623
VC <sub>5</sub>	1,018	92,84	0,357	-0,475	0,087	0,031	0,042	0,070	0,760	-0,250	0,080	-0,506	-0,907	-0,758	-0,825	-0,341
VC <sub>6</sub>	0,472	95,49	-0,010	0,707	0,220	0,484	-0,289	-0,336	0,416	-0,070	-0,056	0,042	0,190	-0,168	0,305	-0,497
VC <sub>7</sub>	0,302	97,19	-0,423	-0,416	0,379	0,983	-0,466	-0,507	-0,217	0,031	-0,077	0,645	0,830	0,782	0,429	-0,128
VC <sub>8</sub>	0,191	98,26	-0,074	0,172	-0,939	1,094	-0,201	0,405	0,105	0,145	-0,015	0,305	0,262	0,442	0,162	0,002
VC <sub>9</sub>	0,106	98,86	-0,057	-0,017	0,598	-0,186	-0,467	0,833	-0,495	-0,397	0,243	-0,792	-0,873	-0,767	-0,541	0,566
VC <sub>10</sub>	0,071	99,26	-0,107	-0,015	0,174	-0,364	0,853	-0,305	-0,407	-0,406	0,164	-2,189	-2,448	-2,085	-1,171	2,000
VC <sub>11</sub>	0,049	99,53	-0,024	0,033	0,502	-0,614	0,569	0,178	0,190	0,174	0,091	2,093	2,442	2,339	1,414	-1,173
VC <sub>12</sub>	0,039	99,75	-0,080	0,046	-0,008	-0,030	0,281	-0,249	-0,125	-0,132	0,883	0,815	0,875	0,733	0,439	-0,758
VC <sub>13</sub>	0,029	99,91	0,052	-0,009	-0,054	0,235	-0,510	0,110	0,957	0,985	0,333	-1,570	-1,917	-1,779	-1,143	0,771
VC <sub>14</sub>	0,016	100,0	0,130	-0,006	0,462	0,570	-0,843	0,086	-0,553	-0,637	0,143	0,674	1,033	1,150	1,005	0,471
S <sub>j</sub> (%)	-	-	23,718	4,247	1,016	3,063	0,197	1,086	6,311	1,157	0,193	17,189	0,455	13,457	22,641	5,269

C = período, em número de dias, da florada principal à completa maturação dos frutos; PMG = produção média de grãos; CeCo = relação café cereja e café em coco; CoBe = relação café coco e café beneficiado; CeBe = relação café cereja e café beneficiado; GCHO = percentual de grãos chocos; GCHA = percentual de grãos “chatos”; GMO = percentual de grãos “mocas”, UMI = porcentagem de umidade dos grãos; P17, P15, P13, P11 e PM = percentual de grãos retidos nas peneiras 17, 15, 13 e 11, respectivamente; PM = peneira média; e S<sub>j</sub> = contribuição relativa dos caracteres (%) para divergência genética (Singh, 1981).

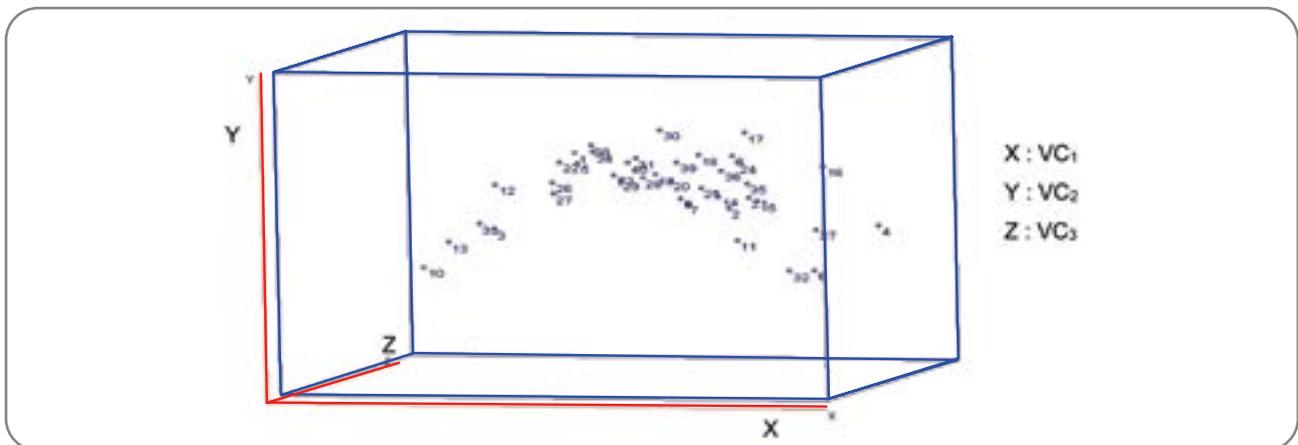
**Tabela 6.** Estimativas dos autovalores ( $\lambda_i$ ), variação acumulada ( $\lambda_i - \%$ ), importância relativa dos caracteres e contribuição relativa dos caracteres para a divergência (%) das variáveis canônicas, obtidas com base em 40 genótipos e 14 características de café conilon, avaliadas em cinco colheitas, em Marilândia, ES.

