

AYMBIRÉ FRANCISCO ALMEIDA DA FONSECA

ANÁLISES BIOMÉTRICAS EM CAFÉ CONILLON (*Coffea canephora* Pierre)

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Curso de Fitotecnia, para obtenção do título de “Doctor Scientiae”.

**VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
AGOSTO – 1999**

AYMBIRÉ FRANCISCO ALMEIDA DA FONSECA

ANÁLISES BIOMÉTRICAS EM CAFÉ CONILLON (*Coffea canephora* Pierre)

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Curso de Fitotecnia, para obtenção do título de “Doctor Scientiae”.

APROVADA: 20 de maio de 1999.

Prof. Cosme Damião Cruz
(Conselheiro)

Prof. Ney Sussumu Sakiyama
(Conselheiro)

Pesq. Luiz Antônio dos Santos Dias

Pesq. Antônio Alves Pereira

Prof. Tocio Sedyama
(Orientador)

Aos meus pais Francisco (*in memoriam*) e
Therezinha Juliana, meus exemplos maiores.
Ofereço.

À minha mulher Maria Amélia,
pela compreensão e pelo irrestrito apoio em todas as horas,
e aos meus filhos Aymbiré, Bruno e Gustavo,
pela alegria que me proporcionam.
Dedico.

AGRADECIMENTO

A Deus, Senhor de todas as coisas, que com sua presença constante nos concedeu a perseverança necessária para cumprir, com dignidade, mais esta etapa.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), à Empresa Capixaba de Pesquisa Agropecuária (EMCAPA) e à Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela oportunidade de realização deste curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudo.

Ao Professor Tocio Sedyama, pela valorosa orientação, pelo estímulo e apoio constantes e pela grande amizade.

Aos meus conselheiros, Professores Cosme Damião Cruz e Ney Sussumu Sakiyama, pelas críticas, pelas valiosas sugestões e pelos ensinamentos.

Ao Dr. Luiz Antônio dos Santos Dias e ao Dr. Antônio Alves Pereira, pelas sugestões e pelo grande apoio.

Aos demais professores da Universidade Federal de Viçosa com os quais tivemos a grata satisfação de conviver durante o período em que aqui permanecemos, pelos relevantes ensinamentos.

A Scheilla Marina Bragança, Romario Gava Ferrão, José Sebastião Machado Silveira e Maria Amélia Gava Ferrão, pesquisadores da EMCAPA, que comigo dividem a responsabilidade do programa de melhoramento

genético com a cultura do café robusta conduzido naquela empresa, no qual se inclui este que aqui desenvolvemos.

Aos demais colegas de trabalho da EMCAPA e aos técnicos agrícolas Abraão Carlos Verdim Filho, Antônio Carlos Pacheco, Paulo Sérgio Volpi, Alonso José B. Bravim, Clair Barbosa e o saudoso Marcelo Ribeiro Macedo, pela valiosa contribuição na condução dos trabalhos de campo.

Aos demais funcionários da EMCAPA e da Universidade Federal de Viçosa, pelas contribuições nas diferentes etapas deste trabalho.

Aos amigos José Francisco Teixeira do Amaral e Luiz Carlos Prezotti, companheiros de muitas horas de luta, pelo encorajamento.

A todos os demais amigos e colegas de curso, com os quais a convivência muito nos enriqueceu.

A todos os demais que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

AYMBIRÉ FRANCISCO ALMEIDA DA FONSECA, filho de Francisco Teixeira Rezende da Fonseca e Therezinha Juliana Almeida de Fonseca, nasceu no dia 3 de maio de 1958 em São José do Calçado, Estado do Espírito Santo.

Em dezembro de 1980, diplomou-se em Engenharia Agrônômica pela Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), em Alegre, ES.

Em novembro de 1983, concluiu o curso de Mestrado em Agronomia com área de concentração em Fitotecnia, na Universidade Federal do Ceará.

