

**SELEÇÃO RECORRENTE EM CAFÉ CONILON VIA
MODELOS MISTOS**

CÍNTIA MACHADO DE OLIVEIRA MOULIN CARIAS

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2015**

**SELEÇÃO RECORRENTE EM CAFÉ CONILON VIA
MODELOS MISTOS**

CÍNTIA MACHADO DE OLIVEIRA MOULIN CARIAS

Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.

Orientador: Prof. Geraldo de Amaral Gravina

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2015

SELEÇÃO RECORRENTE EM CAFÉ CONILON VIA
MODELOS MISTOS

CÍNTIA MACHADO DE OLIVEIRA MOULIN CARIAS

Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.

Aprovada em 26 de fevereiro de 2015

Comissão Examinadora:

Dr^a. Maria Amélia Gava Ferrão (D. Sc., Genética e Melhoramento).
Embrapa Café/Incaper

Prof. Henrique Duarte Vieira (D. Sc., Produção Vegetal) – UENF

Prof. Rogério Figueiredo Daher (D. Sc., Produção Vegetal) – UENF

Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc. Fitotecnia) – UENF
(Orientador)

A Deus, o autor da vida.
Ao meu marido Clério Soares Moulin Carias, por todo o seu amor e serenidade
em todas as horas.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, por seu amor incondicional;

Ao meu marido Clério Soares Moulin Carias, pelo respeito e serenidade que me permitiu vencer;

Aos meus pais, Cirlene de Paula Machado de Oliveira e Edeneir Martins de Oliveira e a minhas queridas avós Leonina Machado de Oliveira e Maria Joaquina Soares Moulin, que me incentivaram a prosseguir fossem quais fossem os obstáculos;

Aos irmãos, cunhadas e sobrinha, Leonardo e Lívia, Fábio e Elisangela, Maria Eduarda, pelo enorme carinho que sempre tiveram por mim;

Aos meus familiares, que me encorajaram na busca desse título.

Aos meus queridos amigos do doutorado, pelo carinho e por tantas emoções vividas durante todo este tempo;

Ao grupo “Deus é +”, Claudia Lougon, Claudia Roberta, Gislainne Brito, Raimundo Nonato, Andréa Barros e a todos os novos integrantes e visitantes que participavam conosco, o meu muito obrigado. Não vou esquecer-me de tudo o que fizeram por mim;

Às amigas de república, Cíntia, Elisa, Anne, Laura, Claudia Roberta, Gislanne, Claudia Lougon, pelo enorme carinho e paciência;

Ao pastor Sandro Reis e família e a todos os amigos da Igreja Batista do Flamboyant, pelo apoio, amizade e ensinamentos bíblicos;

À família Reginaldo Churu, Samuel e Leandra, pelos momentos alegres e descontraídos que proporcionaram a mim, Gislanne, Claudia Roberta, Andréa, Suelen e Claudia Lougon;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, pela oportunidade concedida para a realização do curso de pós-graduação em nível de doutorado, e à concessão da bolsa de estudos;

Aos secretários Daniel e Júlio, pela forma prestativa com que atendem todos os alunos, sempre com muita boa vontade;

Ao professor Geraldo de Amaral Gravina, pela orientação e ensinamentos durante o curso;

Ao professor Alexandre Pio Viana, por sua atenção e sugestões para os resultados desta tese;

Ao Centro de Ciências Agrárias do Espírito Santo, onde obtive minha formação como engenheira agrônoma e o título de Mestre em Produção Vegetal, sendo a responsável pelo estímulo na busca de aperfeiçoamento profissional;

Ao Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), por ter permitido a utilização de dados obtidos em seu programa de melhoramento e, principalmente, pela confiança;

A todos os funcionários, Abraão Carlos Verdin Filho, Paulo Sérgio Volpi, Leonardo e a todos da equipe de Melhoramento Genético da Cultura do Café Robusta do Incaper, pelas instruções das atividades práticas de campo com a cultura do café;

À Dr^a. Maria Amélia Gava Ferrão, Dr. Aymbiré Francisco Almeida da Fonseca, Dr. Romário Gava Ferrão, pela parceria de trabalho no mestrado e doutorado;

À Dr^a. Maria Amélia Gava Ferrão, pesquisadora da Embrapa Café/Incaper, pelo incentivo e ensinamentos importantes transmitidos durante o mestrado e doutorado;

Aos professores do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas, Alexandre Pio Viana, Rogério Figueiredo Daher, Antônio Teixeira do Amaral Júnior, Eliemar Campostrini, Messias Gonzaga Pereira, Rosana Rodrigues, Telma Nair Santana Pereira, Elaine, pelos ensinamentos transmitidos ao longo do curso.

A todos os colegas que de alguma forma estiveram presentes comigo durante o doutorado.

SUMÁRIO

RESUMO	VII
ABSTRACT	IX
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 Aspectos gerais <i>C. Canephora</i>	4
2.2 Origem, distribuição e botânica do <i>C. Canephora</i>	6
2.3 Estratégias de melhoramento do <i>C. Canephora</i>	9
2.4 Seleção recorrente no <i>C. Canephora</i>	11
2.5 Seleção via modelos mistos no <i>C. Canephora</i>	15
2.6 Índice de seleção via modelos mistos.....	18
2.7 Estudo de divergência em <i>C. Canephora</i>	19
3. MATERIAL E MÉTODOS	21
3.1 Descrição dos materiais.....	21
3.2 Obtenção das progênies de meios-irmãos	22
3.3 Descrição do experimento de avaliação das famílias de meios-irmãos ciclo 02.....	23
3.4 Análise de variância e estimativa de parâmetro genético	26
3.4.1 Desempenho dos progenitores “per se” e como genitor	26
3.4.2 Parâmetros genéticos	27
3.4.3 Heterose e Capacidade Geral de Combinação.....	29

3.5 Modelo misto para predição de valores genéticos e índices utilizados.....	30
3.6 Divergência genética	31
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
4.1 Desempenho dos progenitores como genitor e “ <i>per se</i> ”.....	33
4.2 Análise de variância.....	33
4.3 Estimativas dos parâmetros genéticos	35
4.4 Avaliação da capacidade produtiva das progênes híbridas oriundas das famílias de meios-irmãos (FMI2) e dos progenitores (Clones)	37
4.5 Avaliação da Capacidade Geral de Combinação.....	42
4.6 Parâmetros genéticos via REML.....	44
4.7 Seleção e ordenação de indivíduos de <i>C. canephora</i> via BLUP.....	47
4.8 Análise Multivariada - Agrupamento Tocher	52
5. CONCLUSÕES.....	57
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	59

RESUMO

CARIAS, Cíntia Machado de Oliveira Moulin, D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro, 2015; SELEÇÃO RECORRENTE EM CAFÉ CONILON VIA MODELOS MISTOS. Orientador: Prof. Geraldo de Amaral Gravina; Conselheiros: Maria Amélia Gava Ferrão, Alexandre Pio Viana e Rogério Figueiredo Daher.

A produção mundial de café tem sido fortemente dominada pelo Brasil, que ocupa o posto de maior produtor e exportador de café no mundo e o segundo maior consumidor. O café é sem dúvida uma das atividades sócio econômica mais importante para a economia do país. Este trabalho teve como objetivos: a) avaliar o desempenho “*per se*” e de combinações híbridas, b) estudo da heterose, capacidade combinatória e ganhos genéticos preditos por meio de diferentes índices de seleção via metodologia REML/BLUP, e c) estudar a divergência genética das progênes selecionadas e seus progenitores, oriunda de uma população de maturação precoce, *Coffea canephora*, variedade Conilon, do segundo ciclo de seleção recorrente. Foram avaliadas 16 tratamentos, 8 famílias de meios-irmãos provenientes da recombinação, em campo isolado, de 8 progenitores promissores do Programa de Melhoramento do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). O experimento foi conduzido por seis safras (2009 a 2014) no espaçamento de 3,0 entre linhas e com 1,0 m entre plantas dentro das linhas, no delineamento experimental de blocos casualizados com 3 repetições e com parcelas constituídas por número desbalanceado de plantas. As características avaliadas foram: tamanho de grão

(TG); Produtividade (PRO); porte (PT); vigor vegetativo (VG); reação a ferrugem (FER); época de maturação dos frutos (MAT); uniformidade de maturação dos frutos (UM); cercóspora (CER); seca de ponteira (SP); escala geral (EG); bicho mineiro (BM) e grau de inclinação (GI). As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos revelam a existência de variabilidade genética e excelente potencial seletivo entre as genótipos de café conilon para os caracteres estudados. As famílias de meios-irmãos FMI2-24+8, FMI2-48 e FMI-4+8 foram os que apresentaram a maior produtividade acumulada, e as maiores heteroses acumulada foram obtidas nas famílias de meios-irmãos FMI2-26, FMI2-48 e FMI2-24+8, no bloco I, II e III, respectivamente. Os progenitores CL48, CL24+8, CL03 e CL4+8, foram os melhores quanto à capacidade geral de combinação referente à produtividade acumulada, com estimativas de 14,62; 12,28; 1,86 e 1,70, respectivamente. O índice Mulamba e Mock foi o que proporcionou maiores ganhos, confirmando que este método é o mais eficiente para seleção, e pode ser recomendado em programas de melhoramento genético cafeeiro. Os ganhos genéticos atingiram de 32,35% (FMI2-22/89) a 5,0% (FMI2-24+8). As progênies que se destacaram com maiores valores para os efeitos aditivos (a), bem como o ganho e nova média, foram: a planta 22 (FMI2-CL03) do bloco 3, seguido da planta 10 (FMI2-CL24+8) do bloco 1 e a planta 43 (FMI2-CL02) do bloco 2. Verificou-se formação de 13 grupos genéticos, onde os materiais com as maiores distâncias foram na ordem de 2,56 para as progênies 20 (FMI2-CL67) e 25 (FMI2-CL48).

ABSTRACT

CARIAS, Cíntia Machado de Oliveira Moulin, D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; February, 2015; RECURRING SELECTION IN CONILON COFFEE BY MIXED MODELS. Adviser: Prof. Geraldo de Amaral Gravina; Co-adviser: Maria Amélia Gava Ferrão, Alexandre Pio Viana e Rogério Figueiredo Daher.

World production of coffee has been strongly dominated by Brazil, which occupies the position of the largest producer and exporter of coffee in the world and, also is the second largest consumer. Coffee production is undoubtedly one of the most important economic activities for the country's economy. This study aimed to: a) assess the performance "per se" and hybrid combinations, b) study heterosis, combining ability and genetic gain through different levels of selection via REML / BLUP methodology, and c) study the genetic divergence of selected progenies and their parents, both from an early maturing population, *Coffea canephora*, conilon variety, belonging to the second recurrent selection cycle. We evaluated 16 treatments, 8 half-sib families obtained by the recombination in isolated field of 8 promising parents from the breeding program of Instituto Capixaba de Pesquisa Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER). The experiment was conducted for six seasons (2009-2014) in the spacing of 3.0 between lines and 1.0 m between plants in rows, in a randomized block design with three replications and with plots consisting of unbalanced number of plants. The characteristics evaluated were: grain size (GS); Productivity (PRO); size (S);

vegetative vigor (VG); reaction to rust (RES); fruit maturation time (MAT); uniform fruit maturation (A); Cercospora (CER); dry tip (DT); general scale (GSc); leaf miner (LM) and degree of slope (DS). Estimates of genetic parameters reveal the existence of genetic variability and excellent selective potential between conilon coffee genotypes for the characters under study. The half-sib families FMI2-24 + 8, FMI2-48 and IMF-4 + 8 showed the highest accumulated productivity, and the highest accumulated heterosis were obtained in the half-sib families FMI2-26, FMI2-48 and FMI2- 24 + 8, at block I, II and III, respectively. The parents CL48, CL24 + 8, CL03 and CL4 + 8 were the best regarding the general combining ability in terms of the accumulated productivity, with estimates of 14.62; 12.28; 1.86 and 1.70, respectively. The Mulamba and Mock index provided the greatest gains, confirming that this method is the most efficient for selection, and can be recommended for coffee breeding programs. Genetic gain values varied from 32.35% (FMI2-22 / 89) to 5.0% (FMI2-24 + 8). The progenies that stood out with higher values for the additive effects (a), the genetic gain and new average, were: the plant 22 (FMI2-CL03) of Block 3, followed by the plant 10 (FMI2-CL24 + 8) of Block 1 and the plant 43 (FMI2-CL02) Block 2. It was verified the formation of 13 genetic groups, where materials with greater distances were in the order of 2.56 for 20 progenies (FMI2-CL67) and 25 (FMI2-CL48).

1. INTRODUÇÃO

O café, atrás somente do petróleo e da água, é considerado o principal produto comercializado, destacando-se como a bebida mais consumida no mundo. O Brasil ocupa o posto de maior produtor e exportador de café no mundo e o segundo maior consumidor, além de possuir a mais extensa área de cultivo da cultura no mundo (OIC, 2014).

Cerca de 62% do café produzido no mundo é da espécie *Coffea arabica* L (café arábica) e 38 %, *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner. (café conilon) (OIC, 2014). Em 2014, o Brasil produziu 45,1 milhões de sacas de café de 60 kg: 32,1 milhões de café arábica e 13,0 milhões de café conilon (Conab, 2014).

O Estado do Espírito Santo é o segundo maior produtor nacional de café (arábica e conilon), e o maior produtor nacional de café conilon, com produção em 2014 de 9,9 milhões de sacas de café de 60 kg, o que representa 78% da produção nacional e 20% da produção mundial de café conilon. Face a essa grande produção estadual, o Brasil se destaca como o segundo maior produtor de *C. canephora* do mundo, perdendo somente para o Vietnã (OIC, 2014).

As áreas aptas para o cultivo do café conilon, segundo mapa de zoneamento, podem ser encontradas e distribuídas em todo o Espírito Santo, liderando a produção as regiões nordeste e noroeste (Conab, 2014).

O café é, sem dúvida, uma das atividades socioeconômicas mais importantes para a economia do Estado. O Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper) vem, desde 1985, trabalhando com a cultura em diferentes áreas do conhecimento, com grande ênfase na área de Melhoramento Genético, que, desde o início, estabeleceu um programa de pesquisa com ações e estratégias de curto, médio e longo prazo, incluindo seleção fenotípica, seleção clonal, seleção recorrente, hibridações, análises moleculares e biométricas e ampliação e manutenção da base genética (Fonseca et al., 1996; Ferrão et al., 1999; Ferrão et al., 2011). Ao longo de 30 anos de pesquisa, foram desenvolvidos vários estudos básicos, que têm contribuído efetivamente para a ampliação de conhecimentos genéticos da espécie *C. canephora* e o desenvolvimento e lançamento de 8 variedades clonais e uma de propagação por sementes, que são de aplicação direta aos produtores (Bragança et al., 1993; Ferrão et al., 1999; Ferrão et al., 2000a; Fonseca et al., 2004; Ferrão et al., 2007a, 2007b; Fonseca et al., 2008; Ferrão et al., 2013a, 2013b, 2013c). Além da obtenção das referidas variedades, objetiva-se a obtenção de variedades sintéticas, híbridas e de populações melhoradas.

As seleções recorrente intrapopulacional, interpopulacional e haplodiploidização têm sido empregadas com sucesso em diversos trabalhos (Charrier e Berthaud, 1988; Lashermes et al., 1996; Leroy et al., 1991, 1993, 1994, 1997; Fonseca, 1999; Hallauer e Carena, 2009; Freitas Júnior et al., 2009; Hallauer et al., 2010; Vicentini, 2013). Na maioria das espécies, a seleção recorrente é utilizada para aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem diminuir a variabilidade genética na população (Hallauer, 1985).

Vários trabalhos caracterizam que o sucesso da seleção depende não apenas da variabilidade entre os genótipos, mas também da acurácia dos métodos de seleção usados.

Atualmente, o procedimento analítico padrão recomendado para a prática da seleção em plantas perenes é o REML/BLUP, ou seja, a estimação de componentes da variância por máxima verossimilhança restrita (REML=

Restricted Maximum Likelihood) e a predição de valores genéticos pela melhor predição linear não viesado (BLUP= Best Linear Unbiased Prediction), desenvolvidos por Patterson e Thompson (1971), ambos associados a um modelo linear misto (Resende, 2002).

Com base no exposto, objetivou-se neste trabalho estudar uma população de *Coffea canephora* do programa de melhoramento do Incaper, no segundo ciclo de seleção recorrente, para os seguintes objetivos: a) avaliar o desempenho “*per se*” e de combinações híbridas; b) estudar a heterose, capacidade combinatória e ganhos genéticos preditos por meio de diferentes índices de seleção via metodologia REML/BLUP; e c) estudar a divergência genética das progênes selecionadas e progenitores, para subsidiar a definição das estratégias subsequentes de continuidade do processo de seleção recorrente com a espécie.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos gerais *C. canephora*

A produção mundial de café nos últimos anos tem sido superior a 144 milhões de sacas, e essa produção tem sido fortemente dominada pelo Brasil, que se mantém na liderança de maior produtor, com produção de 45,1 milhões de sacas de café de 60 kg produzidas em 2014, seguido pelo Vietnã (27,5 milhões), Indonésia (11,66 milhões) e Colômbia (11 milhões) (OIC, 2014).

Do total do café produzido no mundo, destacam-se os três maiores países consumidores: o EUA, com 22 milhões de sacas/ano, seguidos pelo Brasil, com 19 milhões de sacas/ano, e pela Alemanha, com 9 milhões de sacas/ano.

Segundo a Associação Brasileira da Indústria do Café (Abic), os brasileiros estão consumindo mais xícaras de café por dia, devido à diversificação do preparo da bebida e à atuação de profissionais da saúde, com o marketing de que o consumo moderado de café estimula a memória, a atenção e a memorização, além da prevenção de várias doenças como diabetes, câncer de cólon, fígado e mama, doença de Parkinson, entre outras (Abic, 2014).

Diante desse cenário, o Brasil se destaca como o maior produtor e exportador do grão e o segundo maior consumidor da bebida (Teixeira et al., 2012; Carias et al., 2014). E o Estado do Espírito Santo, que ocupa menos de 0,5% do território, colabora para esse resultado. É o único Estado com produção significativa das duas espécies: arábica e conilon. A atividade responde por 43%

do PIB agrícola do Estado, gerando a cadeia que envolve o café aproximadamente 400 mil postos de trabalho por ano, estando envolvidos somente no setor de produção 131 mil produtores de base familiar, com tamanho médio das lavouras em torno de 4,8 hectares para o café arábica e de 9,4 hectares para o café conilon (Seag, 2014).

A safra estadual para 2014 teve um volume de 12,84 milhões de sacas de café beneficiadas: 2,9 milhões de sacas de café arábica (22,57%) e 9,9 milhões de sacas de café conilon (77,43%). A produtividade média é de 18,01 sc.ha⁻¹ para o café arábica e de 35,02 sc.ha⁻¹ o café conilon, ponderando as duas espécies, uma produtividade média de 28,87 sc.ha⁻¹ (Conab, 2014).

O principal fator de sucesso do *C. canephora* é sua participação na composição dos “blends” com café arábica e nas indústrias de torrado e moído (expresso e solúvel), mas, ao longo da última década, o café conilon vem assumindo o compromisso de avanços tecnológicos que têm permitido identificar novos mercados (Lima Filho et al., 2011).