VC <sub>i</sub>	Autovalores ( $\lambda_i$ )	Variância Acumulada (%)	Importância Relativa dos Caracteres nas Variáveis Canônicas													
			C	PMG	CeCo	CeBe	CoBe	GCHO	GCHA	GMO	UMI	P17	P15	P13	P11	PM
VC <sub>1</sub>	9,875	50,51	0,110	0,026	-0,049	0,031	0,033	0,304	-0,072	-0,141	-0,161	0,797	0,933	0,463	-0,051	0,027
VC <sub>2</sub>	3,204	66,89	0,491	0,062	-0,146	0,063	0,226	0,014	0,157	0,325	0,076	-0,206	0,576	0,940	0,001	0,146
VC <sub>3</sub>	2,112	77,70	0,707	0,264	-0,125	0,130	0,066	-0,178	-0,306	-0,074	0,072	-0,445	-0,559	-0,877	0,110	0,245
VC <sub>4</sub>	1,483	85,28	0,019	0,892	0,133	-0,282	0,181	-0,356	0,166	-0,078	0,089	0,021	0,290	0,034	0,039	-0,273
VC <sub>5</sub>	1,041	90,61	0,325	0,046	0,067	-0,087	0,223	0,090	0,016	-0,778	-0,022	0,448	-0,325	0,209	0,017	-0,108
VC <sub>6</sub>	0,657	93,97	-0,368	0,389	-0,378	0,443	0,316	0,417	-0,055	0,109	-0,122	0,069	0,082	0,076	0,023	-0,026
VC <sub>7</sub>	0,388	95,96	-0,098	-0,199	-0,166	-0,072	0,418	-0,175	-0,496	-0,954	-0,099	-0,440	0,359	-0,540	-0,196	-0,452
VC <sub>8</sub>	0,206	97,01	0,000	0,083	0,296	-0,132	0,000	0,239	1,475	1,330	0,238	-1,822	-1,722	-1,026	-0,135	1,996
VC <sub>9</sub>	0,199	98,03	0,116	0,073	-0,190	-0,625	-0,313	0,803	0,485	0,455	0,055	0,003	0,122	-0,180	-0,238	-0,482
VC <sub>10</sub>	0,152	98,81	0,121	-0,056	-0,010	0,766	-1,031	0,441	-2,142	-2,267	-0,388	0,069	0,349	-0,003	0,071	-0,355
VC <sub>11</sub>	0,099	99,32	0,007	0,056	-0,983	1,311	-0,707	-0,047	-2,464	-2,468	0,794	0,254	0,397	0,155	0,176	-0,266
VC <sub>12</sub>	0,067	99,66	0,114	-0,065	1,283	-1,090	0,741	0,117	-0,407	-0,390	0,400	0,339	0,192	-0,150	-0,470	-0,832
VC <sub>13</sub>	0,042	99,87	0,026	0,005	-0,315	0,595	-0,358	0,045	6,719	6,642	0,145	0,594	0,969	0,620	0,636	-0,425
VC <sub>14</sub>	0,025	100,0	-0,015	-0,037	0,655	-0,925	0,545	0,161	-2,757	-2,748	0,002	0,819	1,468	1,125	1,282	-0,206
S <sub>j</sub> (%)	-	-	11,183	6,828	0,692	1,973	2,070	3,373	0,717	4,973	0,740	26,977	33,891	3,238	2,103	1,723