Em dezembro de 1983, iniciou suas atividades profissionais como pesquisador na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), no Estado de Rondônia, sendo efetivado em março de 1985, por meio de concurso público. A partir de maio de 1987, foi lotado na Empresa Capixaba de Pesquisa Agropecuária (EMCAPA), hoje Empresa Capixaba de Pesquisa e Assistência Técnica e Extensão Rural (EMCAPER), onde participa da equipe técnica responsável pelo programa de pesquisa com a cultura do café.

Em março de 1996, iniciou o curso de Doutorado em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa -MG, submetendo-se à defesa de tese em 20 de maio de 1999.

CONTEÚDO

EXTRATO	ix
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Importância econômica	4
2.2. Aspectos botânicos, origem e histórico	6
2.3. Melhoramento genético da espécie	9
2.4. Análise de repetibilidade	13
2.5. Análise discriminante	15
2.6. Divergência genética	16
2.6.1. Análise de agrupamento	19
2.6.2. Dispersão gráfica	20
3. MATERIAL E MÉTODOS	23
3.1. Materiais genéticos, condução do experimento e avaliações	23
3.2. Análises estatísticas	28
3.2.1. Análise de variância univariada e estimação de parâmetros .	29
3.2.2. Estimação das correlações fenotípicas, genotípicas e de	

ambiente	31
3.2.3. Análise de repetibilidade do caráter produção de grãos	33
3.2.3.1. Coeficiente de repetibilidade baseado no método da análise de variância	33
3.2.3.2. Coeficiente de repetibilidade baseado no método dos componentes principais	34
3.2.4. Análise multivariada para o estabelecimento das funções discriminantes	36
3.2.5. Análises de divergência genética multivariada	38
3.2.5.1. Análise de agrupamento	38
3.2.5.1.1. Medidas de dissimilaridade genética	39
3.2.5.1.1.1. Distância generalizada de Mahalanobis (D^2_{ij})	39
3.2.5.1.1.2. Distância euclidiana média (d_{ij})	40
3.2.5.1.2. Método de otimização de Tocher	41
3.2.5.2. Variáveis canônicas	41
3.2.5.3. Importância relativa dos caracteres na divergência genética	44
4. RESULTADOS DE DISCUSSÃO	45
4.1. Análise descritiva e estimativas de parâmetros	45
4.2. Estimativas de correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente	53
4.3. Análise de repetibilidade do caráter produção de grãos	58
4.4. Análise discriminante	61
4.5. Análises multivariadas para o estudo de divergência genética	67
4.5.1. Divergência genética entre os 32 genótipos componentes das variedades clonais EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131	69
4.5.1.1. Dissimilaridade genética entre 32 genótipos, estimada pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2_{ij}) e pela distância euclidiana média (d_{ij})	69

4.5.1.2. Agrupamento pelo método de Tocher dos 32 genótipos das três variedades clonais	76
4.5.1.3. Variáveis canônicas estimadas a partir de sete variáveis, para os 32 genótipos componentes das três variedades clonais	81
4.5.2. Divergência genética entre os três genótipos componentes de cada uma das variedades clonais EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131	87
4.5.2.1. Dissimilaridade genética entre os clones componentes de cada uma das três variedades clonais, estimada pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2_{ii}), com base em sete características	88
4.5.2.2. Agrupamento pelo método de Tocher dos genótipos componentes de cada uma das três variedades clonais	92
4.5.2.3. Variáveis canônicas estimadas para os genótipos componentes de cada uma das três variedades clonais	93
4.5.3. Importância relativa dos caracteres em estudos de divergência genética	102
5. RESUMO E CONCLUSÕES	104
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	108
APÊNDICE	117

EXTRATO

FONSECA, Aymbiré Francisco Almeida da, D.S., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 1999. **Análises biométricas em café conillon (*Coffea canephora* Pierre)**. Orientador: Tocio Sedyama. Conselheiros: Cosme Damião Cruz e Ney Sussumu Sakiyama.