Atualmente, a nova tendência é a busca pela qualidade da bebida, em que uma série de atributos, somados, conferem ao café conilon sabor e aroma peculiares. Os fatores que afetam essa qualidade são caracterizados na pré-colheita e pós-colheita, incluindo origem, genética, clima, altitude, sistema de cultivo, formas de processamento, secagem e torrefação (Pimenta, 2003; Borém, 2008; Thomazini et al., 2011).

Os processos de colheita, processamento, secagem, beneficiamento e armazenamento têm relação direta com a qualidade da bebida. Segundo Ferrão et al. (2007), a colheita do café deve ser iniciada quando o percentual de frutos maduros for superior a 80%, pois o fruto verde na colheita acarreta defeitos durante a secagem, originando grão verde, preto e preto/verde.

Já na pós-colheita, vale destacar o ponto de torra do café, etapa que permite que os compostos originais possam ser gerados, convertidos, ou serem termoestáveis. Uma torra inadequada afeta diretamente o sabor do café (Borém et al., 2008; Marques et al., 2008; Abrahão et al., 2008; Teixeira, 2011). O grau de torrefação varia em função do mercado consumidor, indo da mais clara até colorações mais intensas. De acordo com Toci et al. (2006), *C. canephora* contém menor teor de lipídeos, logo, torna-se necessário o aumento no tempo e na temperatura de torra, quando comparado ao processo realizado no *C. arabica*.

O armazenamento do café em condições inadequadas também acarreta perdas significativas, no entanto, seu armazenamento deve se situar em locais bem ventilados, limpos e livres de roedores (Hoffmann, 2001). A classificação do produto é feita em função do número de defeitos, tipo da bebida, grau de torra, o que resulta no sabor e no aroma da bebida.

Quanto à composição química do café robusta, os teores de cafeína, minerais, aminoácidos, lipídeos, vitamina do complexo B, ácidos clorogênicos, entre outros, diferem do café arábica. O Quadro 1 enumera o principais constituintes do café robusta.

Quadro 1- Composição química (% em base seca) de grãos crus de *C. canephora* e *C. arabica*.

Componente	<i>C. canephora</i>	<i>C. arabica</i>
Minerais	4,0 – 4,5	3,0 - 4,2
Cafeína	1,6 – 2,4	0,9 – 1,2
Lipídios	9,0 – 13,0	12 – 18
Ácidos clorogênicos	7,0 – 10,0	5,5 – 8
Oligossacarídeos	5,0 – 7,0	6 – 8
Polissacarídeos	37,0 – 47,0	50 – 55
Aminoácidos	2,0	2,0

Fonte: Smith (1985).

2.2 Origem, distribuição e botânica do *C. canephora*

A palavra “coffea” é derivada do vocabulário árabe ‘quahweh’, que significa vinho. Depois passou a ser chamada “kahvah” ou “cahue”, café na França, caffè na Itália, Kaffee e Koffie na Alemanha e coffee na Inglaterra (Smith, 1985).

Embora existam cerca de 124 espécies descritas na literatura pertencentes ao gênero *Coffea*, apenas os cafés arábica (*C. arabica*) e robusta (*C. canephora*) têm importância econômica (Davis et al., 2011).

O naturalista Linnaeu (1737) foi quem descreveu a primeira espécie de café, com o nome de *Coffea arabica* Linnaeu. Posteriormente, o botânico Louis Pierre, em 1895, com material genético de herbário, descreveu a espécie *Coffea canephora* Pierre. Em 1897, numa revisão do gênero *Coffea*, o alemão Albrecht

Froehner classificou a espécie, que passou a ser denominada *Coffea canephora* Pierre ex Froehner (Carvalho, 1946, citado por Ferrão et al., 2007).

Detalhado estudo da distribuição geográfica feita pelo botânico Augusto Chevalier mostrou maior concentração das espécies ao longo do Rio Congo, na África (Charrier e Berthaud, 1985). A espécie *C. canephora* está distribuída desde a costa oeste até a região central do continente africano, compreendendo grandes áreas da República da Guiné, Uganda, Angola, Costa do Marfim, Libéria e Sudão (Carvalho, 1946, citado por Ferrão et al., 2007).

O primeiro cultivo comercial do *C. canephora* foi relatado em 1870, no Congo, África. Em 1900, foram enviadas sementes do Congo à casa de Horticultura de L. Linden (Bruxelas), de onde foi lançada no mercado como café robusta, daí a generalização do nome robusta, posteriormente, foram enviadas sementes para Java, Indonésia. A Índia também recebeu sementes nativas da Indonésia, Uganda, Gana, Madagascar e Costa do Marfim. Os franceses (século XIX) cultivaram o café robusta ao redor da Costa Atlântica da África, de Gabão para o Congo, nas margens do Rio Kouillou. Em 1861, botânicos descobriram a mesma espécie, na região de Bukoba, na Tanzânia (Vossen, 1985; Charrier e Berthaud, 1988).

A principal razão do cultivo da espécie *C. canephora*, nos anos de 1870 a 1900, foi a grande incidência de doença *Hemileia vastatrix* (ferrugem), já que esta espécie apresentava resistência à doença (Charrier e Berthaud, 1988; Vossen, 1985). Os primeiros estudos científicos foram desenvolvidos por volta de 1900, em Java, com o objetivo de identificar a base genética do melhoramento da espécie (Fonseca et al., 2002)

No Brasil, o café chegou pelo Guiana Francesa, em 1720, através de mudas e sementes de *C. arabica*, trazidas pelo sargento-mor Francisco de Mello Palheta, que formou lavoura no Pará, posteriormente se expandindo para o Maranhão, regiões Sudeste e Sul.

A espécie *C. canephora* foi introduzida no Espírito Santo, por volta de 1912, pelo ex-governador Jerônimo Monteiro (Ferrão et al., 2000). As primeiras sementes e mudas foram plantadas no então município de Cachoeiro de Itapemirim. Posteriormente, foi a partir de 1960 que se disseminou também para a região Norte do Estado.

A expansão da cultura se deu graças ao surgimento do café solúvel, na década de 50, e de seu emprego nos “blends”, e o café torrado e moído (Charrier e Berthaud, 1988; citado por Ferrão et al., 2007).

Quanto à botânica, o gênero *Coffea* pertence à classe *Dicotyledonea*, ordem *Rubiales*, família *Rubiaceae*, tribo *Coffeae*, subtribo *Coffeinae*. Davis et al. (2006) descreveram 103 espécies no gênero *Coffea*: 41 localizadas na África, 59 na ilha de Madagascar e três nas Ilhas Mascarenhas. Com o recente trabalho conduzido novamente por Davis et al. (2011), os autores incluíram, por meio de análises morfológicas e moleculares, mais 21 espécies do subgênero *Psilanthopsis*, totalizando 124 espécies no gênero *Coffea*. De todas essas espécies, apenas duas são de interesse econômico: *Coffea arabica* Linnaeu e *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner.

O gênero *Coffea* pode ser dividido em quatro seções: *Eucoffea*, *Mascarocoffea*, *Paracoffea* e *Argocoffea*. A seção *Eucoffea* compreende cinco subseções, entre as quais a *Erythrocoffea*, que enquadra, entre outras, as espécies *C. arabica* e *C. canephora* (Carvalho, 1968; Charrier e Berthaud, 1988).

Avaliações fenotípicas, bioquímicas e moleculares em *C. canephora* indicaram a existência de grupos distintos, caracterizados em diferentes trabalhos. Inicialmente, a espécie foi dividida em dois grupos, Guineano e Gongolês, postulados com base em marcadores enzimáticos e nas diferenças das regiões geográficas. O grupo Congolense e o Guineano são originários da África Central e do oeste da África e incluem os cafés conhecidos como Robusta e Kouillou, respectivamente (Berthaud, 1986; Montagnon et al., 1992) (Quadro 2).

Com base em resultados envolvendo isoenzimas, o grupo Congolense foi dividido em dois subgrupos, SG1 e SG2. Posteriormente, Dusset et al. (1999), citados por Ferrão et al. (2007), identificaram outros dois grupos suplementares dentro do Congolense, denominados de B e C, os quais reúnem populações do sul e sudeste da África (subgrupo B) e da região sudeste da África Central, nordeste da República Democrática do Congo e sudeste do Camarões (subgrupo C) (Quadro 2).

O café conilon é representante do grupo Guineano e o seu nome é derivado do Rio Kouillou, no Congo, ou do Rio Kwilu, no Zaire (Berthaud, 1985). No Brasil, a palavra Kouillou teve as letras K e U substituídas por C e N, respectivamente (Fazuoli, 1986).

Quadro 2 - Características agronômicas do grupo Guineano e do grupo Gongolês da espécie *C. canephora*.

Grupo	Tipo	Características
Guineano	Kouilou (conilon)	Internódios menores e folhas mais estreitas, frutos menores e de maturação precoce, a maioria das plantas são suscetíveis à ferrugem-da-folha, maiores teores de cafeína (em torno de 2,9%), boa tolerância à seca e bebida inferior à do Grupo Congolês.
Gongolês	SG1 Kouilou e Robusta ou híbridos	Caule bem ramificado, folhas afiladas e de tamanho médio, a maturação dos frutos varia de precoce a tardia, moderada resistência ou tolerância à ferrugem, maior teor de cafeína nos grãos (2,7%), tolerância à seca e qualidade de bebida superior à do Grupo Guineano.
	SG2 Robusta	Folhas de maiores dimensões, internódios mais longos, frutos maiores, maturação dos frutos média a tardia ou muito tardia, menores teores de cafeína (em torno de 2,3%), maior resistência à ferrugem e menor tolerância à seca.
	B e C	Características semelhantes ao SG2

Fonte: Berthaud (1986) e Montagnon et al. (1992), citados por Mistro (2013).

O café conilon é uma espécie alógama, diploide ($2n=2x=22$ cromossomos), apresentando incompatibilidade do tipo gametofítica, controlada por um único gene com vários alelos (Conagin e Mendes, 1961). Este mecanismo impede a ocorrência de autofecundação e de cruzamentos entre indivíduos aparentados. Outra característica importante é quanto ao número de hastes, o conilon emite várias hastes e é denominado de multicaule. Seu crescimento é contínuo, apresenta desenvolvimento de dois tipos de ramos: um chamado ortotrópico (ramos verticais); outro plagiotrópico (ramo horizontal) (Ferrão et al., 2012).

2.3 Estratégias de Melhoramento do *C. canephora*

Os programas de melhoramento de plantas buscam a seleção de indivíduos promissores, de forma sustentável e ecologicamente equilibrada. No entanto, para alcançar o sucesso, há necessidade de se dispor de informações

básicas da espécie (biologia floral, forma de reprodução e propagação; número de cromossomos, entre outros) como também de planejamento para execução da pesquisa (estrutura física e recursos financeiros e humanos). A condução dos programas de melhoramento de plantas busca, na maioria das vezes, resultados rápidos e satisfatórios.

Diante disso, a possibilidade de propagação vegetativa na espécie *C. canephora* permite aproveitar imediatamente os indivíduos superiores que ocorrem em qualquer estágio do programa de melhoramento, sem necessidade de avançar gerações (Borém, 2009), com obtenção de ganhos genéticos mais rápidos em relação a muitas outras espécies perenes (Pereira et al., 2014).

Fonseca et al. (2001, 2002, 2004), Ferrão et al. (2004, 2007, 2008, 2012, 2013a), Carias et al. (2014) e Motta et al. (2014) reportam resultados alcançados com sucesso no estudo da performance de populações cafeeiras, oriundas dos programas de melhoramento genético *C. canephora*.

Os programas de melhoramento genético *C. canephora* visam à alta produtividade, à precocidade da primeira colheita, à estabilidade temporal de produção (menor variação bienal), à longevidade da lavoura, ao maior tamanho dos frutos e uniformidade de maturação, ao menor percentual de grãos moca e ao formato de frutos semelhantes; e os programas do *C. arabica* visam ao maior teor de sólidos solúveis totais, à resistência à broca e à ferrugem, a uma arquitetura favorável à colheita mecânica e ao adensamento, à resistência à seca e à adaptação e estabilidade a ambientes variados.

As estratégias que vêm sendo utilizadas com frequência no programa de melhoramento do *C. canephora* são: introdução de germoplasma, seleção clonal, hibridações intra e interespecíficas, seleção recorrente, haploidiploidização, entre outras (Charrier e Berthaud, 1988; Leroy et al., 1997; Fonseca et al., 2004; Ramalho et al., 2005; Rocha et al., 2014).

A Emcapa, hoje Incaper, iniciou o programa de melhoramento genético de *C. canephora*, variedade conilon, em 1985 (Ferrão et al., 2012). Os primeiros trabalhos desenvolvidos pela instituição contemplaram a seleção de plantas individuais, bem como seu agrupamento, de acordo com certas características morfoagronômicas de interesse, e sua posterior multiplicação assexuada. Como resultado deste programa, foram recomendadas oito variedades clonais e uma de semente: Emcapa 8111, Emcapa 8121 e Emcapa 8131 (Bragança et al., 1993;

Bragança et al., 2001), seguidas das variedades EMCAPA 8141-Robustão Capixaba (Ferrão et al., 2000a), Emcaper 8151- Robusta Tropical (Ferrão et al., 2000b) e Vitória Incaper 8142 (Fonseca et al., 2004), Centenária ES8132 (Ferrão et al., 2013a), Diamante ES8112 (Ferrão et al., 2013b) e Jequitibá ES8122 (Ferrão et al., 2013c). Esse programa de melhoramento aportou um incremento de 162% na produtividade média no estado do Espírito Santo, passando de 9,2 sc.ha⁻¹ em 1993 para 24,0 sc.ha⁻¹ em 2010, sendo que muitos produtores vêm obtendo produtividade superior a 120 sc.ha⁻¹.

Nos últimos anos, observa-se superioridade do uso das variedades clonais em relação às propagadas via semente, contudo, existe a preocupação com o estreitamento da base genética dos materiais cultivados, sabendo que a variabilidade genética na população é condição básica para a obtenção de ganhos com a seleção (Falconer, 1987; Fonseca et al., 2006).

Segundo Charrier e Berthaud (1988), para atenuar esse fator limitante, o melhoramento via processos assexuado e sexuado deve ser conduzido paralelamente, pois, enquanto o primeiro leva ao estreitamento da base genética, o segundo permite a recombinação genética, recuperando a variabilidade.

Para diminuir os riscos da vulnerabilidade genética, os programas de melhoramento têm lançado mão do método de seleção recorrente, amplamente utilizado em diferentes espécies alógamas.

Resultados relatados na literatura mostram a eficiência do uso do método de seleção recorrente no melhoramento de populações de milho (Freitas Júnior et al., 2009a; Rangel et al., 2011; Ribeiro et al. 2012; Silva et al., 2013), maracujá, (Silva et al., 2007; Silva et al., 2009; Viana et al, 2014;), café (Leroy et al., 1994 e 1997; Fonseca et al., 2001; Ferrão et al.,2008, 2009; Mistro, 2013; Vicentini, 2013), entre outros.

2.4 Seleção Recorrente no *C. canephora*

A seleção recorrente proposta por Hull (1945) tem sido extensivamente utilizada no melhoramento de plantas alógamas, inicialmente com a cultura do milho (Rangel et al., 2008; Freitas Júnior et al., 2009; Cunha et al., 2012; Ribeiro et al., 2012), que se estendeu a outras culturas como eucalipto (Resende e Assis, 2008; Silva et al, 2012), e café (Leroy et al., 1991,1993, 1994 e 1997;

Ferrão et al., 1999; Fonseca et al., 2001; Mistro, 2013; Vicentini, 2013); e no caso de plantas autógamas, temos o arroz (Rangel et al., 2002), aveia (Holland et al., 2000), cevada (Marocco et al., 1992), ervilha (Lewis e Gritton, 1992), feijão (Ramalho et al., 2005; Silva, et al., 2007; Menezes Júnior, et al., 2008, Leite, 2014), soja (Burton et al., 1999; Bizari, 2014) e trigo (Wiersma et al., 2001).

Vários são os trabalhos com seleção recorrente em espécies vegetais, porém poucos pesquisadores vêm trabalhando com esta metodologia na espécie *C. canephora*. A seleção recorrente tem apresentado resultados satisfatórios, como constatado por Leroy et al. (1991, 1993, 1994 e 1997), que trabalharam com seleção recorrente em duas populações contrastantes, a Guineana e a Congolense; por Ferrão et al. (1999) e Fonseca et al. (2001), que se concentraram no melhoramento intraespecífico em três populações de café conilon; e também por Mistro (2013), que verificou a viabilidade do uso da seleção recorrente na população de robusta para contribuir para a sustentação de programas de melhoramento cafeeiro.

A seleção recorrente permite ganhos em características com herança quantitativa e contribui tanto para dar continuidade aos programas de melhoramento como também para a formação de variedades sintéticas e de polinização aberta, como de híbridos e variedades clonais (Fehr, 1987). Em geral, é utilizada em programas de melhoramento delineados para médio e longo prazo, visando ao aumento contínuo e progressivo da frequência de alelos favoráveis (Krause et al., 2012).

No Estado do Espírito Santo, o Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper) vem utilizando o método desde 1997 em população de maturação precoce, intermediária e tardia. As populações foram formadas pela recombinação em campos isolados de grupos de clones com diferentes períodos de maturação, estando no segundo ciclo de seleção recorrente (Ferrão et al., 2007). A instituição também tem utilizado descritores fenotípicos e marcadores de DNA para caracterizar genótipos presentes no Banco Ativo de Germoplasma do Instituto, visando à manutenção da variabilidade genética da espécie (Motta et al., 2014).

Os esquemas de seleção recorrente são classificados em duas categorias, Seleção Recorrente Intrapopulacional e Seleção Recorrente Interpopulacional ou Recíproca, sendo que no primeiro método o objetivo é a melhoria do desempenho

per se das populações e no segundo, das duas populações simultaneamente (Hallauer, 1985).

A escolha de qual esquema adotar dependerá dos objetivos que o melhorista deseja enfatizar e dos recursos disponíveis (Borém, 2009). O método de seleção pode ser no âmbito de indivíduo (seleção fenotípica) ou da população estruturada em progênies, a mais eficiente, por proporcionar maior ganho genético esperado e maior acurácia experimental (Paterniani e Miranda Filho, 1987).

A seleção recorrente é um processo cíclico de seleção, desenvolvido da seguinte maneira: obtenção das progênies, avaliação e seleção destas progênies e recombinação das melhores para formação da nova população. Essa seleção é conduzida repetidas vezes até que a frequência de alelos favoráveis na população atinja níveis satisfatórios. Quando a recombinação é finalizada, completou-se um ciclo da seleção recorrente (Fehr, 1987).

Aplicar maior pressão de seleção pode levar a uma sensível redução da variabilidade genética. Caso contrário, quando se pratica uma seleção branda, espera-se menor progresso por ciclo, mas são garantidos ganhos por períodos mais prolongados.

Ferrão et al. (2007) descreveram as etapas que constituem cada ciclo da seleção recorrente: obtenção das progênies, avaliação e seleção destas progênies e recombinação das melhores (Figura 1).



Figura 1 - Representação esquemática da seleção recorrente (Borém, 2009).

a) Seleção e Obtenção

A primeira etapa visa à seleção dos candidatos que darão origem à população base. É necessário que apresentem altos valores de média e de divergência genética para aumentar as chances da obtenção de progênes superiores em gerações segregantes (Ramalho et al, 2011).

Em seguida, a definição do número de genitores a ser utilizado é uma das etapas mais importantes no estudo, pois, caso se utilize um número de genitores muito grande ou o inverso, a chance de associar a maioria dos alelos favoráveis para o caráter em questão será complexa.