C= período, em número de dias, da florada principal à completa maturação dos frutos; PMG = produção média de grãos; CeCo = relação café cereja e café em coco; CoBe = relação café coco e café beneficiado; CeBe = relação café cereja e café beneficiado; GCHO = percentual de grãos choccos; GCHA = percentual de grãos “chatos”; GMO = percentual de grãos “mocas”; UMI = porcentagem de umidade dos grãos; P17, P15, P13, P11 e PM = percentual de grãos retidos nas peneiras 17, 15, 13 e 11, respectivamente; PM = peneira média; e S<sub>j</sub> = contribuição relativa dos caracteres (%) para divergência genética (Singh, 1981).



**Figura 1.** Gráfico tridimensional da dispersão de 40 genótipos de café conilon em relação às variáveis canônicas VC1, VC2 e VC3, em Sooretama, ES.



**Figura 2.** Gráfico tridimensional da dispersão de 40 genótipos de café conilon em relação às variáveis canônicas VC1, VC2 e VC3, em Marilândia, ES.

Muitas vezes não é tarefa simples eleger materiais genéticos para serem incluídos em programas de melhoramento. Os estudos de divergência genética servem como um instrumento auxiliar na tomada de decisão. Por exemplo, em Sooretama, o clone 13 (ES 318) mostrou-se o mais divergente, mas deve-se ter cuidado em elegê-lo, pois apresenta baixo potencial produtivo, alta porcentagem de grãos “chocos” e grãos pequenos e baixa estabilidade de produção, conforme será mostrado no próximo capítulo. Os mesmos cuidados citados devem se ter na seleção dos clones 10 (ES 315) e 13 (ES 318) em Marilândia, pois, apesar de se mostrarem os mais divergentes, apresentam baixas produtividades e estabilidade de produção, alta porcentagem de grãos “mocás”, grãos pequenos e uniformidade de maturação indejável. Assim, na tomada de decisão, deve-se dar preferência à seleção de materiais divergentes, mas que possuam, também, características de interesse para os diferentes segmentos ligados à cafeicultura.

Em Sooretama, os clones 4 (ES 309), 6 (ES 311), 23 (ES 328), 24 (ES 329), 32 (ES 337) e 37 (ES 01-T2) e em Marilândia, os clones 3 (ES 308), 4 (ES 309), 6 (ES 311), 16 (ES 321), 22 (ES 327), 23 (ES 328), 24 (ES 329), 32 (ES 337) e 37 (ES 01-T2), são materiais genéticos potenciais para programas de melhoramento, pelo fato de estes, na sua maioria, apresentarem expressivas divergências genéticas, associadas a outras características visadas no melhoramento.

A elevada dissimilaridade genética dos materiais em Sooretama e Marilândia, onde a maior magnitude da distância generalizada de Mahalanobis foi da ordem de 153,93 e 211,70, respectivamente, caracteriza a existência de expressiva divergência genética entre os materiais estudados. Esses dados, associados a altas produtividades, em que alguns clones atingiram mais de 7.000 kg/ha em ambientes mais favoráveis, e também a presença de outras características de interesse, evidenciam a oportunidade de ganhos heteróticos e a possibilidade de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes, em programas de melhoramento com café conilon.

Acredita-se na obtenção de ganhos genéticos significativos no melhoramento intraespecífico, utilizando os resultados deste trabalho, pois Leroy et al. (1991, 1993, 1994 e 1997), trabalhando com seleção recorrente recíproca com duas populações divergentes de *Coffea canephora* na Costa do Marfim (“Guineana” e “Congolense”), têm obtido expressivos ganhos

genéticos em produtividade e em características relacionadas com a qualidade do café e resistência a doenças.

Os resultados obtidos nesses estudos, associados aos de Fonseca (1999), Fonseca et al. (2003ab), Ivoglo (2008), Ferrão, M et al., (2009ab), Dalcomo (2013), juntamente com a introdução de novos germoplasmas de outros países, poderão contribuir substancialmente em trabalhos de hibridação. Charrier e Berthaud (1995) afirmaram ser possível a obtenção de híbridos em *Coffea canephora* com produtividades semelhantes ou superiores àquelas obtidas pelos melhores clones.