Este trabalho teve como propósito a obtenção de um conjunto de informações genéticas, capazes de oferecer subsídios importantes para o adequado planejamento e execução de programas de melhoramento genético do café Conillon (*Coffea canephora* Pierre). Para isso, as seguintes análises biométricas foram realizadas: estimação de parâmetros genéticos e ambientais; correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente; repetibilidade do caráter produção de grãos; análise discriminante para classificação de genótipos; e análise da divergência genética, na qual foram utilizados diversos métodos multivariados. Utilizaram-se dados relativos a um conjunto de características, algumas das quais avaliadas em apenas uma repetição, obtidas a partir de um experimento conduzido em blocos ao acaso, com 80 tratamentos e quatro repetições, a partir do qual foi possível a obtenção das variedades EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131, as primeiras variedades clonais da espécie, obtidas e recomendadas no Brasil. As elevadas estimativas dos coeficientes de determinação genotípicos (H^2) para todos os caracteres considerados nesta etapa, bem como a tendência dos valores obtidos nas

estimativas das correlações genótípicas em superar, em magnitude, aqueles verificados nas correlações fenotípicas, indicam a predominância dos componentes de variação genéticos em relação aos ambientais. A seleção de indivíduos para o caráter produção de grãos, com base em quatro colheitas, ofereceu uma acurácia, estimada pelo coeficiente de determinação (R^2), variando entre 65,32 e 81,59%, dependendo do método de estimação utilizado. A classificação original dos genótipos apresenta grande concordância com aquela obtida através da análise discriminante, com taxa de erro aparente de apenas 6,25%. Os genótipos ES 22, ES 25 e ES 92, pertencentes, respectivamente, às variedades EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131, mostraram-se como os mais divergentes do grupo, sendo os dois primeiros os mais indicados para programas de cruzamentos visando a obtenção de híbridos heteróticos, considerando-se conjuntamente a divergência genética e o desempenho individual destes. Verificou-se a existência de expressiva dissimilaridade genética entre os genótipos componentes de cada variedade clonal estudada, indicando a adequada composição destas, com clones distribuídos em vários grupos dissimilares. Foram discutidas as implicações destas e outras informações no estabelecimento de programas eficazes de melhoramento genético para a espécie.

ABSTRACT

FONSECA, Aymbiré Francisco Almeida da, D.S., Universidade Federal de Viçosa, August 1999. **Biometric analysis in conillon coffee (*Coffea canephora* Pierre)**. Adviser : Tocio Sedyama. Committee members: Cosme Damião Cruz and Ney Sussumu Sakiyama.

The purpose of this paper is to obtain a set of genetic information, capable of offering important support to adequate planning and carrying out of conillon coffee (*Coffea canephora* Pierre) breeding programs. Thus, the following biometric analyses were accomplished: genetic and environmental parameter estimations; phenotypic, genotypical and environmental correlations; repeatability of the character grain production; discriminating analysis for genotype classification; and analysis of genetic divergence, in which different multivariate methods were used. Information was used related to a set of traits, some of which submitted to only one repetition, obtained from an experiment arranged in randomized block design, with 80 treatments and 4 repetitions, which made possible to obtain the varieties EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 and EMCAPA 8131. These were the first clonal varieties of the species, obtained and recommended in Brazil. The high estimates of the genotypical discriminating coefficient (H^2) to all characters considered in this stage, as well as, the tendency of the values obtained in the genotypical correlation estimates, to overcome in magnitude, those verified in the

phenotypical correlation, point out the predominance of the components of genetic variation in relation to those of environmental variation. The selections of individual for the character grain production, based on 4 crops, presented an accuracy, estimated by the determination coefficient (R^2), varying from 65.32 to 81.59%, depending on the estimation method used. The original classification of genotypes presents great agreement with that obtained through the discriminating analysis, with an apparent error ratio of only 6.25%. The genotypes ES 22, ES 35 and ES 92, belonging, respectively, to the varieties EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 and EMCAPA 8131, showed to be the most divergent in the group, the first two being the most adequate for breeding programs to obtain heterotic hybrids, also considering, the genetic divergence and their individual performance. Expressive genetic dissimilarity among the genotypic components of each clonal variety studied was observed, indicating their adequate composition, with clones distributed in various dissimilar groups. The implications of this and other information are discussed related to the establishment of efficient breeding programs for the species.