Outra questão é a possibilidade de se utilizar de diferentes tipos de progênes (meios-irmãos, irmãos completos ou progênes endogâmicas).

b) Avaliação

Os experimentos devem ser delineados seguindo os princípios básicos da experimentação, que são a repetição, o controle local e a casualização. Os experimentos devem ser instalados em locais representativos do ambiente em que o material deverá ser cultivado, e a fase de avaliação deve ser feita no ano agrícola da cultura, já as fases de obtenção e recombinação das progênes podem ser feitas fora do período agrícola normal, reduzindo o número de anos necessários para completar cada ciclo seletivo.

A avaliação é a fase mais crítica do processo de seleção recorrente por exigir maior recurso e tempo, devido à importância de obter resultados finais com maior acurácia. O conhecimento da variância genética aditiva, do ganho genético e do tamanho efetivo populacional é de extrema importância para a tomada de decisão do melhorista.

c) Seleção

Uma alternativa viável é o uso dos índices de seleção, que constituem técnicas multivariadas que associam as informações relativas a vários caracteres de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada (Neves et al., 2011).

Inúmeros índices podem ser utilizados e comparados no que concerne às suas respostas à seleção. Nestes índices de seleção, cria-se um valor numérico, denominado de valor genotípico, agregado de cada progênie, em que são

considerados todos os caracteres sob seleção, podendo-se, então, utilizar o índice que maximiza resposta superior para o melhoramento da população (Freitas Jesus et al., 2014).

Normalmente, resultados em curto prazo exigem altas intensidades de seleção, podendo ocorrer efeitos da deriva genética (Freitas Júnior et al., 2009a; Ribeiro et al., 2012). Por outro lado, se os objetivos do programa permitem que os resultados sejam alcançados em longo prazo, pode-se utilizar uma intensidade de seleção mais moderada, evitando, inicialmente, o esgotamento vertiginoso da variabilidade genética.

d) Recombinação

Escolhidos os melhores indivíduos, logo deverão ser intercruzadas, visando a obter a população do ciclo seguinte. No caso de plantas perenes, em que há sobreposição de gerações, podem ser utilizadas as próprias plantas que geraram as progênie selecionadas para fazer a recombinação.

Evidentemente, existem outros esquemas de recombinação, uma vez que eles dependem da biologia reprodutiva de cada espécie em estudo.

A seleção recorrente é um processo cíclico de seleção de genótipos de uma população. Desse modo, partindo de uma população original (Ciclo 0), obtêm-se as populações de Ciclos 1, 2, ... n (Geraldi, 2005).

2.5 Seleção via modelos mistos no *C. canephora*

Diferentes estratégias dos programas de melhoramento de *C. canephora* são utilizadas para a obtenção e disponibilização de cultivares adaptadas, demandando a confiabilidade dos resultados obtidos acurácia nos métodos de seleção.

Atualmente, o procedimento analítico padrão recomendado para a prática da seleção em plantas perenes é o REML/BLUP, ou seja, a estimação de componentes da variância por máxima verossimilhança restrita (REML= Restricted Maximum Likelihood), e a predição de valores genéticos pela melhor predição linear não viesado (BLUP= Best Linear Unbiased Prediction), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971), ambos associados a um modelo linear misto (Resende, 2002).

As principais vantagens do REML/BLUP são: possibilidade de comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações e anos) e espaço (locais e blocos); não exigência de dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; possibilidade de correção simultânea dos efeitos ambientais, de estimação de componentes de variância e de predição de valores genéticos; possibilidade de trabalhar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); aplicabilidade a dados desbalanceados; e utilização simultânea de grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais concisas (Henderson, 1984; Resende, 2002).

Essas vantagens certamente são de suma importância no melhoramento de plantas perenes, uma vez que os conjuntos de dados que antes não podiam ser usados passaram a ser aproveitados, permitindo maior precisão na seleção, portanto, maiores ganhos genéticos (Quintal, 2013).

Outra grande vantagem da metodologia dos modelos mistos, desenvolvida por Henderson (1975), é que, na existência de efeitos de natureza fixa e aleatória, há possibilidade de fazer a predição de efeitos aleatórios na presença de efeitos fixos. No modelo misto, os blocos, os ambientes podem ser considerados efeitos fixos, mas interferem nos efeitos aleatórios ou genéticos.

Essa metodologia permite gerar estimativas não tendenciosas, conduzindo à maximização do ganho genético, por avaliar e ordenar as famílias à seleção com precisão.

A predição de valores genéticos usando o BLUP assume que os componentes de variância sejam conhecidos na população-base não selecionada. Entretanto, na prática, não se conhecem os verdadeiros valores dos componentes de variância, que são estimados com o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), que interagem nas equações de modelos mistos do procedimento BLUP (Patterson e Thompson, 1971; Rocha et al., 2006).

Um modelo linear misto generalizado tem a seguinte forma (Resende 2007).

$$y = X\beta + Z\tau + \varepsilon$$

Com as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$\tau \sim N(0, G)$$

$$\varepsilon \sim N(0, R)$$

$$E(Y) = X\beta$$

$$Var(y) = V = ZGZ + R$$

em que:

y : vetor conhecido de observações;

β : vetor paramétrico de efeitos fixos, com matriz de incidência X ;

τ : vetor paramétrico de efeitos aleatórios, com matriz de incidência Z ;

ε : vetor aleatório de erros;

G : matriz de variância-covariância dos efeitos aleatórios;

R : matriz de variância-covariância dos erros; e

0 : vetor nulo.

Assumindo G e R como conhecidas, a simultânea estimação de efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios podem ser obtidas pelas equações de modelo misto (método BLUP), dadas por:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \bar{\beta} \\ \bar{\tau} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Quando G e R não são conhecidas, os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios podem ser estimados de forma eficiente pelo método REML (Patterson e Thompson, 1971). Exceto por uma constante, a função de verossimilhança residual (em termos de seus log) a ser maximizada é dada por:

$$\begin{aligned} L &= -\frac{1}{2} (\log/X'V^{-1}X/+ \log/V/+ v \log \sigma_s^2 + y'Py/\sigma_s^2) \\ &= -\frac{1}{2} (\log/C^*/+ \log/R/+ \log / G / + v \log \sigma_s^2 + y'Py/\sigma_s^2) \end{aligned}$$

em que:

$$V = R + ZGZ';$$

$$P = V^{-1} - V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1};$$

$v = N-r(x)$: graus de liberdade para os efeitos aleatórios, em que N é o número total de dados e $r(x)$ é o *rank* da matriz X ; e

C^* = Matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

Sendo geral, o modelo descrito engloba vários modelos peculiares a cada situação.

No melhoramento de plantas, os modelos mistos têm ganho ampla aplicação em diversas espécies vegetais e em diversas estruturas populacionais, a exemplo do eucalipto (Rocha et al., 2006), seringueira (Costa et al., 2008), pinhão-manso (Laviola et al., 2010), mamão (Oliveira et al., 2012), feijão (Baldissera et al., 2012), açaí (Farias Neto et al., 2012), milho (DoVale et al., 2012), arroz (Borges et al., 2010) e do café (Mistro, 2013; Carias et al., 2014), entre outras culturas.

2.6 Índice de Seleção via Modelos Mistos

Os índices de seleção têm sido muito úteis no melhoramento cafeeiro, tendo sido propostos para aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento.

Conforme Cruz et al. (2012), tais índices constituem uma técnica multivariada que associa as informações relativas a vários caracteres de interesse agrônômico com as propriedades genéticas da população avaliada, permitindo fazer, com eficiência, a seleção simultânea.

A construção dos índices de seleção baseia-se em equações de regressão múltipla, que permitem prever o valor genético ou genotípico global dos indivíduos, que são funções lineares dos valores genéticos ou genotípicos associados a cada caráter (Resende, 2002).

Os diferentes índices identificam genótipos, do interesse do melhorista, de maneira rápida e eficiente (Cruz et al., 2006). O índice de seleção utilizando valores genéticos preditos via modelos mistos permite que os indivíduos possam ser classificados de acordo com seu valor genético.

A literatura reporta trabalhos que compararam a eficiência de três índices de seleção construídos por componentes de variância estimados e valores genotípicos preditos pela metodologia REML/BLUP. Pedrozo et al. (2009) concluíram que o índice multiplicativo foi o que mostrou maior eficiência de seleção em três populações (A, B e C) de primeira geração clonal de cana-de-açúcar. Já Quintal (2013) verificou que o índice Mulamba e Mock mostrou eficiência de seleção de genótipos superiores de goiaba, podendo aumentar a chance de sucesso nas fases subsequentes de avaliação dentro do programa de melhoramento desta cultura. Entre outros trabalhos, podemos destacar o de Freitas et al. (2013), que confirmam ser a metodologia REML/BLUP eficiente para seleção de famílias de irmãos-completos na população UENF-14 de milho-pipoca, e o trabalho de Mistro (2013), que mostra a classificação dos melhores indivíduos, com base nos efeitos genéticos aditivos, da população de *C. canephora*, avaliada em Mococa (SP), entre 1987 e 1992.

2.7 Estudo de divergência em *C. canephora*

A espécie *C. canephora* é alógama, diploide e apresenta autoincompatibilidade genética do tipo gametofítica (Conagin e Mendes, 1961; Berthaud, 1980; Lashermes et al., 1996), e isto faz com que a população seja heterogênea quanto à arquitetura da parte aérea, ao formato e tamanho dos grãos, à época e à uniformidade de maturação dos frutos, à suscetibilidade a pragas e doenças, à tolerância à seca, entre outros (Charrier e Berthaud, 1985; Berthaud, 1986).

Para o manejo da cultura, essa heterogeneidade fenotípica das lavouras é indesejável, frente às dificuldades encontradas na uniformização das práticas culturais. Com isso, é muito comum a formação de lavouras com variedades clonais propagadas por estacas provenientes de “clones elite” (Melo e Sousa, 2011). As lavouras formadas por variedades clonais são mais uniformes, apresentam maior potencial de produção e maior possibilidade de obtenção de produção final de melhor qualidade, constituindo, atualmente mais, de 60% do parque cafeeiro do Espírito Santo (Embrapa, 2012; Ferrão et al., 2012).

No entanto, a baixa divergência genética nas lavouras pode refletir vulnerabilidade dos materiais genéticos a estresses bióticos e abióticos. O uso de

metodologias que permitam sua estimação por meio de técnicas multivariadas autoriza obter sucesso no planejamento e na definição de estratégias de trabalhos.

Cruz et al. (2004) destacam duas maneiras básicas de quantificar a divergência genética: uma de natureza quantitativa e outra de natureza preditiva. Considerando que cada um desses métodos tem suas vantagens e desvantagens, a escolha do método pelo pesquisador deve ser feita com cautela, de acordo com a acurácia e a facilidade da análise (Mohammadi e Prasanna, 2003; Cruz e Regazzi, 2004; Cruz e Carneiro, 2006).

Vários métodos preditivos podem ser utilizados no estudo da divergência genética, entre eles: a análise multivariada, por meio das medidas de dissimilaridade envolvendo a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis (D2); métodos de agrupamentos envolvendo os métodos hierárquicos, como ligação média entre grupo (UPGMA) e do vizinho mais próximo e o método de otimização de Tocher; e técnicas de dispersão gráfica envolvendo análise por componentes principais e por variáveis canônicas (Cruz et al., 2004).

A utilização das técnicas multivariadas em maior escala só se tornou possível com a disponibilidade dos recursos computacionais, que possibilitaram a avaliação simultânea de várias características. As medidas de dissimilaridade e os métodos de agrupamentos autorizam unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres, importantes para o conhecimento da variabilidade genética das populações (Gonçalves et al., 2008).

No âmbito dos programas de melhoramento cafeeiro, vários trabalhos de divergência genética já foram desenvolvidos (Aguiar et al., 2004; Fonseca et al., 2006; Ivoglo et al., 2008; Ramalho et al., 2011; Teixeira, 2011; Vicentini, 2013).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Descrição dos materiais

Os dados utilizados neste trabalho foram obtidos e cedidos pelo programa de Melhoramento de Café do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). O trabalho foi conduzido na Fazenda Experimental de Marilândia (FEM), município de Marilândia, região noroeste do Estado do Espírito Santo, situada a 104 m de altitude, latitude de 19,407S e longitude de 40,539W.

Foram avaliados progênies, famílias e progenitores de uma população de café conilon de maturação precoce, obtida pelo processo de seleção recorrente intrapopulacional no segundo ciclo de seleção.

Foram estudadas 434 progênies oriundas de oito famílias de meios-irmãos, advindas da recombinação de oito progenitores de café conilon de maturação precoce. Esses materiais genéticos foram avaliados em campo isolado. A relação dos materiais genéticos encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1. Relação de 8 progenitores e progênes, ciclo 02, oriundos de famílias de meios-irmãos, avaliados na Fazenda Experimental de Marilândia, Incaper/ES.

Tratamento	Progenitores	FMI	Nº de progênie
1	CLONE 02	FMI2-01	52
2	CLONE 03	FMI2-02	56
3	CLONE 67	FMI2-03	52
4	CLONE 48	FMI2-04	54
5	CLONE 24+8	FMI2-05	57
6	CLONE 22/89	FMI2-06	49
7	CLONE 4+8	FMI2-07	57
8	CLONE 26	FMI2-08	57

FMI2 = famílias de meios-irmãos do segundo ciclo de seleção recorrente.

Em função da autoincompatibilidade da espécie e da grande taxa de alogamia intrínseca da cultura, todos os progenitores são heterozigotos e, concomitantemente, as plantas híbridas dentro de cada família de meios-irmãos são diferentes. Assim, foi avaliada cada planta, individualmente, dentro de cada família de meios-irmãos durante seis safras (anos), no período de 2009 a 2014.

3.2 Obtenção das progênes de meios-irmãos

O trabalho teve início em 1997 com o plantio de oito clones divergentes (progenitores), de maturação precoce, em campo isolado, na Fazenda Experimental de Marilândia, Incaper-ES, para recombinação aberta. Tais materiais foram plantados em linha, com 10 plantas por clone. No período de agosto a outubro de 1999, ocorreram o florescimento e a recombinação. Em maio/junho de 2000, foram colhidas as sementes híbridas da recombinação, tendo sido coletados cerca de 100 gramas de sementes de cada planta dentro de cada linha com os progenitores, para compor a população de meios-irmãos de ciclo 01 em campo isolado, juntamente com os progenitores. Retirou-se o mesmo número de sementes de cada planta recombinante, com a finalidade de equilibrar a contribuição de cada uma delas. As sementes foram semeadas em sacos de polietileno, em condição de viveiro, e o plantio no campo foi feito quando as mudas apresentavam quatro pares de folhas.

Em novembro de 2000, foi implantado o experimento com as famílias de meios-irmãos em campo isolado, juntamente com os progenitores (Famílias de

Meios-Irmãos de Ciclo 01). Foram avaliados por quatro colheitas (2002 a 2005) e, em seguida, para o avanço do ciclo de seleção, foram selecionadas 20% das plantas mais produtivas de cada família.

Todas as plantas não selecionadas foram recepadas para que não houvesse contribuição genética delas na florada durante a recombinação, de tal forma que as sementes colhidas representassem apenas a recombinação das plantas de interesse, constituindo, dessa forma, as sementes das plantas que correspondiam à segunda população de melhoramento dos materiais de ciclo de maturação precoce.

No período da colheita, no ano de 2006, foram coletados cerca de 100 gramas de sementes de cada planta em cada família de meios-irmãos. As sementes oriundas de cada família foram misturadas para compor o Ciclo 02 de Seleção Recorrente.

Em abril de 2007, progênies das famílias de meios-irmãos de Ciclo 02, juntamente com os progenitores foram plantadas novamente em campo isolado e avaliadas por seis colheitas (2009, 2010, 2011, 2012, 2013 e 2014).

3.3 Descrição do experimento de avaliação das famílias de meios- irmãos ciclo 02

A Fazenda Experimental de Marilândia, pertencente ao Incaper, está localizada no município de Marilândia, região Noroeste do Estado do Espírito Santo. O local do experimento, segundo a carta agroclimática do Espírito Santo (Feitosa, 1986), apresenta latitude de 19°24' sul e longitude de 40°31' oeste, altitude de 104 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.

O experimento foi instalado no espaçamento de 3,0 entre linhas e com 1,0 m entre plantas dentro das linhas, no delineamento experimental de blocos casualizados com 3 repetições e parcela com 16 a 18 plantas.

O trabalho foi constituído de 16 tratamentos (progênies de oito famílias de meios-irmãos e oito progenitores). O manejo, a adubação, a condução e os tratos

culturais nos experimentos foram feitos de acordo com as necessidades e as recomendações técnicas para a cultura (Ferrão et al., 2004; Ferrão et al., 2012).

O experimento foi conduzido por seis safras (2009 a 2014) sem irrigação e sem controle de doenças, com parcelas constituídas por número desbalanceado de plantas. Ao longo das avaliações, muitas plantas que apresentaram a doença 'mancha manteigosa' foram eliminadas e muitas outras morreram em função da falta de adaptação. O número final de plantas de cada família encontra-se também na Tabela 1.

As características avaliadas foram:

1) Tamanho do grão (TG): com base na avaliação visual e escala de 1 a 3, em que 1 = pequeno; 2 = médio; e 3 = grande. Para as referidas avaliações, foram considerados como referência o clone 02/Incaper, de tamanho médio, e o clone 04/Incaper, de tamanho grande.

2) Produtividade em sacas.ha⁻¹ (PRO): calculada com base no peso de café cereja/planta e convertido para café beneficiado, utilizando-se da relação 4:1.

3) Porte da planta (PT): com base na avaliação visual e escala de 1 a 3, em que 1 = pequeno; 2 = médio; e 3 = grande.

4) Vigor vegetativo (VG): com base no potencial de desenvolvimento da planta, avaliado pela escala de notas de 1 a 10, em que 1 = muito fraco; 3 = fraco; 5 = intermediário; 7 = vigoroso; 9 = muito vigoroso; e 10 = excelente vigor.

5) Uniformidade de maturação dos frutos (UM): por ocasião da colheita, com base na avaliação visual e na escala de 1 a 3, em que: 1 = uniforme, com pelo menos 90% dos frutos maduros; 2 = mediamente uniforme, com cerca de 75 a 90% dos frutos maduros; e 3 = desuniforme, com menos de 75% dos frutos maduros.

6) Grau de Inclinação (GI): com base na avaliação visual e escala de 1 a 3, em que 1 = ereto (1 – 35%); 2 = semi-ereto (36 – 50%); e 3 = inclinado (acima de 51%).

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

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

9) Mancha de Cercosporiose (CER): com base na avaliação visual e escala de 1 a 9, em que: 1- Sem sintomas visíveis; 3- Presença de poucas lesões; 5- Lesões nas folhas e presença moderada nos frutos; 7- Presença de muitas lesões nas folhas e frutos; e 9 - Sintomas muito severos nas folhas, frutos e ramos.

10)Seca de ponteira/ramos (SP): com base na avaliação visual e escala de 1 a 9, em que:1- Sem sintomas; 3- Alguns ramos com pouca seca; 5- Ramos seco; 7- Ramos com intensa seca; e 9- Sintomas muito severos, com grande seca.