Esses resultados de divergência genética, associados aos outros obtidos de outras análises biométricas, utilizando o banco de dados obtidos por esses experimentos, avaliados em dois locais, seis colheitas para 14 características associadas à produção e qualidade, como a avaliação da variabilidade genética, testes de médias, interação genótipo e ambiente, adaptabilidade e estabilidade de produção e repetibilidade, publicados por Ferrão et al. (2020, 2021ab, 2022), foram muito importantes e estratégicos para o programa de melhoramento genético de conilon no Espírito Santo, visando à obtenção de novas cultivares clonais, seminais e para alimentar o Banco Ativo de Germoplasmas visando trabalhos futuros.

## CONCLUSÃO

Na análise de dissimilaridade genética, avaliadas pela distância generalizada de Mahalanobis, verificou-se que os genótipos mais dissimilares foram ES 318 e ES 01 - T<sub>1</sub> em Sooretama, e ES 309 e ES 315 em Marilândia, com distâncias de 153,93 e 211,70, respectivamente. Já os mais similares foram os ES 330 e ES 336 em Sooretama, e ES 324 e ES 333 em Marilândia.

No agrupamento dos materiais genéticos pela técnica de Tocher, os genótipos foram distribuídos em 10 grupos em Sooretama, e cinco em Marilândia. Verificou-se concordância parcial entre a posição dos clones dos primeiros e últimos grupos dos dois locais.

Verificou-se adequada acurácia na concordância na disposição dos genótipos pelos diferentes métodos na análise de divergência genética. Pela dispersão gráfica dos genótipos através da técnica de variáveis

canônicas, verificou-se que os clones mais divergentes em Sooretama foram ES 318, ES 311, ES 308 e ES 01-T2, e em Marilândia ES 315, ES 318, ES 338, ES 317, 309, 337 e ES 321. Nos dois locais, esses genótipos se encontravam situados nos últimos grupos de Tocher.

Em Sooretama, pela análise de variáveis canônicas, 80,59% da variância acumulada foi explicada pelas três primeiras funções discriminantes canônicas com variâncias de 39,42%, 29,94% e 11,23%, respectivamente, enquanto em Marilândia as três primeiras funções canônicas proporcionaram uma variância acumulada de 77,70%, com variâncias de 50,51%, 16,35% e 10,81%, respectivamente.

Pela concordância parcial de resultados e complementaridade de informações das diferentes técnicas, o estudo de divergência genética deve ser utilizado como uma ferramenta na definição de progenitores para hibridações e para outras finalidades em programas de melhoramento de café conilon para o Espírito Santo.

Os resultados de divergência genética, associados ao potencial produtivo, estabilidade de produção e a outras características já estudadas e publicadas, utilizando esse banco de dados, os materiais genéticos ES 309, ES 311, ES 328, ES 329, ES 337 e ES 01-T2 e os ES 308, ES 309, ES 311, ES 321, ES 327, ES 328, ES 329, ES 337 e ES 01-T2 caracterizaram-se como genótipos promissores para serem mantidos e usados no Programa de Melhoramento genético de café conilon para o Estado do Espírito Santo.

## REFERÊNCIAS

- BERHAUD, J. **Evaluation de la rechesse génétique des populations sylvestres et de ses mécanismes organisateurs. Conséquences pour l'application.** Paris, FRA: ORSTOM, 1986. 379 p. (Document ORSTOM, 188).
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da sabra brasileira de café. 2022.** Cafés do Brasil. Brasília, DF: SPC/CONAB. 2022.
- CHARRIER, A.; BERTHAUD, J. Botanical classification of coffee. In: CLIFFORD, M. N.; WILLSON, K. C. (Eds.). **Coffee: botany, biochemistry and production of beans and beverage.** London; Sidney, 1985.
- CRUZ, C. D.; CARVALHO, S. P.; VENCOSKY, R. Estudos sobre divergência genética. II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência genética de progenitores. **Revista Ceres**, v. 41, n. 234, p. 183-190, 1994.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa, MG: UFV, 2001. 648 p.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes diversidade genética.** Viçosa, MG: UFV. 2008. 278p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. S. C. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, MG: UFV, 2003. v. 2, 586 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. v. 3, 480 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 2, 514p.
- DALCOMO, J. M. **Biometria do crescimento d e café conilon após a poda programada de ciclo.** 117 f. 2013. Tese (Doutorado em produção vegetal) - Universidade Federal Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes, RJ: 2013.
- DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y.; CASTRO, G. C. T. Divergência genética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). **Agrotrópica**, v. 9, n. 1, p. 29-40, 1997.
- FEITOSA, L. T. **Carta agroclimática do Espírito Santo.** Vitória, ES: EMCAPA, 1986. (Mapa).
- FERRÃO, M. A. G.; RIVAS-SOUZA, E, M.; FONSECA, A. F. A. da.; FERRÃO, R. G.; ATAYDE, L. S. Divergência genética entre clones de *Coffea canephora* utilizando marcadores moleculares. In: 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2009. Guarapari, ES: **Anais...** Vitória, ES: Incaper, 2009a.
- FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A. da.; FERRÃO, R. G.; MAROTA, W. B.; RIVAS-SOUZA E, M. Genetic divergence in Conilon coffee revealed by RAPD markers. **Crop breeding and applied biotechnology.** V. 9, p. 67-94. 2009b.
- FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da.; FERRÃO,

- R. G.; VERDIN FILHO, A. C.; VOLPI, P. S.; DE MUNER, L. H. de.; LANI, J. A.; PREZOTTI, L. C.; VENTURA, A. J.; MARTINS, D. dos S.; MAURI, A. L.; MARQUES, E. M. G.; ZUCATELI, F. **Café Conilon: técnicas de produção com variedades melhoradas**. 4. ed. – revisada e ampliada. Vitória: INCAPER, 2012. 74 p. (Incaper – Circular técnica, 03-I).
- FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. Da.; FERRÃO, M. A. G.; DE MUNER, L. H. **Café conilon**. 2. ed. Revisada e ampliada. Vitória, ES: Incaper. 2017a. 784p.
- FERRÃO, R. G.; FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A. da.; FERRÃO, M. A. G.; PACOVA, B. E. V.; FERRÃO, L. F. V. Melhoramento genético de *Coffea canephora*. In: FERRÃO et al. (Ed.). **Café Conilon**. Vitória: INCAPER, 2017b. Cap.5.
- FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da; BRAGANÇA, S. M.; FERRÃO, M. A. G.; DE MUNER, L. H. (Eds.). **Conilon Coffee**. The *Coffea canephora* produced in Brazil. 3. ed – Updated and expanded. Vitória, ES: Incaper. 2019. 974p.
- FERRÃO, R. G.; FERRÃO, M. A. G.; VOLPI, P. S.; FONSECA, A. F. A. da.; VERIN FILHO, A. C. Interação genótipo x ambientes e estimativas de adaptabilidade e estabilidade em café conilon. **Revista Multi-Science Research (M-SR)**, Vitória, ES: Multivix, v.3, n.2, p. 25- 38, 2020a.
- FERRÃO, R. G.; FERRÃO, M. A. G.; VOLPI, P. S.; FONSECA, A. F. A. da.; VERIN FILHO, A. C.; COMÉRIO, M. Cultivares de café Conilon e Robusta. **Informe Agropecuário: cafés Conilon e Robusta, potencialidades e desafios**. Belo Horizonte, MG: Epamig, v. 41, n. 309. p. 17-25. 2020b.
- FERRÃO, R. G.; FERRÃO, M. A. G.; VOLPI, P. S.; FONSECA, A. F. A. da.; VERIN FILHO, A. C. Estimativas de parâmetros genéticos em clones de café conilon para o estado do Espírito Santo. **Revista Multi-Science Research (M-SR)**, Vitória, ES: Multivix, v.4, n.1, p. 06- 15, 2021a.
- FERRÃO, R. G.; FERRÃO, M. A. G.; VOLPI, P. S.; FONSECA, A. F. A. da.; VERIN FILHO, A. C.; COMÉRIO, M.; SENRA, J. F. de B. Repetibilidade de produção por diferentes métodos em genótipos de café conilon no Espírito Santo. **Multi-Science Research (M-SR)**, Vitória, ES: Multivix, v.4, n.2, p. 06- 15, 2021b.
- FERRÃO, R. G.; FERRÃO, M. A. G.; VOLPI, P. S.; FONSECA, A. F. A. da.; VERIN FILHO, A. C.; COMÉRIO, M.; SENRA, J. F. de S. Comportamento e a variabilidade genética entre clones de café conilon em ambientes representativos e não irrigados do Espírito Santo. **Multi-Science Research (M-SR)**, Vitória, ES: Multivix, v.5, n.2, p. 06- 15, 2022.
- FONSECA, A. F. A. da. **Análises biométricas em café Conilon** (*Coffea canephora* Pierre). Viçosa, MG: DFT/UFV, 1999. 123 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- FONSECA, A. F. A. da.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; FERRÃO, M. A. G.; FERRÃO, R. G.; SAKAYAMA, N. S. Divergência genética em café Conilon. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DE CAFÉS DO BRASIL, 3., 2003, Porto Seguro. **Anais...**, Brasília, DF: Embrapa café, 2003a. p. 235.
- FONSECA, A. F. A. da; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; SAKAYAMA, N. S. FERRÃO, R. G. FERRÃO, M. A. G.; BRAGANÇA, S. M. Análise discriminante multivariada para identificação e agrupamento de genótipos de café Conilon. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DE CAFÉS DO BRASIL, 3., 200. Porto Seguro. **Anais...** Brasília, DF: Embrapa café, 2003b. p. 215.
- IVOGLO, M.G.; FAZUOLI, L. C.; OLIVEIRA, A. C. B.; GALLO, P.B.; MISTRO, J. C.; SILVAROLLA, M.B.; TOMA-BRAGHINI, M. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, Campinas, SP: v. 67, n.4, p. 823-831, 2008.
- LASHERMES, P.; CAMBES, M. C.; TOPART, P.; ANTHONY, F. Genetic diversity and molecular mapping of coffee. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL SOBRE BIOTECNOLOGIA NA AGROINDÚSTRIA CAFEEIRA, 2., 1999. **Anais...** Londrina, PR: 1999. p. 121-123.
- LEROY, T.; CHARMETANT, P.; YAPO, A. Application de la sélection récurrent réciproque au caféier *Coffea canephora* Pierre: premier résultats du programme réalise en Côte d'Ivoire. **Cofé Cacao Thé**, v. 35, v. 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 evolution of breeding populations and valuer of intergroups hybrids. **Euphytica**, v. 67, n. 1, p. 113-125, 1993.
- LEROY, T.; MONTAGNON, C.; CILAS, C.; CHAR-