11)Incidência de bicho mineiro (BM): com base na avaliação visual e escala de 1 a 9, em que: 1- Sem sintomas visíveis; 3- Algumas folhas com poucas minas; 5-

Folhas moderadamente minada, sem desfolha; 7- Folhas com muitas minas, ocorrência de desfolha; e 9- Sintomas muito severos, com grandes desfolhas.

12) Escala Geral (EG): com base no desenvolvimento apresentado pela planta, mesmo quando sujeita às condições de estresse, avaliado com escala de 1 a 10, em que as notas maiores correspondem às plantas de melhor desenvolvimento.

3.4 Análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos

3.4.1 Desempenho dos progenitores “per se” e como genitor

Para as análises de variância conjunta, feita com base na média das parcelas, considerou-se cada safra dentro de bloco, para avaliação do desempenho dos progenitores “per se” e, como genitor, considerou-se o experimento em blocos ao acaso com 8 progenitores, 3 repetições, duas safras (2013 e 2014), tendo sido relacionadas as características estudadas neste item. As análises foram feitas com auxílio programa SAS® (SAS 9.1, SAS Institute, Cary, NC, USA).

As estimativas dos parâmetros genéticos: variabilidade genotípica ($\hat{\phi}_g$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$), variância dentro planta/parcela ($\hat{\sigma}_w^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), coeficiente de determinação genotípico (H^2), coeficiente de variação ambiental (CV), coeficiente de variação genotípico (CV_g), índice de variação (Iv), coeficiente de determinação com base na parcela individual (H_p^2) e coeficiente de determinação com base na parcela (H_x^2), associados aos efeitos aleatórios dos componentes quadráticos, associados aos efeitos fixos dos parâmetros genéticos e não genéticos, foram obtidas com informações das esperanças de quadrados médios da análise de variância conjunta, segundo as expressões apresentadas por Cruz et al. (2013), conforme apresentado abaixo.

Foram feitas análises de variância para cada uma das características avaliadas e testadas as seguintes hipóteses:

$$H_0: G_1 = G_2 = G_3 = \dots = G_n \quad \text{e} \quad H_1 = \text{não } H_0$$

O modelo estatístico adotado foi o seguinte:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + b_j + e_{ij} + a_k + t_{aik} + d_{ijk},$$

em que:

Y_{ijk} = valor fenotípico da ijk -ésima observação;

μ = a média geral;

t_i = efeito da i -ésima da progênie;

b_j = efeito do j -ésimo bloco;

e_{ij} = erro experimental associado à progênie i , no bloco j ;

a_k = efeito do k -ésimo ano;

t_{aik} = efeito da interação da i -ésima progênie com o k -ésimo ano; e

d_{ijk} = efeito do indivíduo k da progênie i , na repetição j .

Tabela 2. Esquema de análise de variância conjunta e esperanças de quadrados médios de um modelo em blocos casualizados, com efeito fixo de tratamento.

F.V	GL	QM	E(QM)
Blocos /Ano	$a(r-1)$	QM5	
Ano(A)	$(a-1)$	QM4	
Genótipo (G)	$(g-1)$	QM3	$\sigma^2 + r\hat{\sigma}_{ga}^2 + ra\hat{\Phi}_g$
G X A	$(g-1)(a-1)$	QM2	$\sigma^2 + r\hat{\sigma}_{ga}^2$
Resíduo	$a(r-1)(g-1)$	QM1	σ^2

em que:

σ^2 : componente de variância devido ao erro experimental;

σ_{ga}^2 : componente de variância devido a interação genótipo por ano; e

Φ_g : componente quadrático associado aos tratamentos.

3.4.2 Parâmetros genéticos

a) Variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$)

$$\hat{\sigma}_f^2 = \sigma^2 + \hat{\sigma}_{ga}^2 + \Phi_g$$

b) Variância experimental ($\hat{\sigma}_e^2$)

$$\hat{\sigma}_e^2 = QM1 = \sigma^2$$

c) Variabilidade genotípica ($\hat{\Phi}_g$)

$$\hat{\Phi}_g = \frac{1}{t-1} \sum_{t-1}^t t_t^2$$

d) Coeficiente de variação experimental

$$CV(\%) = \frac{100 \sqrt{QM1}}{\bar{X}}$$

e) Coeficiente de variação genética

$$CVg(\%) = \frac{100 \sqrt{\hat{\Phi}_g}}{\bar{X}}$$

f) Coeficiente de determinação genotípica (H^2)

$$H_p^2(\text{com base na parcela individual}) = \frac{\hat{\Phi}_g}{\hat{\sigma}_f^2}$$

g) Coeficiente de determinação genotípica (H^2)

$$H_x^2(\text{média da parcela}) = \frac{\hat{\Phi}_g}{\frac{\sigma^2}{ra} + \frac{\hat{\sigma}_{ta}^2}{a} + \hat{\Phi}_g}$$

h) Índice de variação (I_v)

$$I_v = \frac{CVg}{CV}$$

3.4.3 Heterose e Capacidade Geral de Combinação da Característica Produtividade

Foi feito o estudo de heterose funcional para identificar plantas superiores para utilização *per se* ou como genitores na formação de uma população-base destinada ao Programa de Melhoramento do Café Conilon, do Incaper.

Foram obtidos os valores médios de produção de café cereja/planta, referente a seis safras (2009 á 2014). Os valores foram agrupados em biênios (1º Biênio, safras 2009-2010; 2º Biênio, safras 2011-2012; e 3º Biênio, safras 2013-2014), e em médias de produção acumulada nos seis anos de safras.

A estimativa da heterose funcional de cada híbrido foi obtida pela seguinte expressão (Barreto et al., 2012):

$$h_{ij}\% = \frac{\bar{X}_i - \bar{X}_j}{\bar{X}_j} \times 100$$

em que:

$h_{ij}\%$: heterose do cruzamento da *i*-ésima família com o genitor “*j*”;

\bar{X}_i : média do híbrido gerado no cruzamento *i*; e

\bar{X}_j : média de cada genitor “*per se*”.

Os valores de capacidade geral de combinação também foram obtidos pelo cálculo da produção média por biênio e média acumulada em quilogramas de café cereja/planta.

As estimativas da capacidade geral de combinação foram obtidas pelo método proposto por Hallauer et al. (2010), segundo a expressão abaixo descrita, sendo tal estimativa obtida pelo desvio do cruzamento em relação à média do conjunto de híbridos obtidos para o mesmo testador. Tais estimativas foram obtidas com a planilha Excel.

$$CGC = \bar{X}_e - \bar{X}_g$$

em que:

\bar{X}_e = média de cada híbrido

\bar{X}_g = média geral dos híbridos

3.5 Modelo misto para predição de valores genéticos e índices utilizados

Para a utilização dos índices de seleção no aplicativo computacional Selegen, primeiramente foi feita a estimação de parâmetros e dos valores genéticos individuais. O modelo 1 escolhido foi o que mais se aproximou da real estrutura genética das progênies analisadas, por ser designado para avaliação de progênies de meios-irmãos com várias plantas por parcela, seguindo cinco características envolvidas e o delineamento estatístico em blocos ao acaso com 8 família de meios-irmãos, 3 repetições, média de duas safras de avaliação (2013 e 2014).

Essa primeira análise é feita para cada variável estudada, cujos valores genéticos estimados são usados na composição dos índices propostos.

Os dados foram avaliados de acordo com o software Selegen-Reml/Blup (Resende, 2002), utilizando-se o procedimento BLUP individual e o modelo $y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram estimados os seguintes componentes de variância (REML Individual): V_a : variância genética aditiva; V_f : variância fenotípica individual; h_{mp}^2 : herdabilidade da média de progênies; $Acprog$: acurácia da seleção de progênies; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genética entre progênies; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; $CV_r = CV_{gp}/CV_e$ = coeficiente de variação relativa e média geral do experimento.

Os índices de seleção foram feitos pelo programa Selegen - REM/BLUP (Resende, 2002), para a seleção das quatro melhores famílias de meios-irmãos, por meio de três abordagens alternativas: (1) índice aditivo, em que são fornecidas as importâncias econômicas relativas ou pesos dos caracteres; (2) índice multiplicativo, em que o agregado genotípico se refere ao produto dos caracteres; e (3) índice de rank médio, adaptado de Mulamba e Mock, em que os

valores genotípicos são classificados para cada caráter, e a média dos rankings de cada genótipo para todos os caracteres é apresentada como resultado final.

Os índices de seleção clássico (IC), multiplicativo (IM) e com base na média de postos (MR), construídos segundo a metodologia REML/BLUP, são sucintamente apresentados a seguir:

$$IC = ((pvar1) \times (VGvar1)) + ((pvar2) \times (VGvar2)) + ((pvar3) \times (VGvar3))$$

$$IM = (VGvar1) \times (VGvar2) \times (VGvar3)$$

$$MR = (rVGvar1) + (rVGvar2) + (rVGvar3)$$

em que:

p: peso econômico estabelecido para o caráter;

VG: valor genotípico predito; e

r: posto do genótipo.

Estes índices são obtidos como combinações lineares das medidas de diversos caracteres, podendo ser eficientes, uma vez que permitem a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuem diferentes pesos aos caracteres estudados e valorizam atributos julgados de maior importância pelo pesquisador (Falconer, 1987).

3.6 Divergência genética

O estudo baseou-se em análise multivariada de 10 características morfo-agronômicas (TG = tamanho de grão; PRO = produtividade; PT = porte da planta; VG = vigor da planta; FER = reação à ferrugem; MAT = época de maturação; UM = uniformidade de maturação; CER = cercóspera; SP = seca de ponteiro; EG = escala geral; BM = bicho mineiro; e GI = grau de inclinação), reunindo 80 progênies avaliadas, com o propósito de selecionar as progênies e os progenitores mais divergentes via modelos mistos.

O agrupamento dos genótipos foi feito com base nos métodos de Tocher (Rao, 1952). A matriz de dissimilaridade genética foi obtida pela distância euclidiana média, que serviu de base para a formação dos grupos. As análises foram feitas com o uso do Programa Genes (Cruz, 2013).

A distância Euclidiana (d_{ij}) foi calculada considerando X_{ij} a observação no i -ésimo parental ($i = 1, 2, \dots, p$), em referência ao j -ésimo caráter ($j = 1, 2, \dots, n$) estudado. A distância euclidiana entre o par de genótipos i e i' é definida pela expressão:

$$d_{ii'} = \sqrt{\sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2}$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Desempenho dos progenitores como genitor e “*per se*”

A escolha dos genitores e o planejamento dos cruzamentos são importantes etapas para o sucesso de um programa de melhoramento. No entanto, este estudo prévio é imprescindível para que se conheça, a priori, o desempenho dos genótipos *per se* e em combinações híbridas, o que permitirá a maximização da utilização de alelos desejáveis para assegurar a efetividade no programa de seleção recorrente.

4.2 Análise de variância

Podem ser verificados pelo teste F, valores significativos ($P < 0,01$) para safras (S), genótipos (G) e para interação (GS), na maioria das características avaliadas, exceto para UM e GI, caracterizando que os genótipos são heterogêneos (Tabela 3).

Esta variabilidade genética pode ter ocorrido pelo fato de se tratar de uma espécie de polinização cruzada com autoincompatibilidade gametofítica, que, naturalmente, apresenta genótipos altamente heterozigotos (Fonseca et al. 1999). Assim, é necessário o conhecimento das relações genéticas entre genótipos que podem ser usados em cruzamentos, em razão de esse conhecimento ser a base para a tomada de decisões na escolha dos melhores genótipos.

A interação genótipo por safra teve grande magnitude para o caráter produtividade (736,54), justificando-se o estudo detalhado da interação. De acordo com Falconer (1987), os melhores genótipos em uma dada safra podem não ser os mesmos em outras safras, o que é problema para o melhorista pela inconsistência da superioridade dos genótipos frente a variações das safras. Para minimizar os efeitos da interação e ter maior previsibilidade do desempenho, são necessárias identificação de genótipos que tenham maior capacidade de recuperação de uma safra para outra, proporcionando condições favoráveis para a obtenção de ganhos com a seleção, e maior adaptação às condições edafoclimáticas regionais (Alekcevetch et al., 2013; Rocha et al., 2014) (Tabela 3).

Tabela 3 – Análise de variância conjunta, média geral e coeficientes de variação de 6 características de café Conilon, avaliadas em duas safras, Fazenda Experimental de Marilândia, ES.

F.V	Quadrados médios (Progenitores) ⁽¹⁾						
	GL	TG	PRO	PT	VG	UM	GI
Bloco (S)	4	0,27	217,91	0,08	0,66	0,28	0,20
Safra (S)	1	1,68**	4822,62**	0,52 ^{ns}	14,08**	0,13 ^{ns}	0,33 ^{ns}
Genótipo (G)	7	1,54**	1679,44**	0,95**	7,03**	0,04 ^{ns}	1,17**
G X S	7	0,86**	736,54**	0,42*	2,84**	0,05 ^{ns}	0,38 ^{ns}
Resíduo	28	0,22	185,88	0,18	0,47	0,04	0,20
Média		2,20	25,01	2,60	7,12	1,63	2,20
CV (%)		21,32	54,51	16,32	9,63	12,27	20,32

¹⁾ TG = tamanho de grão, PRO = produtividade, PT = porte da planta, VG = vigor da planta, UM = uniformidade de maturação e GI = grau de inclinação, **, * e ^{ns} Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

O coeficiente de variação experimental (CV%) é utilizado para expressar a qualidade experimental. Pimentel Gomes (1985) classificou esses coeficientes como baixos, quando inferiores a 10%; médios, entre 10% e 20%; altos, entre 20% e 30%; e muito altos, superiores a 30%. Os valores de CV foram de baixa a moderada magnitude (TG= 21,32%, PT= 16,32%, VG = 9,63%; UM = 12,27%; e GI = 20,32%), logo, quanto menor sua magnitude menor o efeito permanente do ambiente incidente sobre o caráter mensurado, ou seja, mais confiável é o valor fenotípico em representar o genotípico (Tabela 3). Com relação à característica PRO, verificou-se valor muito alto para o coeficiente de variação (54,51%), conseqüentemente, a precisão experimental é comprometida. No entanto, deve-se ter atenção ao ambiente de experimentação, pois o experimento foi instalado em uma área isolada dentro da mata, e os anos de condução do experimento e as

condições climáticas não foram favoráveis (ocorrência de déficits hídricos, efeito do sombreamento, entre outros).

As estimativas de CV% obtidas concordam com as estimativas encontradas por outros autores que desenvolveram trabalhos para café conilon (Fonseca, 1999; Ferrão, 2004; Bonomo et al., 2004; Ferrão et al., 2008; Oliveira, 2010; Rodrigues et al., 2012).

O valor médio para TG em estado cereja exibiu média 2,20, o que representa tamanho médio dos grãos (Tabela 3). Estudos sobre o tamanho do grão se revestem de grande importância para o melhorista, por ser uma das qualificações apreciadas no Decreto nº 27173, de 14/9/49, que qualifica os grãos segundo as dimensões dos crivos das peneiras, possibilitando, com isso, uma melhor qualidade de produto final.

O valor médio para uniformidade de maturação dos grãos foi 1,63, o que significa a presença de materiais uniformes e desuniformes (Tabela 3). A colheita desuniforme dos frutos faz com que haja queda na qualidade do café produzido, em decorrência, principalmente, da presença de frutos verdes/secos. Segundo Ferrão et al. (2007), a recomendação para a colheita do café conilon é que ela deve ser iniciada quando o percentual de frutos maduros for superior a 80%, pois o fruto verde na colheita origina defeitos durante a secagem, originando grão verde, preto e preto/verde.

Com relação às características PT e GI, foram verificados valores médios de 2,6 e 2,2, respectivamente, ou seja, plantas de porte médio e grau de inclinação semiereto (36 a 50%) (Tabela 3). Genótipos com essas características são fundamentais, pois possibilitam o adensamento das lavouras, permitem o uso da colheita mecanizada e facilitam o manejo e os tratamentos culturais.

A arquitetura adequada contribui para a introdução da colheita mecanizada, o que resulta na obtenção de um produto de melhor qualidade, minimizando os problemas de escassez de mão de obra no período da colheita.

4.3 Estimativas dos parâmetros genéticos

A Tabela 4 mostra que o componente quadrático genotípico ($\hat{\Phi}_g$) teve menor valor para o caráter UM (0,0016) e maior valor para o caráter PRO (157,14), sendo que o menor valor possivelmente pode ser atribuído ao maior grau de parentesco entre as progênes. Entretanto, o caráter com alta magnitude

(PRO) mostra que os genótipos avaliados são heterogêneos, o que evidenciou maior possibilidade de selecionar materiais genéticos superiores visando ao seu uso como genitores (Ferrão et al., 2008; Oliveira, 2010).

O coeficiente de determinação genotípico H^2 esteve acima de 50 para a maioria das características, exceto para os caracteres UM (20) e TG (44), o que se explica pelo baixo valor da variância genética e por uma alta variância fenotípica. Valores elevados de H^2 indicam grande chance de ganhos genéticos nos procedimentos de seleção, além de auxiliar na escolha do método mais adequado a ser utilizado.

A herdabilidade é a proporção da variância fenotípica, que é de origem genética, ou seja, expressa o grau de correlação entre o fenótipo e o genótipo. Dessa forma, implica mostrar a confiabilidade com que o valor fenotípico representa o valor genotípico dos materiais genéticos estudados (Falconer, 1981). Portanto, detecta se as diferenças são de natureza genética e se a seleção tenderá a proporcionar ganhos em programas de melhoramento genético.

Valores superiores do coeficiente de variação genotípico (CV_g) foram verificados para TG (15,07%), PRO (50,12%) e GI (16,38), indicando condições favoráveis para a seleção de genótipos e para o melhoramento genético. O índice de variação (CV_g/CV_e) permite identificar os caracteres cuja variação se deve mais a causas genéticas do que ambientais, entretanto, os índices foram inferiores a 1,0 para a maioria das características, exceto para o caráter vigor (1,21) (Tabela 4).

Tabela 4 – Estimativas de parâmetros genéticos de seis características de café Conilon, avaliadas em duas safras, Fazenda Experimental de Marilândia, ES.

Parâmetro	Características (Progenitores) ⁽¹⁾					
	TG	PRO	PT	VG	UM	GI
$\hat{\Phi}_g$	0,11	157,15	0,08	0,69	0,0016	0,13
σ_f^2	0,54	526,58	0,34	1,95	0,0446	0,39
H_x^2 (média da parcela)	44,0	56,0	53,0	59,0	20,0	66,0
H^2 (parcela ind.)	20,0	29,84	23,52	35,38	3,58	33,33
CV_g (%)	15,07	50,12	10,88	11,66	2,74	16,38
CV_g/CV_e	0,70	0,92	0,66	1,21	0,22	0,80

⁽¹⁾ TG = tamanho de grão, PRO = produtividade, PT = porte da planta, VG = vigor da planta, UM = uniformidade de maturação e GI = grau de inclinação.

Além do coeficiente de determinação genotípico (H^2), o coeficiente de variação genético (CV_g) e o índice de variação (CV_g/CV_e) também são parâmetros utilizados na quantificação da variabilidade genética disponível na população, podendo auxiliar no direcionamento do processo de seleção de cafeeiros promissores.

4.4 Avaliação da capacidade produtiva das progênes híbridas oriundas das famílias de meios-irmãos (FMI2)

Os valores de produção foram agrupados em três biênios e acumulados em consequência da característica típica do cafeeiro (1º Biênio se refere às safras 2009-2010; 2º Biênio, às safras 2011-2012; e 3º Biênio, às safras 2013-2014), bem como da produção dos híbridos.

De modo geral, para explorar a heterose, é essencial que os híbridos mostrem superioridade em relação à média dos genitores, ou ainda, superioridade em relação ao melhor genitor (heterobelitose) (Borém e Miranda, 2009). Com sua exploração, espera-se aumento da produtividade, entretanto, várias outras características podem ser maximizadas (Allard, 1971).

Outro ponto a destacar é que as bases genéticas da heterose ainda não são bem conhecidas. A heterose pode ser devida à dominância, sobredominância ou a outras causas (Hallauer et al., 2010).

Ao analisar a heterose funcional no bloco I, nota-se a superioridade dos híbridos FMI2-26 no 1º e 2º Biênios, e do FMI2-67 no 3º Biênio. Já em relação à heterose funcional acumulada, o híbrido FMI2-26 se destaca com valor de maior magnitude (Tabela 5). Dessa forma, esses híbridos são os mais promissores para a seleção clonal e a formação de populações-base no programa de melhoramento do café conilon.

De acordo com a literatura, há superioridade dos híbridos em relação às variedades comerciais. Segundo Berthaud et al. (1986), os híbridos F1, provenientes de cruzamentos entre variedades tradicionais (Caturra, Catuai), derivados do Híbrido Timor (Catimor, Sarchimor) e cafeeiros silvestres da Etiópia e Sudão, resultaram em híbridos mais vigorosos e mais produtivos que as melhores variedades existentes.

Tabela 5 - Produção média por biênio e acumulada, em sc. benef./ha, de café cereja/planta, e heterose funcional, de oito Famílias de Meios-Irmãos, ciclo 02, e de oito progenitores, referentes ao Bloco I, avaliadas na Fazenda Experimental de Marilândia, ES.

		BLOCO I							
		1ºBiênio		2ºBiênio		3ºBiênio			
Tratamento	FMI2	PRO	HF	PRO	HF	PRO	HF	PRO _{AC}	HF _{AC}
FMI2-01	FMI2-02	13,38	72,87	15,97	-54,08	18,44	6,93	47,79	-20,03
FMI2-02	FMI2-03	21,39	-5,98	27,08	-44,94	28,41	-3,39	76,88	-24,13
FMI2-03	FMI2-67	28,53	16,69	42,65	-7,60	31,79	485,30	102,96	35,42
FMI2-04	FMI2-48	31,87	35,04	38,39	-29,91	30,10	16,53	100,36	-3,69
FMI2-05	FMI2-24+8	34,56	116,81	48,07	-1,89	25,03	116,96	107,66	40,78
FMI2-06	FMI2-22/89	27,15	72,05	31,28	-31,02	25,33	-71,84	83,76	-44,56
FMI2-07	FMI2-4+8	28,05	97,81	36,06	-11,46	18,88	-44,73	82,99	-6,82
FMI2-08	FMI2-26	30,82	359,31	46,87	70,65	22,48	108,33	100,17	122,77
	CLONE02	7,74		34,77		17,25		59,76	
	CLONE03	22,75		49,17		29,41		101,33	
	CLONE67	24,45		46,15		5,43		76,03	
	CLONE48	23,60		54,77		25,83		104,21	
	CLONE24+8	15,94		49,00		11,54		76,47	
	CLONE22/89	15,78		45,34		89,96		151,08	
	CLONE4+8	14,18		40,73		34,15		89,06	
	CLONE26	6,71		27,47		10,79		44,97	

FMI2(Família de meios-irmãos do segundo ciclo de seleção recorrente); HF= heterose funcional (%); Acumulada (AC) = Soma dos Biênios (sc. benef./ha de café cereja/planta); 1º Biênio=2009-2010; 2º Biênio= 2011-2012; 3º Biênio= 2013-2014.

No bloco II, a heterose funcional foi superior para os híbridos FMI2-48 e FMI2-24+8 no 1º Biênio, e para o FMI2-67 no 3º Biênio, com 315,34%, 240,34% e 457,61%, respectivamente. Na acumulada, os progenitores foram superiores a todos os híbridos, variando entre 70,97 e 122,23 sc ha⁻¹, logo, podem ser utilizados “per se” e como suporte para planejamento e execução do programa de melhoramento genético intrapopulacional do café conilon (Tabelas 6).

A Tabela 7 mostra superioridade para o híbrido FMI2-24+8, com 468,25%, no 1º Biênio; enquanto na acumulada, destacaram-se os híbridos FMI2-67 (20,46%) e FMI2-24+8 (74,62%).

A acumulada para os progenitores, no bloco I, variou entre 44,97 e 151,08 sc ha⁻¹; no bloco II e III, ela variou de 76,00 a 122,23 sc ha⁻¹ e de 48,26 a 120,00 sc ha⁻¹, respectivamente (Tabelas 5, 6 e 7).

Deve-se ressaltar que a produtividade média do experimento foi baixa em relação ao potencial dos materiais genéticos. Essa situação é atribuída principalmente ao ensaio experimental, visto o experimento ter sido instalado em área isolada, no meio de mata, para evitar a entrada de polens que não fossem da população. O ensaio foi conduzido sem irrigação e com um pouco de sombreamento. Aliadas a essas questões, nos anos de condução do experimento, as condições climáticas não foram favoráveis para o desenvolvimento da cultura, com ocorrência de déficits hídricos nas fases críticas de formação, enchimento de grãos e maturação dos frutos, ocasionando baixo rendimento no beneficiamento.

Tabela 6 - Produção média por biênio e acumulada, em sc. benef./ha, de café cereja/planta, e heterose funcional, de oito Famílias de Meios-Irmãos, ciclo 02, e de oito progenitores, referentes ao Bloco II, avaliados na Fazenda Experimental de Marilândia, ES.

		BLOCO II							
		1ºBiênio		2ºBiênio		3ºBiênio		PRO_{AC}	HF_{AC}
Tratamento	FMI2	PRO	HF	PRO	HF	PRO	HF		
FMI2-01	FMI2-02	15,64	-6,32	38,98	-56,33	15,78	-3,08	70,40	-42,41
FMI2-02	FMI2-03	17,49	0,23	45,53	-34,16	16,02	-42,58	79,04	-30,97
FMI2-03	FMI2-67	6,30	-66,21	19,86	-72,14	12,12	457,61	38,27	-58,45
FMI2-04	FMI2-48	25,65	315,34	47,96	24,56	23,31	-11,35	96,91	36,55
FMI2-05	FMI2-24+8	16,44	240,34	45,38	-38,83	19,45	66,50	81,27	-10,40
FMI2-06	FMI2-22/89	12,57	171,95	31,72	7,80	19,12	-54,42	63,41	-16,56
FMI2-07	FMI2-4+8	17,82	51,86	26,52	-62,96	15,67	-36,45	60,01	-44,43
FMI2-08	FMI2-26	24,22	43,09	42,93	-20,79	16,60	22,41	83,74	-1,11
	CLONE02	16,69		89,26		16,28		122,23	
	CLONE03	17,44		69,15		27,91		114,50	
	CLONE67	18,63		71,30		2,17		92,10	
	CLONE48	6,17		38,50		26,29		70,97	
	CLONE24+8	4,83		74,19		11,68		90,70	
	CLONE22/89	4,62		29,43		41,95		76,00	
	CLONE4+8	11,73		71,60		24,66		108,00	
	CLONE26	16,92		54,19		13,56		84,67	

FMI2(Família de meios-irmãos do segundo ciclo de seleção recorrente); HF= heterose funcional (%); Acumulada (AC) = Soma dos Biênios (sc. benef./ha de café cereja/planta); 1º Biênio=2009-2010; 2º Biênio= 2011-2012; 3º Biênio= 2013-214.

Tabela 7 - Produção média por biênio e acumulada, em sc. benef./ha, de café cereja/planta, e heterose funcional, de oito Famílias de Meios-Irmãos, ciclo 02, e de oito progenitores, referentes ao Bloco III, avaliadas na Fazenda Experimental de Marilândia, ES.

		BLOCO III							
Tratamento	FMI2	1ºBiênio		2ºBiênio		3ºBiênio		PRO _{AC}	HF _{AC}
		PRO	HF	PRO	HF	PRO	HF		
FMI2-01	FMI2-02	12,40	-5,95	23,63	-52,09	19,17	-21,71	55,20	-36,55
FMI2-02	FMI2-03	22,15	65,65	42,98	-31,89	20,91	-35,87	86,03	-21,12
FMI2-03	FMI2-67	19,74	-1,91	38,05	20,07	21,46	53,58	79,25	20,46
FMI2-04	FMI2-48	21,00	-1,08	42,54	-28,77	19,41	-50,31	82,94	-30,88
FMI2-05	FMI2-24+8	20,94	468,25	44,10	50,56	19,23	25,82	84,27	74,62
FMI2-06	FMI2-22/89	23,10	195,76	35,25	-11,49	22,77	-54,61	81,12	-17,06
FMI2-07	FMI2-4+8	29,81	100,96	48,85	-31,56	19,79	-1,02	98,45	-7,30
FMI2-08	FMI2-26	11,52	69,84	19,74	-59,53	16,80	4,72	48,05	-32,89
	CLONE02	13,19		49,32		24,49		87,00	
	CLONE03	13,37		63,09		32,60		109,07	
	CLONE67	20,13		31,69		13,98		65,79	
	CLONE48	21,23		59,72		39,05		120,00	
	CLONE24+8	3,69		29,29		15,29		48,26	
	CLONE22/89	7,81		39,83		50,17		97,80	
	CLONE4+8	14,83		71,38		20,00		106,21	
	CLONE26	6,78		48,78		16,04		71,60	

FMI2(Família de meios-irmãos do segundo ciclo de seleção recorrente); HF= heterose funcional (%); Acumulada (AC) = Soma dos Biênios (sc. benef./ha de café cereja/planta); 1º Biênio=2009-2010; 2º Biênio= 2011-2012; 3º Biênio= 2013-2014.

Ao calcular o valor de heterose funcional com base na acumulada, foram encontrados valores consideráveis como: FMI2-26 no bloco I (122,77%); FMI2-48 no bloco II (36,55%); e FMI2-24+8 no bloco III (74,62%). Assim, as progênies das famílias de meios-irmãos não superaram as produções acumuladas dos melhores progenitores, no mesmo período, de 151,08sc ha⁻¹, 122,23sc ha⁻¹ e 120,00sc ha⁻¹ (Tabelas 5, 6 e 7). Destarte, pode ser notada a superioridade de grande parte dos progenitores, sendo o elevado valor da produtividade interpretado como a potencialidade que os genótipos podem atingir em condições semelhantes às experimentais.

No desenvolvimento de cultivares, é indispensável que se conheça, a priori, o desempenho dos genótipos disponíveis “*per se*” e em combinações híbridas. Alguns trabalhos com a variedade conilon foram desenvolvidos, nesse sentido, por Ferreira et al. (2008), Vicentini (2014) e Ferrão et al.(2012).

4.5 Avaliação da Capacidade Geral de Combinação

A escolha dos genitores apenas com base em caracteres desejáveis (desempenho *per se*) é insuficiente para assegurar a obtenção de progênies com elevada frequência de segregantes transgressivos (Santos et al., 2013; Rocha et al., 2014). É necessário, portanto, que os genótipos utilizados nos cruzamentos evidenciem capacidade combinatória em nível expressivo para produzirem, em alta frequência, recombinações favoráveis (Allard, 1971).

A Tabela 8 mostra as estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) para o caráter produtividade em três biênios, (1º Biênio se refere às safras 2009-2010; 2º Biênio, às safras 2011-2012; e 3º Biênio, às safras 2013-2014), e na acumulada (soma dos três biênios), considerando que os genitores foram cruzados com um testador de base ampla e estimadas as capacidades geral de combinação (Hallauer et al., 2010).

Ao analisar as estimativas dos efeitos da CGC por biênio, observou-se superioridade dos progenitores CL48 e CL24+8, com 4,81 e 9,17no1º, no 2º Biênio, respectivamente, e CL 48 com 3,52, no 3º Biênio (Tabela 8). Esses progenitores são promissores e deverão ser preferidos para o programa de melhoramento de café conilon, constituindo novas populações, pois propiciarão

maiores ganhos nos ciclos de seleção (Lemos et al., 2002; Aguiar et al., 2004; Ferrão et al., 2012).

Tabela 8 – Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) para cada biênio e a acumulada (CGC_{AC}), considerando a característica produtividade (sc ha⁻¹) de café conilon, avaliada na Fazenda Experimental de Marilândia-ES.

	1ºBiênio		2ºBiênio		3ºBiênio		PRO _{AC}	CGC _{AC}
	PRO	CGC	PRO	CGC	PRO	CGC		
CL02	13,8 1	-7,55	26,19	-10,49	17,80	-2,96	57,80	-20,99
CL03	20,3 4	-1,01	38,53	1,84	21,78	1,03	80,65	1,86
CL67	18,1 9	-3,17	33,52	-3,16	21,79	1,04	73,49	-5,29
CL48	26,1 7	4,81	42,96	6,28	24,27	3,52	93,40	14,62
CL24+8	23,9 8	2,63	45,85	9,17	21,24	0,48	91,07	12,28
CL22/8	20,9 4	-0,41	32,75	-3,93	22,41	1,65	76,10	-2,69
9	25,2 3	3,87	37,14	0,46	18,11	-2,64	80,48	1,70
CL4+8	22,1 9	0,83	36,51	-0,17	18,63	-2,13	77,32	-1,47
CL26								

Acumulada (AC) = Soma dos Biênios (sc. benef./ha de café cereja/planta); 1º Biênio=2009-2010; 2º Biênio= 2011-2012; 3º Biênio= 2013-214.

Segundo Ferreira et al. (2012), a capacidade geral de combinação (CGC) está relacionada à ação aditiva dos genes, mostrando o desempenho médio dos pais em combinações híbridas. Quanto mais altas as estimativas, maior a capacidade de o genitor transmitir alelos favoráveis para sua progênie (Menezes, 2014). Quando mais próxima de zero essa estimativa, o desempenho dos genitores não difere da média geral dos cruzamentos (Cruz et al., 2012).

Quanto à capacidade geral de combinação (CGC) referente à acumulada dos biênios (AC), pode-se verificar que os genótipos que se destacaram com valores positivos foram CL48 e o CL24+8, com 14,62 e 12,28, respectivamente, indicando grande contribuição positiva para produção nos cruzamentos em que estão envolvidos. Com esses resultados, espera-se que estes genótipos em cruzamentos produzam híbridos com maior valor de produtividade, ao contrário de

quando se selecionam progenitores com CGC negativo [CL02 (-20,99), CL67 (-5,29), CL22/89 (-2,69) e CL 26 (-1,47)], indicando redução na contribuição gênica para produção nos cruzamentos de que participam (Tabela 8).

A heterose não traduz a superioridade de frequências alélicas, mas a sua divergência (Carvalho et al., 1994). Logo, o estudo da capacidade combinatória das cultivares indica quais cruzamentos serão heteróticos, reduzindo o tempo de trabalho na obtenção dos melhores híbridos (Cruz e Vencovsky, 1989).

O híbrido FMI2-24+8 apresentou elevada heterose e o clone 24+8, elevada CGC (Tabela 8). O FMI2-24+8, proveniente do cruzamento do clone 24+8 com um testador de base ampla, esteve entre os mais produtivos, quer seja na produção média por biênio ou na acumulada. O melhor híbrido é aquele que apresenta a maior estimativa da capacidade específica de combinação e que pelo menos um dos pais tenha alta estimativa da capacidade geral de combinação (Cruz e Regazzi, 1994).

Já o clone 48 teve elevada CGC e baixa heterose. Sua menor heterose está relacionada ao fato de ser mais produtivo “per se” e de sua elevada estimativa dos efeitos da CGC resultar na potencialidade do genótipo em gerar boas populações para o melhoramento, proporcionando informações sobre a concentração de alelos predominantemente aditivos em seus efeitos, podendo, esses genes favoráveis, ser herdados pelas gerações futuras. Esse clone é o mais promissor para todos os cruzamentos por ter boa complementação gênica.

Os progenitores clone 24+8 e clone 48 do café conilon, avaliados no presente estudo, mostraram potencial para serem utilizados com êxito em programas de melhoramento genético, visando ao aumento da produtividade.

4.6 Parâmetros genéticos via REML

A Tabela 9 apresenta os parâmetros genéticos estimados para as características avaliadas nesse estudo bem como as médias genotípicas. Segundo Cruz e Carneiro (2003), o uso de parâmetros genéticos possibilita identificar a variabilidade genética de uma população e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada.

O caráter PRO apresentou variância genotípica (V_g) de 7,46; já as variáveis $TG=0,03$, $PT=0,015$, $VG=0,013$ e $GI=0,028$ apresentaram valores de baixa magnitude, que, possivelmente, podem ser atribuídos ao maior grau de parentesco entre as progênes dentro de cada tratamento, como também a um maior efeito ambiental sobre o caráter (Tabela 9).

Tabela 9 – Estimativa de parâmetros genéticos estimados para as 5 características avaliadas via procedimento REML, utilizando dados individuais de progênes híbridas oriundas de Famílias de Meios-Irmãos, Ciclo 02, de café conilon, avaliadas na Fazenda Experimental de Marilândia, ES.

Parâmetros	Características ¹				
	TG	PRO	PT	VG	GI
V_g	0,0342	7,4659	0,0157	0,0138	0,0283
V_f	0,3710	217,0645	0,2646	1,8626	0,3317
h^2_{mp}	0,4557	0,4870	0,5348	0,2238	0,4901
Acprog	0,6751	0,6979	0,7313	0,4731	0,700
CVgp%	5,0280	6,5956	2,3536	0,9374	4,5753
CVe%	9,5387	11,6762	3,8670	3,3411	8,1007
CVr	0,5283	0,5626	0,6191	0,2805	0,5661
Média	1,8362	20,7964	2,6171	5,6847	1,8371

V_g : variância genética aditiva genética entre progênes de meios-irmãos, equivalendo à variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância; V_f : variância fenotípica individual; h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênes; Acprog: acurácia da seleção de progênes; CVgp%: coeficiente de variação genética entre progênes; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa (CVgp/CVe).⁽¹⁾ TG = tamanho de grão, PRO = produtividade, PT = porte da planta, VG = vigor da planta e GI = grau de inclinação.

A estimativa da herdabilidade foi de moderada magnitude, sendo uma das prováveis causas a redução da variabilidade genética ou a base genética estreita da população. Mesmo assim, justifica-se o uso de modelos mistos por permitirem, embora com características de baixa herdabilidade, que ganhos genéticos favoráveis sejam preditos e os genótipos tenham potencial para a seleção (Quintal, 2013).

Elevada herdabilidade com base nas médias de progênes (h^2_{mp}), favorece uma seleção inicial entre progênes, seguida por uma seleção dentro das melhores progênes selecionadas.

A função da herdabilidade no estudo genético do caráter é o seu papel preditivo, expressando a confiabilidade com que o valor fenotípico representa o valor genético (Silva, 2013). Segundo Falconer (1987), herdabilidade não é uma propriedade imutável, mas responde às condições ambientais a que a população

for submetida, podendo seu valor ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes das variâncias genéticas e fenotípicas.

No contexto da avaliação genotípica, o parâmetro estatístico mais importante é a acurácia (Acprog), que se refere à correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros dos indivíduos, estando ligada à herdabilidade do caráter (Henderson, 1984).