- RIER, 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.; CONTAGNON, 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.
- OROZCO-CASTILHO, C. K. J.; CHASLMERES, R. W.; POWELL, W. Detection of genetic diversity and selective gene introgression in coffee using RAPD markers. **Theor. Appl. Genet.**, v. 87, p. 934-940, 1994.
- RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Willey and Sons, 1952. 390 p.
- RUAS, P. M.; DINIS, L. E. C.; RUAS, C. F.; SERA, T. Variabilidade genética obtida por RAPD em espécies e híbridos de *Coffea*. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL SOBRE BIOTECNOLOGIA NA AGROINDÚSTRIA CAFEEIRA, 2., 1999. Londrina. **Anais...** Londrina, PR, 1999. p. 165-170.
- SILVA, D. G.; ZAMBOLIM, L.; SAKIYAMA, N. S.; SAKIYAMA, C. C. H.; FONSECA, A. F. A.; TEIXEIRA, T. A. Uso de marcadores RAPD. **Anais...** Poços de Caldas, MG: Embrapa café, 2000. v. 1, p. 134-137.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian journal of genetics e plant breeding**, New Delhi, v. 41, n. 2, p. 186-190, 1981.
- SOUSA, F. de F.; GAMA, F. de C.; SANTOS, M. M. dos. Análise multivariada de caracteres morfo-agronômicos em clones de café Conilon de maturação tardia da coleção de germoplasma da Embrapa Rondônia. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DE CAFÉS DO BRASIL, 3., 2003, Porto Seguro. **Anais...**, Brasília: Embrapa, 2003. p. 215.
- SOUZA, F. F. **Estudo sobre a diversidade, estrutura populacional, desequilíbrio de ligação e mapeamento associativo em *Coffea canephora***. 2011. 145 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG: 2011.
- TANQUES, R. C.; DADALTO, G. G. Zoneamento agroclimático para a cultura do café conilon no Estado do Espírito Santo. **Café conilon**. 2. ed. Vitória, ES: Incaper, 2017. Cap.3.