Os valores de acurácia, Acprog, encontrados na Tabela 9, estão entre 0,47 e 0,73. Resende e Duarte (2007) classificam esta estatística como muito alta ($Acurácia > 0,90$), alta ($0,70 \leq Acurácia \leq 0,90$), moderada ($0,50 \leq Acurácia < 0,70$) e baixa ($Acurácia \leq 0,50$). Considerando a referida classificação, observam-se valor baixo para VG, moderado para TG e PRO, e valor alto para PT e GI. Conforme Cargnelutti-Filho e Storck (2009), em geral, ensaios com maior acurácia seletiva são aqueles com menor variância residual e maior variância genética.

A acurácia é uma medida que leva em consideração a proporção entre as variações de natureza genética e residual, associada ao caráter em avaliação (Resende e Duarte, 2007), estando também associada à precisão na seleção, sendo o principal componente do progresso genético que se pode alterar para maximizar o ganho genético (Maia et al., 2014).

A estimativa do coeficiente de variação genotípica entre progênes, CVgp%, teve altos valores para a maioria das características, exceto para as PT e VG, sendo que o maior valor foi para produtividade, com 6,59%, tamanho de grão com 5,02 e grau de inclinação 4,57. A estimativa do CVgp, expressa em porcentagem da média geral a quantidade de variação genética existente (Tabela 9). Mistro (2012) encontrou valor superior para a característica em questão, chegando a 29,49%. De maneira geral, podem ser obtidos progressos genéticos com a adoção de procedimentos de seleção apropriados.

As estimativas do coeficiente de variação residual (CVe) variaram de 3,34 a 11,67%, podendo-se inferir que os valores apresentados se mantiveram em níveis aceitáveis para a experimentação de campo, indicando alta acurácia e maior precisão experimental para as características em estudo (Tabela 9) (Carvalho et al., 2003; Ferrão et al., 2008; Fritsche-Neto et al., 2012; Couto et al., 2013).

O valor do coeficiente de variação relativo (CVr) para os caracteres TG, PRO, PT e GI apresentou magnitude maior que 0,5, o que mostrou possibilidade de sucesso com a seleção entre progênes, visto esse parâmetro indicar que a

variação genética entre progênies é bem maior do que a variação ambiental. O contrário ocorreu com o caráter VG (0,28). Segundo Vencovsky (1987), a razão entre CV_{gp} e CV_e permite obter o coeficiente de variação relativa (CV_r), cujo valor pode indicar uma situação favorável à seleção, se superior a 1,0.

De modo geral, analisando a amplitude das médias, nota-se que a média teve valores baixos. Apesar de a PRO ser a principal variável cogitada pelos melhoristas, é necessário levar em consideração também os outros caracteres. Contudo, essa situação é atribuída ao campo experimental, instalado em área isolada, no meio de mata, que leva ao sombreamento, conduzido sem irrigação. Aliadas a essas questões, nos anos de condução do experimento, as condições climáticas não foram favoráveis para o desenvolvimento da cultura, com a ocorrência de déficits hídricos nas fases críticas de formação e enchimento de grãos.

4.7 Seleção e ordenação de indivíduos de *C. canephora* via BLUP

A Tabela 10 apresenta os resultados comparativos das estimativas de ganhos genéticos referentes a três abordagens de índices de seleção e o ordenamento das 8 famílias de meios-irmãos de café conilon, associados às características tamanho de grão (TG), produtividade (PRO), porte (PT), vigor vegetativo (VG) e grau de inclinação (GI). As características foram selecionadas com o objetivo de obter acréscimo em suas médias originais, exceto para porte e grau de inclinação. De acordo com Cruz et al. (2004), diferentes índices representam diferentes alternativas de seleção e, conseqüentemente, de ganhos.

O índice Multiplicativo permitiu ganhos superiores ao do índice Aditivo, porém inferiores ao índice Mulamba e Mock, que foi o que proporcionou maiores ganhos para as famílias - 6 (32,35), 3 (28,57), 4 (20,57), 1 (15,38), 2 (11,38), 8 (8,00) e 5 (5,00) - ressaltando-se que esses ganhos estão no sentido positivo para as características TG, PRO, VG e negativo para PT e GI (Tabela 10).

Tabela 10 – Estimativas de ganhos genético em porcentagem (GS) com a utilização de três índices de seleção e ordenamento das 8 famílias de meios-irmãos, de ciclo 02, estudadas com suas respectivas porcentagens de ganho através da avaliação conjunta das variáveis Tamanho de grão, Produtividade, Porte, Vigor e Grau de inclinação, via REML/BLUP.

Aditivo			Mulamba e Mock			Multiplicativo		
Ordem	FMI2	GS	Ordem	FMI2 ¹	GS	Ordem	FMI2	GS
1	4= CL48	2,5700	1	6 ¹ = CL22/89	32,3529	1	4= CL48	21,0806
2	3= CL67	1,9374	2	3 ¹ = CL67	28,5714	2	5= CL24+8	19,2068
3	6= CL22/89	1,5584	3	4 ¹ = CL48	20,5357	3	3= CL67	15,8802
4	5= CL24+8	1,2880	4	1 ¹ = CL02	15,3846	4	2= CL03	12,4504
5	2= CL03	1,0456	5	2 ¹ = CL03	11,3861	5	6= CL22/89	9,0886
6	8= CL26	0,7210	6	8 ¹ = CL26	8,0000	6	8= CL26	6,7768
7	1= CL02	0,3353	7	5 ¹ = CL24+8	5,0000	7	7= CL4+8	4,0838
8	7= CL4+8	0,0000	8	7= CL4+8	0,0000	8	1= CL02	0,0000

(I): Famílias selecionadas.

A superioridade do índice Mulamba e Mock em função dos maiores ganhos percentuais confirma este método como o mais eficiente para seleção, podendo ser recomendado para programas de melhoramento genético do cafeeiro. Teixeira et al. (2012) e Farias Neto et al., (2009), visando a determinar a estratégia seletiva mais adequada para produção de frutos de açaizeiro, verificaram também que o índice de Mulamba e Mock é mais eficiente. Resultado similar foi encontrado Resende et al. (2014) trabalhando com seleção simultânea para as características de fibra de algodoeiro.

Os altos ganhos encontrados podem ser função de as populações utilizadas serem altamente heterozigóticas, o que se reflete no elevado diferencial de seleção e, conseqüentemente, na estimativa de ganhos elevados, quando há herdabilidades também de magnitudes importantes.

Pelo índice Mulamba e Mock, via modelos mistos, é possível promover efetivo aumento da concentração de alelos favoráveis das características estudadas na população. Oliveira et al. (2008) afirmam que a seleção entre famílias por meio de modelos mistos REML/BLUP pode ser uma estratégia importante para identificar indivíduos com elevados valores genotípicos.

Considerando a produtividade do café beneficiado com a principal variável (PRO), foi feito o ranqueamento dos 20 primeiros indivíduos com os valores de efeitos genéticos (a), ganho genético e as novas médias para as sete melhores famílias apresentadas acima (Tabelas 11, 12, 13, 14, 15, 16 e 17).

Visando a identificar genótipos promissores para PRO, os melhores ranqueados pertencem à progênie FMI2-2, indivíduo 22, do bloco 3, seguida pela FMI2-8, indivíduo 25, do bloco 2, e pela FMI2-5, indivíduo 10, do bloco 1, que se destacaram com maiores valores para nova média, com 34,60; 28,53 e 29,16, respectivamente (Tabelas 15,16 e 17).

Os valores genotípicos preditos pelo BLUP correspondem aos valores observados sem o efeito ambiental. Portanto, ao contrário do que ocorre com espécies de propagação vegetativa, em que todo valor genotípico é capitalizado, em espécies alógamas, apenas os efeitos aditivos são transmitidos para os descendentes e deverão ser levados em conta no momento da seleção dos genótipos, que deverão ser utilizados como genitores nas próximas gerações (Resende, 2002).

Os indivíduos ranqueados em última posição com os menores valores para o efeito aditivos (a) bem como para o ganho e nova média foram: o indivíduo 24 do bloco 2 da FMI2-1 (CL02) com 1,41; 2,57; 20,42, o indivíduo 11 do bloco 2 da FMI2-3 (CL67) com 0,18; 0,32; 22,09, o indivíduo 16 do bloco 1 da FMI2- 4 (CL48) com 0,30; 0,45; 24,77; e por último o indivíduo 2 do bloco 1 da FMI2- 8 (CL26) com 0,35; 0,42; 28,43, respectivamente(Tabelas 11, 12, 13 e 16).

Os dados conjuntos mostraram ganhos genéticos importantes na seleção de progênies híbridas dentro de cada família de meios-irmãos no segundo ciclo de seleção. Concomitantemente, observou-se que o ordenamento de indivíduos por meio de modelos mistos REML/BLUP proporcionou maior probabilidade de seleção de materiais potenciais.

Tabela 11 - Valores de efeitos genéticos (a), ganho genético e nova média das 10 melhores plantas dentro das FMI2-06 (CL22/89) e da FMI2-3 (CL67), para o caráter produtividade, via blup individual.

6=FMI2-CL22/89					
Ordem	Bloco	Planta	a	Ganho	Nova Média
1	1	28	4,4659	4,4659	26,7845
2	1	47	2,4401	3,4530	25,7716
3	3	50	1,8918	2,9326	25,2512
4	3	28	1,8287	2,6566	24,9752
5	3	39	1,8036	2,4860	24,8046
6	3	49	1,7964	2,3711	24,6897
7	1	27	1,7611	2,2840	24,6025
8	1	26	1,4370	2,1781	24,4967
9	2	47	1,3075	2,0813	24,3999
10	3	32	1,2289	1,9961	24,3147
3=FMI2-CL67					
11	1	28	0,8746	0,8746	22,6422
12	3	11	0,5240	0,6993	22,4670
13	2	28	0,4750	0,6245	22,3922
14	1	12	0,4301	0,5759	22,3436
15	1	24	0,4024	0,5412	22,3089
16	1	17	0,3379	0,5073	22,2750
17	3	4	0,3121	0,4794	22,2471
18	1	9	0,3079	0,4580	22,2257
19	1	35	0,2925	0,4396	22,2073
20	3	15	0,2896	0,4246	22,1923

Tabela 12 - Valores de efeitos genéticos (a), ganho genético e nova média das 20 melhores plantas dentro das FMI2-04 (CL48) e da FMI2-1 (CL02), para o caráter produtividade, via blup individual.

4=FMI2-CL48					
Ordem	Bloco	Planta	a	Ganho	Nova Média
21	2	28	0,6598	0,6598	24,9772
22	1	49	0,6240	0,6419	24,9592
23	3	51	0,5863	0,6234	24,9407
24	1	25	0,5826	0,6132	24,9305
25	3	46	0,5480	0,6001	24,9175
26	2	51	0,5273	0,5880	24,9053
27	1	51	0,5118	0,5771	24,8944
28	1	31	0,4649	0,5631	24,8804
29	1	40	0,4292	0,5482	24,8655
30	1	43	0,4287	0,5363	24,8536
1=FMI2-CL02					
31	2	43	9,0474	9,0474	26,8912
32	1	25	3,8167	6,4321	24,2759
33	1	50	3,7584	5,5408	23,3846
34	2	23	3,4100	5,0081	22,8519
35	3	23	3,2232	4,6511	22,4949
36	1	22	2,5358	4,2986	22,1424
37	2	22	2,4125	4,0292	21,8729
38	1	42	2,2303	3,8043	21,6481
39	3	27	2,1561	3,6212	21,4650
40	3	33	2,0859	3,4676	21,3114

Tabela 13 - Valores de efeitos genéticos (a), ganho genético e nova média das 10 melhores plantas dentro das FMI2-02 (CL03) e da FMI2-8 (CL26), para o caráter produtividade, via blup individual.

2=FMI2-CL03					
Ordem	Bloco	Planta	a	Ganho	Nova Média
41	3	22	1,0277	1,0277	34,6000
42	2	22	1,0202	1,0240	34,5963
43	1	22	0,9631	1,0037	34,5760
44	3	33	0,8310	0,9605	34,5328
45	3	36	0,8310	0,9346	34,5069
46	2	4	0,8236	0,9161	34,4884
47	2	8	0,8236	0,9029	34,4752
48	2	36	0,8236	0,8930	34,4653
49	1	4	0,7664	0,8789	34,4512
50	1	8	0,7664	0,8677	34,4400
8=FMI2-CL26					
51	2	25	0,5284	0,5284	28,5387
52	3	25	0,5161	0,5222	28,5325
53	3	32	0,5161	0,5202	28,5304
54	1	32	0,5033	0,5160	28,5262
55	3	4	0,4723	0,5072	28,5175
56	1	4	0,4596	0,4993	28,5095
57	2	17	0,4409	0,4910	28,5012
58	2	48	0,4372	0,4842	28,4945
59	2	52	0,4372	0,4790	28,4892
60	1	25	0,5284	0,5284	28,5387

Tabela 14 - Valores de efeitos genéticos (a), ganho genético e nova média das 20 melhores plantas dentro das FMI2-05 (CL24+8), para o caráter produtividade, via blup individual.

5=FMI2-CL24+8					
Ordem	Bloco	Planta	a	Ganho	Nova Média
61	1	10	1,2409	1,2409	29,1640
62	1	45	1,1726	1,2068	29,1299
63	3	45	1,1423	1,1853	29,1084
64	2	45	1,1032	1,1648	29,0879
65	2	10	0,9107	1,1139	29,0371
66	1	46	0,8976	1,0779	29,0010
67	3	20	0,8791	1,0495	28,9726
68	3	46	0,8673	1,0267	28,9498
69	2	20	0,8399	1,0060	28,9291
70	3	10	1,2409	1,2409	29,1640

4.8 Análise Multivariada - Agrupamento Tocher

Foram feitas a análise de divergência genética e a dispersão gráfica das progênes selecionadas no item anterior (70 progênes e 8 progenitores), utilizando as 12 características descritas no item 3.3. Para tanto, utilizou-se o agrupamento pelo método de Tocher, com base na matriz de dissimilaridade genética estimada pela distância euclidiana média (Tabela 15).

Verificou-se formação de 13 grupos. Os grupos I, II, III, IV, VI e VII reuniram grande parte dos genótipos, enquanto o grupo XIII reuniu apenas um genótipo (Tabela 15). Este método tem a característica de formar grupos com apenas um genótipo, no caso dos genótipos com maior dissimilaridade, uma vez que este agrupamento é influenciado pela distância dos genótipos já agrupados (Vasconcelos et al., 2007). Ivoglo et al. (2008), Ferrão (2004) e Fonseca (1999),

trabalhando com clones de *C. canephora*, variedade Conilon, obtiveram resultados semelhantes aos aqui mencionados.

Os genótipos são promissores para serem incluídos nos programas de melhoramento genético, por apresentarem alta divergência genética. Fonseca et al. (2006), utilizando o mesmo método, agrupou 32 clones de café Conilon (*C. canephora*), componentes de três variedades clonais melhoradas, em três grupos distintos.

Tabela 15-Agrupamento, pelo método de Tocher, de 70 genótipos e seus progenitores de *Coffea canephora*, selecionados via blup individual, com base na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média, estimada com base em 12 características morfoagronômicas⁽¹⁾, Fazenda Experimental de Marilândia, ES.

Grupos	Genótipos⁽²⁾
I	5 72 59 18 46 31 44 33
II	65 78 26 39 54 13 67 52 11 24 37 28 22 50
III	6 73 19 60 32 45 58
IV	4 71 17 30 43 56 69
V	7 61 74 48 35
VI	23 36 10 51 64 77 49 38
VII	1 55 14 68 27 40 53 29
VIII	3 57 16 70 42
IX	63 76 9
X	8 21 62 75 34 47
XI	2 15 41
XII	12 66 25
XIII	20

⁽¹⁾ TG = tamanho de grão; PRO = produtividade; PT = porte da planta; VG = vigor da planta; FER = resistência à ferrugem; MAT= maturação; UM = uniformidade de maturação; CER = cercóspora; SP =seca de ponteiro; EG = escala geral; BM = bicho mineiro; GI = grau de inclinação.⁽²⁾(Progênes:1 a 10 (FMI2-CL22/89); 11 a 20 (FMI2-CL67); 21 a 30 (FMI2-CL48); 31 a 40 (FMI2-CL02); 41 a 50 (FMI2-CL03); 51 a 60 (FMI2-CL26); 61 a 70 (FMI2-CL24+8) e os progenitores: 71 (Clone02); 72 (Clone03); 73 (Clone67); 74 (Clone48); 75 (Clone24+8); 76 (Clone22/89); 77 (Clone4+8); 78 (Clone26).

O grupo II foi formado por maior número de genótipos (14), indicando que, embora haja genótipos com grande divergência genética entre grupos, dentro do grupo a maioria é similar, o que, segundo Silva et al. (2011), evidencia uma base genética estreita (Tabela 15). O mesmo foi observado por diversos autores em diferentes culturas: Gonçalves et al. (2014) e Cargnelutti Filho et al (2008), avaliando feijão comum; Nunes et al. (2011), avaliando linhagens de melão “pele de sapo”; e Silva et al. (2011), avaliando cana-de-açúcar.

As progênies 20 (FMI2-CL67) e 25 (FMI2-CL48) foram consideradas as mais dissimilares entre si, com uma distância genética de 2,56, com base na distância euclidiana média. Já a progênie 5 (FMI2-CL22/89) e o progenitor 72 (Clone 03) foram os mais similares, em razão de terem exibido a menor distância estimada (0,11) (Tabela 15).

O estudo de divergência genética representa uma valiosa informação na escolha de genitores dentro de um programa de melhoramento, pois, além do desempenho *per se*, segundo Bertan et al. (2006), as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser embasadas na magnitude de suas dissimilaridades.

O programa de seleção recorrente do *C. canephora* demanda do melhorista a seleção dos melhores indivíduos divergentes, em busca do aumento da frequência de alelos favoráveis. Segundo Berthaud (1980), constituiu a base para a implantação de um programa de seleção recorrente recíproca na Costa do Marfim, que permitiu a obtenção de híbridos de café que apresentaram produtividade superior (Montagnon et al., 2000; Mistro et al., 2004). Berthaud (1980) e Montagnon et al. (2000), tendo sido observado que cruzamentos divergentes produziram progênies com produtividades 20 a 50%, acima da média das testemunhas. Ferrão et al. (2008) e Ivoglo et al. (2008) também sugerem o cruzamento entre materiais genéticos divergentes e superiores para melhor explorar o potencial heterótico das combinações divergentes do café conilon.

Entretanto, vale destacar que as plantas selecionadas neste trabalho serão trabalhadas por duas estratégias, ou seja, serão recombinadas em campo isolado para compor o terceiro ciclo de seleção recorrente do programa de melhoramento do Incaper e, paralelamente, clonadas para serem avaliadas em ensaios de

competição em diferentes ambientes do Estado do Espírito Santo, para serem lançadas novas variedades clonais.

Na Figura 1, identifica-se visualmente o distanciamento dos genótipos 20 (FMI2-CL67), 25 (FMI2-CL48), 9 (FMI2-CL22/89), 76 (CL22/89), 33 (FMI2-CL02) e 12 (FMI2-CL67) em relação aos demais, caracterizando a eficácia da distinção destes genótipos como aqueles mais dissimilares da população.

A aglomeração da maioria das progênes no centro do gráfico leva à explicação de que a divergência genética é relativamente estreita. Diante do exposto, um dos grandes desafios seria a introduções de novos germoplasmas, pois cruzamentos entre genótipos divergentes e que exibam bom desempenho propiciam exploração de maior variabilidade na descendência, podendo garantir o sucesso do terceiro ciclo de seleção recorrente do café conilon.

O que se espera é que os resultados desse trabalho, associados aos de Fonseca (1999), Fonseca et al. (2003), Ferrão (2004), Vicentini (2013) e Mistro (2013), possam colaborar de forma satisfatória em futuros trabalhos de melhoramento genético da espécie.

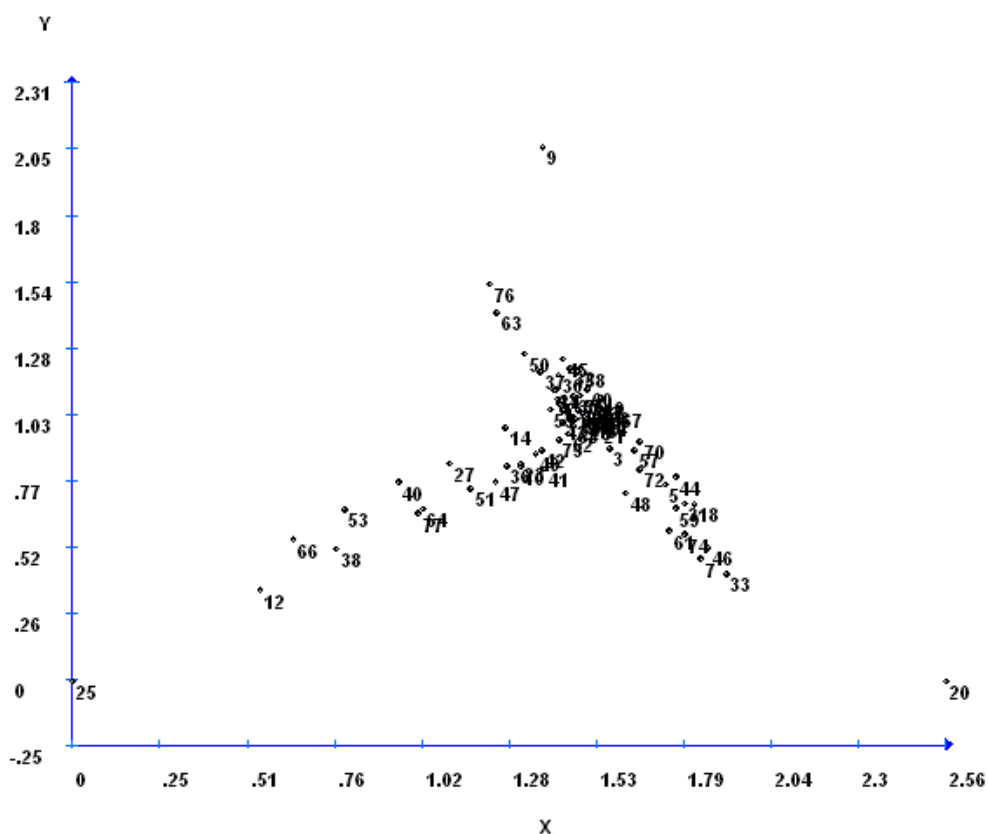


Figura 1 – Dispersão gráfica de 70 progênes e seus progenitores de *Coffea canephora*.

5. CONCLUSÕES

As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos revelam a existência de variabilidade genética e excelente potencial seletivo entre as genótipos de café conilon para os caracteres estudados.

As famílias dos meios-irmãos FMI2-24+8, FMI2-48 e FMI-4+8 foram as que apresentaram a maior produtividade acumulada, e as maiores heteroses acumuladas foram obtidas nas famílias dos meios-irmãos FMI2-26, FMI2-48 e FMI2- 24+8, nos blocos I, II e III, respectivamente.

Os progenitores CL48, CL24+8, CL03 e CL4+8 foram os melhores quanto à capacidade geral de combinação referente à produtividade acumulada, com estimativas de 14,62; 12,28; 1,86 e 1,70, respectivamente.

As estimativas dos efeitos da CGC por biênio mostraram a superioridade dos progenitores CL48, CL24+8 e CL 48, com 4,81; 9,17; 3,52, no 1º, 2º e 3º Biênio, respectivamente.

A seleção de famílias e indivíduos por meio de modelos mistos permitiu identificar indivíduos com maiores valores genotípicos, que podem ser testados em futuras gerações com maior probabilidade de seleção de materiais potenciais;

O índice Mulamba e Mock foi o que proporcionou maiores ganhos, confirmando este método como o mais eficiente para seleção, podendo ser recomendado em programas de melhoramento genético do cafeeiro. Os ganhos genéticos atingiram de 32,35 (FMI2-22/89) a 5,0 (FMI2-24+8).

Foram selecionadas as sete famílias que apresentaram maior GS e, em seguida, as melhores progênies dentro de cada família, totalizando 70 progênies.

As progênies que se destacaram com maiores valores para os efeitos aditivos (*a*) bem como para o ganho e nova média foram: a planta 22 (FMI2-CL03) do bloco 3, seguida pela planta 10 (FMI2-CL24+8) do bloco 1 e pela planta 43 (FMI2-CL02) do bloco 2.

O emprego da análise multivariada possibilitou agrupar os indivíduos com as mesmas características, facilitando a seleção de indivíduos com características agronômicas desejáveis para dar continuidade ao programa de melhoramento de café conilon do Incaper.

Verificou-se formação de 13 grupos genéticos, e os materiais com as maiores distâncias foram da ordem de 2,56 para as progênies 20 (FMI2-CL67) e 25 (FMI2-CL48). Já os similares, em razão de terem exibido a menor distância estimada (0,11), foram a progênie 5 (FMI2-CL22/89) e o progenitor 72 (Clone 03).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abic – Associação brasileira da indústria de café (2014). Disponível em: www.abic.com.br. Acessado em 18 Outubro de 2014.
- Abrahão, S.A., Pereira, R.G.F.A., Lima, A.R., Ferreira, E.B., Malta, M.R. (2008). Compostos bioativos em café integral e descafeinado e qualidade sensorial da bebida. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 43, n. 12, p. 1799-1804.
- Allard, R.W. (1971). Princípios do melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgar Blücher, 381 p.
- Alekcevetch, J. C., de Araújo Carneiro, F., da Silva Rêgo, É. C., Guerra, A. F., Bartholo, G. F., Ferrão, M. A. G., Andrade, A. C. (2013). Estudo da diversidade genética de uma população de *Coffea canephora* var. conilon por meio de marcadores moleculares do tipo SSR. In Embrapa Café-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 8., 2013, Salvador. Sustentabilidade e inclusão Social. Brasília, DF: Embrapa Café.
- Aguiar, A.T.E. (2004). Chemical diversity in coffee plants of *Coffea Canephora*. *Bragantia*, Campinas, v. 64, n. 4, p. 577-582.

- Banco de Desenvolvimento do Estado do Espírito Santo - BANDES. (1987). Diagnóstico da cafeicultura capixaba - o café robusta no Espírito Santo. Vitória, ES, p. 88.
- Baldissera, J.N.C., Bertoldo, J.G., Valentini, G., Coan, M.M.D., Rozeto, D.S., Guidolin, A.F., Coimbra, J.L.M. (2012). Uso do Melhor Preditor Não-Viesado (BLUP) na predição de híbridos de feijão/Using the Best linear unbiased predictor (BLUP) for predicting hybrid beans. *Bioscience Journal*, v.28, n.3.
- Berthaud, J. (1980). L'Incompatibilité chez *Coffea canephora*: méthode de test et déterminisme génétique. *Cofé Cacao Thé*, v. 22, n. 1, p. 267-274.
- Berthaud, J. (1985). Les ressources génétiques pour l'amélioration des caféiers africains diploïdes. Evaluation de la recherche génétique des populations sylvestres et ses mécanismes organisateurs. Consequences pour l'application. Paris: ORSTOM, 379 p.
- Berthaud, J. (1986). Les ressources génétiques pour l'amélioration des caféiers africains diploïdes. Evaluation de la recherche génétique des populations sylvestres et ses mécanismes organisateurs. Consequences pour l'application, Montpellier, France, ORSTOM, 379 p.
- Bertan, I., Carvalho, F.I., Oliveira, A.C., Silva, J.A.G., Benin, G., Vieira, E.A., Silva, G.O., Hartwig, I., Valério, I.P., Finatto, T. (2006). Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio. *Bragantia* 65: 55-63.
- Bizari, E.H. (2014). Índice de seleção para caracteres agrônômicos em populações segregantes de soja. 32f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual Paulista – UNESP Jaboticaba-SP.

- Bonomo, P.; Cruz, C.D.; Pereira, A. A.; Viana, J.M.S.; Oliveira, V.R.; Carneiro, P. C.S.(2004). Seleção antecipada de progênies de café descendentes de híbrido de Timor x catuaí amarelo e catuaí vermelho. *Acta Scientiarum*, v. 26, p. 91-96.
- Borém, F.M (2008). Pós colheita do café. Lavras: UFLA, 630p.
- Borém, A., Miranda, G.V. (2009) *Melhoramento de plantas*. Viçosa, Ed.:UFV, 5ºed. 529p.
- Borges, V., Ferreira P.V., Soares L., Santos G.M., Santos A.M.M. (2010). Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v.32, n.4, p. 643-649.
- Bragança, S.M., Carvalho, C.H.S. de., Fonseca, A.F.A. da., Ferrão, R.G., Silveira, J.S.M. (1993). 'Emcapa 8111', 'Emcapa 8121', 'Emcapa 8131': Primeiras variedades clonais de café conilon lançadas para o Estado do Espírito Santo. Vitória, ES: Emcapa, 2 p. (Emcapa. Comunicado Técnico, 68).
- Bragança, S. M., Carvalho, C. H. S. de., Fonseca, A. F. A. da., Ferrão, R. G. (2001). 'Emcapa 8111', 'Emcapa 8121', 'Emcapa 8131': Variedades clonais de café conilon para o Estado do Espírito Santo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v. 36, n. 5, p. 765-770.
- Burton, J.W., Koinange, E.M.K., Brim, C.A. (1999). Selection of selfed progenies applicant for soybean yield cultivated in genetic male sterility. *Crop Science*, Madison, v. 30, n. 6, p. 1222-1226.
- Carias, C.M.D.O.M., Tomaz, M.A., Ferrão, M.A. G., da Fonseca, A.F.A., Ferrão, R. G., Gonçalves, L.S.A. (2014). Produtividade de grãos de cafeeiro conilon de diferentes grupos de maturação pelo procedimento REML/BLUP. *Semina: Ciências Agrárias*, 35(2), 707-718.

- Cargnelutti Filho, A., Storck, L. (2009). Measures of experimental precision degree in corn cultivar competition trials. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 44, n.2, p. 111-117.
- Carvalho, A., Mônico, L.C. (1968). Relaciones genéticas de espécies selecionadas de *Coffea*. *Café*. v.9, p.1-19.
- Carvalho, L.P.; Moraes, C.F.; Cruz, C.D. (1994). Capacidade de combinação e heterose em algodoeiro herbáceo. *Revista Ceres*, 41(237):514-27.
- Carvalho, L.P. de; Lanza, M.A.; Fallieri, J.; Santos, J.W. dos. (2003). Análise da divergência genética entre acessos do banco ativo de germoplasma de algodão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 38, n. 10, p. 1149-1155.
- Charrier, A., Berthaud, J. (1985). Botanical classification of Coffee. In:Clifford, M.N. e Willson, K.C. *Coffee: bontany, biochemistry, and production of beans and beverage*. New York, p.13-47.
- Charrier, A., Berthaud, J. (1988). Principles and Methods in *Coffee Plant Breeding: Coffea canephora* Pierre. In: Clarke, R. J. and Macrae, R.(eds). *Coffee: Agronomy*. London, v. 4, p. 167-197.
- Conab- Companhia Nacional de Abastecimento (2014). Acompanhamento da safra brasileira de café. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1253&>. Acessado 06 de agosto de 2014.
- Conagin, C.H.T.M., Mendes, A.J.T. (1961). Pesquisas citológicas e genéticas em três espécies de *Coffea*: auto-incompatibilidade em *Coffea canephora* Pierre ex Froehner. *Bragantia*. Campinas, v. 20, n. 34, p. 787-804.
- Costa, R.B., Resende, M.D.V., Gonçalves, P.S., Chichorro, J.F., Roa, R.A.R. (2008). Variabilidade genética e seleção para caracteres de crescimento da seringueira. *Bragantia*, v.67, p.299-305.

- Couto, M.F., Peternelli, L.A., Barbosa, M.H.P. (2013). Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. *Ciência Rural*, v.43, n.6.
- Cruz, C.D., Vencovsky, R. (1989). Comparação de alguns métodos de análise dialélica. *Revista Brasileira de Genética*. Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.425-436.
- Cruz, C.D. e Regazzi, A.J. (1994). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: UFV, 390p.
- Cruz, C.D. e Carneiro, P.C.S. (2003). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: UFV, v. 2, 586p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2004) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3. ed. Viçosa: UFV, v. 1, 480p.
- Cruz, C.D.; Carneiro, P.S.C. (2006). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. Viçosa: UFV, v.2. 586p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012). Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, v.1, 514p.
- Cruz, C.D. (2013). GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, Maringá, 35(3):271 -276.
- Cunha, K.S., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., Berilli, A.P.C.G., Oliveira, E.C., Ramos, H.C.C., Amaral Jr., A.T. (2012) Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. *Genetics and Molecular Research*, 11(3):3398-3408.

- Davis, A.P., Govaerts, R., Bridson, D.M., Stoffelen, P. (2006). An annotated taxonomic conspectus of the genus *Coffea* (Rubiaceae). *Botanical Journal of the Linnean Society*, London, v. 152, p. 465-512.
- Davis, A.P., Tosh, J., Ruch, N., Fay, M.F. (2011). Growing coffee: *Psilanthus* (Rubiaceae) subsumed on the basis of molecular and morphological data, implications for the size, morphology, distribution and evolutionary history of *Coffea*. *Botanical Journal of the Linnean Society*, London, v. 167, p. 1-21.
- DoVale, J.C., Fritsche-Neto, R., Bermudez, F., Miranda, G.V. (2012). Efeitos gênicos de caracteres associados à eficiência no uso de nitrogênio em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.47, n.3, p.385-392.
- Eskes, A.B. e Costa, W.M. (1983). Characterization of incomplete resistance to *Hemileia vastatrix* in the Icatu coffee population. *Euphytica*. 32:649-657.
- Embrapa Café. Consórcio brasileiro de pesquisa e desenvolvimento do café (2012). Brasília, DF: Embrapa, Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/1481032/tecnologias-do-incaper-melhoram-vida-de-pequenos-cafeicultores-no-es>.
- Falconer, D.S. (1987) Introdução à genética quantitativa. Viçosa, MG: UFV, Imprensa Universitária, 279p.
- Farias Neto, J.T., Oliveira, M.S.P., Resende, M.D.V., Rodrigues, J.C. (2012) Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de progênies de *Euterpe oleracea* na fase juvenil/Genetic parameters and selection gains for *Euterpe oleracea* in juvenile phase. *Cerne*, Lavral, v.18, n. 3.
- Farias Neto, J.T., Lins, P.M.P., Resende, M.D.V., Muller, A.A. (2009) Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 31(1):190–196.

- Fazuoli, L.C. (1986). Genética e melhoramento do cafeeiro. In: Rena, A. B., Malavolta, E., Rocha, M., Yamada, T. (Ed.). Cultura do cafeeiro: fatores que afetam a produtividade. Piracicaba : Potafos, p.87-106.
- Feitosa, L.R. Carta agroclimática do Espírito Santo. (1986). Vitória, ES: Emcapa (Mapa).
- Fehr, W. (1987). Principles of cultivar development: theory and technique. New York: Macmillan, 536 p.
- Ferrão, R.G., Fonseca, A.F.A. da., Ferrão, M.A.G. (1999). Programa de melhoramento genético de café Robusta no Brasil. In: NURMBERG et al. (Eds.). Simpósio de atualização em genética e melhoramento de plantas. Lavras, MG: UFLA, p. 50-65.
- Ferrão, R.G., Fonseca, A.F.A. da., Silveira, J.S.M., Ferrão, M. A. G., Bragança, S. M. (2000a). 'Emcapa 8141'- Robustão Capixaba, variedade clonal de café conilon tolerante à seca, desenvolvida para o estado do Espírito Santo. *Revista Ceres*, Viçosa, MG: 47(273). p. 555-559.
- Ferrão, R.G., Fonseca, A.F.A. da, Ferrão, M.A.G., Bragança, S.M. (2000b). 'Emcaper 8151'- Robusta Tropical: primeira variedade melhorada de café conilon de propagação por sementes para o Estado do Espírito Santo. Vitória, ES: Emcaper. 2p (Emcaper. Documento, 103).
- Ferrão, R.G. (2004). Biometria aplicada ao melhoramento genético do café conilon. 256f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- Ferrão, R.G., Fonseca, A.F.A., Bragança, S.M., Ferrão, G. M.A.G., Muner, L.H. (2007). Café Conilon. Vitória: Incaper. 702 p.
- Ferrão, R.G., Cruz, C.D., Ferreira, A.; Cecon, P.R., Ferrão, M.A.G., Fonseca, A.F. A., Carneiro, P.C.S., Silva, M.F. (2008). Parâmetros genéticos em café conilon. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 43, p. 61-69.

- Ferrão, M.A.G.; Fonseca, A.F.A.; Ferrão, R.G.; Marota, W.B.; Rivasouza, E.M. (2009). Genetic divergence in Conilon coffee revealed by RAPD markers. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 9, p. 67-74.
- Ferrão, R.G., Fonseca, A.F.A., Ferrão, M.A.G., Verdin Filho, A.C., Volpi, P.S., Muner, L.H., Lani, J.A., Prezotti, L.C., Ventura, J.A., Martins, D.S., Mauri, A.L., Marques, E.M.G., Zucatei, F. (2012). Café Conilon: técnicas de produção com variedades melhoradas. 14. ed. Vitória: Incaper, 73 p. (Circular Técnica, 3-I).
- Ferrão, L.F.V., Cecon, P.R., Finger, F.L., Silva, F.F., Puiatti, M. (2011) Divergência genética entre genótipos de pimenta com base em caracteres morfo-agrônomicos. *Horticultura Brasileira* 29.3: 354-358.
- Ferrão, R.G., Ferrão, M.A.G., Fonseca, A.F.A., Volpi, O.S., Verdin Filho, A.C., Lani, J.A., Mauri, A.L., Tóffano, J.L., Tragino, P.H., Moreli, A.P., Bravin, A.J.B. (2013a) 'Centenária Incaper 8132': nova variedade clonal de café conilon de maturação precoce para o Espírito Santo. 1 ed. Vitória, ES : Incaper. (Boletim técnico, 221).
- Ferrão, R.G., Ferrão, M.A.G., Fonseca, A.F.A., Volpi, O.S., Verdin Filho, A.C., Lani, J.A., Mauri, A.L., Tóffano, J.L., Tragino, P.H., Moreli, A.P. (2013b) 'Diamante Incaper 8112': nova variedade clonal de café conilon de maturação precoce para o Espírito Santo. 1 ed. Vitória: Incaper. (Boletim técnico, 219).
- Ferrão, R.G., Ferrão, M.A.G., Fonseca, A.F.A., Volpi, O.S., Verdin Filho, A.C., Lani, J.A., Mauri, A.L., Tóffano, J.L., Tragino, P.H., Bravin, A.J.B., Moreli, A.P. (2013c) 'Jequitibá Incaper 8122': nova variedade clonal de café conilon de maturação intermediária para o Espírito Santo. 1 ed. Vitória: Incaper. (Boletim técnico, 220).
- Ferreira, A., Cruz, C. D., de Vasconcelos, E. S., Nascimento, M., Ribeiro, M. F., & da Silva, M. F. (2008). Utilização de Utilização de bootstrap bootstrap bootstrap não-paramétrico para avaliação de correlações paramétrico para avaliação de

correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais fenotípicas, genotípicas e ambientais.

Ferreira, R.T., Viana, A.P., Barroso, D.G., Resende, M.D.V., Amaral Júnior, A.T. (2012) Toona ciliata genotype selection with the use of individual BLUP with repeated measures. *Scientia Agricola*. v.69, n.3, p.210-216.

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

Fonseca, A.F.A. da (1999). Análise biométrica em café conilon (*Coffea canephora* Pierre). 115f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

Fonseca, A.F.A. da., Ferrão, R.G., Ferrão, M.A.G., Santos, L.P., Bragança, S.M., Marques, E.M.G. (2001). Melhoramento genético de *Coffea canephora* no Estado do Espírito Santo. In: Simpósio de Pesquisa dos cafés do Brasil, Vitória. Anais... Brasília, DF: Embrapa – Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, 2001. p. 1379-384.

Fonseca, A.F.A. da.; Ferrão, M.A.G.; Ferrão, R.G. (2002). A cultura do café Robusta. In: Simpósio de Pesquisa dos cafés do Brasil, 1., 2000, Poços de Caldas. Palestras... Brasília, DF: Embrapa – Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento de Café, p.119-145.

Fonseca, A.F.A. da.; Sedyama, T.; Cruz, C.D.; Sakiyama, N.S.; Ferrão, R.G.; Ferrão, M.A.G.; Bragança, S.M. (2003). Análise de repetibilidade em café conilon. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 3., 2003, Porto Seguro. Anais... Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ – Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café. p. 214.

Fonseca, A.F.A. da., Ferrão, M.A.G., Ferrão, R.G., Verdin Filho, A.C., Volpi, P.S., Zucateli, F. (2004). Conilon Vitória – Incaper 8142: Variedade clonal de café

Conilon. Instituto Capixaba de Pesquisa e Extensão Rural – Incaper. Vitória-ES: 24 p. (Incaper, Documento, 127).

Fonseca, A.F.A. da., Sedyama, T., Cruz, C.D., Sakaiyama, N.S., Ferrão, M.A.G., Ferrão, R.G., Bragança, S.M. (2006). Divergência genética em café conilon. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 41(4), 599-605.

Fonseca, A.F.A., Ferrão, R.G., Ferrão, M.A.G., Volpi, P.S.; Verdin Filho, A.C., Fazuoli, L.C. (2008). Cultivares de café robusta. In: Carvalho, C.H.S. (Org.). *Cultivares de Café: origem, características e recomendações*. Brasília: Embrapa Café, p. 225-280.

Freitas Júnior, S.D.P., do Amaral Júnior, A.T., Rangel, R.M., Viana, A.P. (2009a). Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9(1), p. 1-7.

Freitas Júnior, S.P., Amaral Junior, A.T., Rangel, R.M., Viana, A.P. (2009b). Predição de ganhos genéticos na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. *Semina* 30:803-814.

Freitas Jesus, I. L., Amaral Junior, A. T., Viana, A. P., Pena, G. F., da Silva Cabral, P., Vittorazzi, C., Conceição Silva, T. R. (2013). Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48(11), 1464-1471.

Fritsche-Neto, R., Vieira, R.A., Scapim, C.A., Miranda, G.V., Rezende, L.M. (2012). Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. *Acta Scientiarum. Agronomy*. Maringá, v. 34, n. 1, p. 99-101.

Geraldi, I. O. (2005). Por que realizar seleção recorrente? In: Simpósio de atualização em genética e melhoramento de plantas, 9., 2005, Lavras. Anais..., Lavras: UFLA. 97p.

- Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T., Karasawa, M., Sudré, C.P. (2008) Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, 7(4):1289-1297.
- Gonçalves, D.L., Ambrozio, V.C., Barelli, M.A.A., Neves, L.G., Sobrinho, S.P., da Luz, P.B., Silva, C.R. (2014). Divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiros através de características da semente= Genetic divergence of access through traditional bean characteristics of the seed. *Bioscience Journal*, 30(6).
- Hallauer, A.R. (1985). Compendium of recurrent selection methods and their application. *Review in Plant Science*, v. 3, p. 1-34.
- Hallauer, A.R. e Carena, M.J., (2009). Maize breeding. In: Handbook of plant breeding: cereals (Carena MJ, ed.). Springer, New York, p. 3-98.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.D. (2010). *Quantitative genetics in maize breeding*. Springer, New York, v 6, 227p.
- Henderson, C.R. (1984) Applications of linear models in animal breeding. Guelph: University of Guelph, 462 p.
- Henderson, C.R. (1975). Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, Arlington, v. 31, p. 423-447.
- Hoffmann, C.E. (2001). Resfriamento no processo de torra nas características de qualidade tecnológica e sensorial do café. 86f. Dissertação (Mestrado em ciências) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS.
- Holland, J.B., Bjornsta, D,Å.; FreY, K.J., Gullord, M., Wesenberg, D.M.; Buraas, T. (2000). Recurrent selection in oat for adaptation to diverse environments. *Euphytica*, Wageningen, v. 113, n. 1, p. 195-205.

- Hull, F.H. (1945). Recurrent selection and specific combining ability in corn. *Journal Am. Agron.*, Madison, 37:134–145.
- Ivoglo, M.G., Fazuoli, L.C., Oliveira, A.C.B.D., Gallo, P.B., Mistro, J.C., Silvarolla, M. B., Toma-Braghini, M. (2008). Divergência genética entre progênies de café robusta. *Bragantia*, 67(4), 823-831.
- Krause, W., Souza, R.D., Neves, L.G., Carvalho, M.D.S., Viana, A.P., Faleiro, F.G. (2012). Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro-amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47(1), 51-57.
- Lashermes, P.; Couturon, E.; Moreau, N.; Pailard, M.; Loarn, J. (1996). Inheritance and genetic mapping of self-incompatibility in *Coffea canephora* Pierre. *Theoretical and Applied Genetics*, New York, v. 93, n. 3, p. 458-462.
- Laviola, B.G., Rosado, T.B., Bhering, L.L., Kobayashi, A.K. (2010) Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 45(10):1117–1123.
- Leite, M.E. (2014). Seleção recorrente em feijoeiro visando resistência à *Sclerotinia sclerotiorum* e respostas bioquímicas associadas à defesa contra o patógeno. 154f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras-MG.
- Leroy, T.; Charmetant, P.; Yapo, A. (1991). Application de la sélection recurrent réciproque au caféier *Coffea canephora* Pierre: premiers résultats du programme réalisé en Côte d'Ivoire. *Cofé Cacao Thé*, v. 35, n. 2, p. 95-103.
- Leroy, T.; Montagnon, C.; Charrier, A.; Eskes, A.B. (1993). 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., Charrier, A., Eskes, A.B. (1994). Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. II. Estimation of genetic parameters. *Euphytica*, Wageningen, v. 74, n. 1/2, p. 121-128.
- Leroy, T., Montagnon, C., Cilas, C., Yapo, A., Charmetant, P., Eskes, A.B. (1997). Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. II. Genetic gains and results of first cycle intergroup crosses. *Euphytica*, Wageningen, v. 95, n. 3, p. 347-354.
- Lewis, M.E., Gritton, E.T. (1992). Use of one cycle of recurrent selection per year for increasing resistance to *Aphanomyces* root rot in peas. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Alexandria, v. 117, n. 4, p. 638-642.
- Lima Filho, T., Della Lucia, S.M., Saraiva, S.H., Carneiro, J.C.S., Roberto, C.D (2011). Perfil sensorial e aceitabilidade de bebidas de café tipo expresso preparadas a partir de blends de café arábica e conilon. *Enciclopédia Biosfera*, v.7, n.12.
- Maia, M.C.C., de Resende, M.D.V., de Oliveira, L.C., Vasconcelos, L.F.L., Lima Neto, J.F.P. (2014). Análise genética em genótipos de manga rosa via REML/BLUP. *Revista Agrotecnologia*, 5(1), 1-16.
- Marocco, A., Cattivell, L., Dtlou, G., Lorenzoni, C., Sianca, A.M. (1992). Performance of S2 winter barley progenies from original and improved populations developed via recurrent selection. *Plant Breeding*, Berlin, v. 108, n. 3, p. 250-255.
- Marques, E.R., Borém, F.M., Pereira, R.G.F.A., Biaggioni, M.A.M. (2008). Eficácia do teste de acidez graxa na avaliação da qualidade do café Arábica (*Coffea arabica*L.) submetido a diferente períodos e temperaturas de secagem. *Ciência e Agrotecnologia*. vol.32, n.5, p. 1557-1562.
- Melo, B. e Souza, L.B. de. (2011). Biologia da reprodução de *Coffea arabica*. L. e *Coffea canephora*. *Revista Verde*, Limoeiro, v. 6, n. 2, p. 1-7.

- Menezes Júnior, J.A.N.D., Ramalho, M.A.P., Abreu, A.D.F.B. (2008). Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. *Bragantia*, 67(4), p. 833-838.
- Mistro, J.C., Fazuoli, L.C., Gonçalves, P.D.S., Guerreiro Filho, O. (2004). Estimates of genetic parameters and expected genetic gains with selection in robust coffee. *Crop breeding and applied biotechnology*, v.4, p. 86-91.
- Mistro, J.C. (2013). Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta (*Coffea canephora* Pierre ex. A. Froehner). 152f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba- SP.
- Mohammadi, S. A., Prasanna, B. M. (2003) Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants — Salient Statistical Tools. *Crop Science*, 43:1235–1248.
- Montagnon, C., Leroy, T and Yapo A (1992). Genotypic and phenotypic diversity of some coffee groups (*Coffea canephora* Pierre) in the collections – consequences on their use in breeding. *Café Cacao and Thé*, Paris, v. 36, n.3, p. 187-198.
- Montagnon, C., Cilas, C., Leroy, T., Yapo, A., Charmetant, P. (2000). Genotype-location interactions for *Coffea canephora* yield in the Ivory Coast. *Agronomie*, 20(1), 101-109.
- Motta, L.B., Soares, T.C.B., Ferrão, M.A.G., Caixeta, E.T., Lorenzoni, R.M., Souza Neto, J.D.D. (2014). Molecular characterization of arabica and Conilon coffee plants genotypes by SSR and ISSR markers. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 57(5), 728-735.
- Neves, L.G., Bruckner, C.H., Cruz, C.D., Viana, A.P., Barelli, M.A.A. (2011). Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracujazeiro-amarelo. *Revista Brasileira Fruticultura*. Jaboticabal - SP, v. 33, n. 4, p. 1322-1330.

Nunes, G.H., Costa Filho, J.A., SILVA, D.J.H., CARNEIRO, P.C.S., Dantas, D.J. (2011). Divergência genética entre linhagens de melão Pele de Sapo. *Revista Ciência Agronômica* 42: 765-773.

OIC - Organização Internacional do Café (2014). Disponível em: <http://dev.ico.org/documents/cy2013-14/icc-111-5-r1p-world-coffeeoutlook.pdf>. Acessado em 18 Julho de 2014.

Oliveira, E.J., Santos, V.S., Lima, D.S., Machado, M.D., Lucena, R.S., Motta, T. B.N., Castellen, M. S. (2008). Seleção em progênies de maracujazeiro amarelo com base em índices multivariados. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 43, n. 11, p. 1543-1549.

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

Oliveira, E.J., Fraife Filho, G. de A., Freitas, J.P.X. de, Dantas, J.L.L., Resende, M.D.V. de (2012) Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12:191–198.

Paterniani, E, Miranda Filho, J.B. (1987). Melhoramento de populações. In: Paterniani, E, Viegas, G.P. (Ed.). Melhoramento de milho no Brasil. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill. cap. 6, p. 217-265.

Patterson, H.D.; Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. *Biometrika*, London, v. 58, n. 2, p. 545-554.

Pedrozo, C.A., Benites, F.R.G., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V., Silva, F.L. (2009). Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*, v.10, n.1, p.031-036.

- Pereira, T.B., Mendes, A.N.G., Botelho, C.E., de Rezende, J.C., Vilela, D.J.M., Resende, M.D.V. (2014). Seleção de progênies F4 de cafeeiro obtidas de cultivares do grupo ICATU. *Coffee Science*, 8(3), 337-346.
- Pimenta, C.J (2003). Qualidade de café. 3. ed. Lavras: Editora UFLA.
- Pimentel Gomes, F. (1985). Curso de Estatística Experimental. São Paulo: Nobel, 467 p.
- Quintal, S.S. (2013). Melhoramento da goiabeira *P. guajava* via metodologia de modelos mistos. 181f. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro Campos dos Goytacazes, RJ.
- Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B.; Santos, J.B. (2005). Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. *Euphytica*, Wageningen, v. 144, n. 1/2, p. 23-29.
- Ramalho, A.R.; Rocha, R.B.; Souza, F.F.; Teixeira, A.L; Veneziano, W. (2011). Progresso genético com a seleção de clones de conilon no estado de Rondônia. In: simpósio de pesquisa dos cafés do Brasil, Araxá. Anais... Araxá: Embrapa Café. 1 CD ROM.
- Rao, R.C. (1952). Advanced statistical methods in biometric research. New York: John Wiley and Sons, 390p.
- Rangel, R.M., Amaral, A.T. Jr., Scapim, C.A., Freitas Júnior, S.P. (2008). Genetic parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. *Genetics and Molecular Research* 7:1020-1030.
- Rangel, R.M., Amaral, A.T. Jr., Gonçalves, L.S.A., Freitas Júnior, S.P. (2011). Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Revista Ciência Agronômica* 42:473-481.

- Resende, M.D.V. (2002). Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975 p.
- Resende, M.D.V., Duarte, J.B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 37, p. 182-194.
- Resende, M.D.V., Assis, T. F. (2008). Seleção recorrente recíproca entre populações sintéticas multi-espécies (SRR-PSME) de eucalipto. *Pesquisa Florestal Brasileira*, (57), 57p.
- Resende, M.A.V., de Freitas, J.A., Lanza, M.A., de Resende, M.D.V., Azevedo, C. F. (2014). Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 44(3).
- Ribeiro, R.M., Amaral, A.T. Jr., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S. (2012). Genetic progress in the UNB-2U population of popcorn under recurrent selection in Rio de Janeiro. *Genetics and Molecular Research* 11:1417-1423.
- Rodrigues, W.N.; Tomaz, M.A.; Ferrão, R.G.; Ferrão, M.A.G.; Fonseca, A.F.A.; Miranda, F. D. (2012). Estimativa de parâmetros genéticos de grupos de clones de café. *Coffee Science*. v. 7, p.177-186.
- Rocha, M.G.B., Pires, I.E., Xavier, A., Cruz, C.D., Rocha, R.B. (2006) Avaliação genética de progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP E E(QM). *Ciência Florestal*, Santa Maria, 16 (4): 369–379.
- Rocha, R.B., Santos, D.V., Ramalho, A.R., Teixeira, A. L. (2014). Caracterização e uso da variabilidade genética de banco ativo de germoplasma de *Coffea canephora* Pierre ex Froehner. *Coffee Science*, 8(4), p. 478-485.

- Santos, E.A. (2013). Melhoramento do maracujazeiro-azedo (*Passiflora edulis* Sims) visando à resistência ao Cowpea aphid-borne mosaic vírus. 178f. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro Campos dos Goytacazes, RJ.
- Seag – Secretaria da Agricultura, Abastecimento, Aquicultura e Pesca. Cafeicultura no Estado apresenta textos e dados sobre café (2014). Disponível em: <http://www.seag.es.gov.br/?p=11947>. Acessado em 6 julho de 2014.
- Silva, F.B., Ramalho, M.A.P., Abreu, A.D.F. (2007). Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro 'Carioca'. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 42(10), 1437-1442.
- Silva, M.G.M., Viana, A.P., Gonçalves, G.M., do Amaral Júnior, A.T., Pereira, M. G. (2009). Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: alternativa de capitalização de ganhos genéticos. *Ciência agrotecnica*. 33(1).
- Silva, G.C., Oliveira, F.J., Anunciação Filho, C.J., Neto Des., Melo, L. (2011). Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias* 6: 52-58.
- Silva, M.G.M., Viana, A.P. (2012). Alternativas de seleção em população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. *Revista Brasileira Fruticultura*, Jaboticabal, SP, v. 34, n. 2, p. 525-531.
- Silva, T.R.C., Amaral, A.T. Jr., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S. (2013). Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. *Acta Scientiarum Agronomy* 35:57-63.
- Smith, R.F. A history of coffee (1985). In: Clifford, M. N.; Wilson, K. C. (Ed.). Coffee: botany, biochemistry, and productions of beans and beverage. New York: Croom Helms. chap. 1, p. 1-12.

- Teixeira, M.M. (2011) Influência dos diferentes processos de pós-colheita na agregação de valor do café conilon. 77f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre-ES.
- Teixeira, A.L, Prado, P.E.R, Dias, K.O.G, Malta, M.R, Gonçalves, F.M.A (2012) Avaliação do teor de cafeína em folhas e grãos de acessos de café arábica. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v. 43, n. 1, p. 129-137.
- Thomazini, A., Tomaz, M.A., Martins, L.D., Rodrigues, W.N (2011). Abordagem sobre qualidade da bebida no café conilon. *Enciclopédia Biosfera*, v. 7, n. 12, p. 1-16.
- Toci, A., Farah, A., Trugo, L.C. (2006). Efeito do processo de descafeinação com diclorometano sobre a composição química dos cafés arábica e robusta antes e após a torração. *Química Nova*, v. 29, n. 5, p. 965-971.
- Vasconcelos, E.S., Cruz, C.D., Bhering, L. L., Resende Júnior., M. F. R. (2007). Método alternativo para análise de agrupamento. *Pesquisa agropecuária brasileira*, v.42, n.10, p.1421-1428.
- Van der Vossen, H.A.M. (1985). "Coffee selection and breeding," in *Coffee: Botany, Biochemistry and Production of Beans and Beverage*, M. N. Clifford and K. C. Wilson, Eds., pp. 48–96, Croom Helm, London, UK.
- Vencovsky, R. (1987). Herança quantitativa. In: Paterniani, E.; Viegas, G. P. (Ed.). *Melhoramento e produção do milho*. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill. cap. 5, p.137-214.
- Viana, A.P., Ferreira, R.T., Freitas, J.C.D.O., Santos, J.O., Rodrigues, D.L. (2014). Measurement of genetic diversity in progenies of sour passion fruit by ward-mlm methodology: a strategy for heterotic group formation. *Ciência e Agrotecnologia*, 38(3), p. 240-246.

Vicentini, V, B. (2013). Análises biométricas em famílias de meios-irmãos de café conilon oriundas de seleção recorrente. 121f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa-MG.

Wiersma, J.J., Busch, R.H., Fulcher, G.G., Hareland, G.A. (2001). Recurrent selection for kernel weight in spring wheat. *Crop Science*, Madison, v. 41, n. 4, p. 999-1005.