1. INTRODUÇÃO

A atividade cafeeira no Estado do Espírito Santo constitui-se na mais importante atividade do setor agropecuário, tanto do ponto de vista econômico como do social. Estima-se que cerca de 550 mil dos 2,6 milhões de habitantes dependam direta ou indiretamente desta atividade, que chega, em determinados anos, a ser responsável por cerca de 85% da arrecadação do setor primário estadual.

A espécie *Coffea canephora* Pierre, explorada mais expressivamente no Espírito Santo a partir de meados dos anos 60, situa-se atualmente como a principal espécie do gênero, conferindo a este estado a condição de maior produtor do País, com produção média anual da ordem de 3,2 milhões de sacas beneficiadas.

Esta espécie caracteriza-se por suas notáveis propriedades na produção dos chamados cafés solúveis, sendo, contudo, muito freqüente sua utilização em 'blends' com *Coffea arabica* na industrialização de cafés torrados e moídos, proporcionando ao produto final uma expressiva capacidade de competição no mercado, tendo em vista o maior rendimento industrial e os menores preços médios praticados na sua comercialização.

No Brasil, os cultivos tradicionais se estabeleceram a partir da utilização de materiais genéticos provenientes do continente africano, selecionados e

multiplicados ao longo dos anos pelos próprios agricultores pioneiros, sem qualquer respaldo da pesquisa científica, pelo fato de a espécie não ter sido contemplada nos programas governamentais de apoio ao restabelecimento da lavoura cafeeira no País, implantados a partir do final da década de 60, por ser indevidamente considerado, por alguns incautos, como um produto de qualidade inferior.

No Espírito Santo, cultiva-se a variedade conhecida por 'Conillon', corruptela da expressão original francesa 'Kouillow'. Trata-se de um material diplóide, de fecundação cruzada e normalmente propagado via sexuada. O tipo de reprodução leva à formação de lavouras muito heterogêneas, com plantas expressando características muito distintas quanto a arquitetura, época e uniformidade de maturação de frutos, tamanho e peso de grãos, susceptibilidade a pragas e doenças e, especialmente, quanto ao potencial produtivo.

Dessa forma, os primeiros trabalhos de melhoramento genético com a espécie realizados pela EMCAPA (Empresa Capixaba de Pesquisa Agropecuária) contemplaram a seleção de plantas individuais, bem como o agrupamento destas de acordo com certas características morfoagronômicas de interesse e sua posterior multiplicação assexuada, culminando com o lançamento e a recomendação das três primeiras variedades clonais de café Conillon adaptadas às condições edafoclimáticas do Estado do Espírito Santo.

Há, entretanto, grande preocupação no que diz respeito ao demasiado estreitamento da base genética da espécie que pode decorrer da utilização massiva de variedades clonais, tendo em vista que a rusticidade atribuída a esta encontra-se estreitamente relacionada à variabilidade existente nas populações oriundas de polinização aberta.

Este trabalho teve como propósito a obtenção de um conjunto de informações genéticas, capazes de oferecer subsídios importantes para o adequado planejamento e execução de programas eficazes de melhoramento genético do café Conillon (*Coffea canephora*).

Para isso, utilizou-se, num primeiro momento, a estimação de parâmetros genéticos e as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais

entre caracteres, buscando conhecer, com maior profundidade, a estrutura genética da população estudada.

Posteriormente, procedeu-se à análise de repetibilidade do caráter produção de grãos, visando nortear a definição do número mínimo de colheitas a serem utilizadas para obtenção de determinados níveis de confiabilidade em trabalhos de seleção com a espécie.

Realizou-se ainda a classificação dos genótipos a partir do estabelecimento das funções discriminantes, objetivando verificar a apropriação do agrupamento clonal previamente realizado com base em critérios biológicos.

Finalmente, avaliou-se a divergência genética, com base em procedimentos multivariados, entre clones-elites, componentes das três variedades mencionadas, buscando a identificação dos mais divergentes, com vistas à formação de híbridos e variedades sintéticas capazes de expressar os melhores desempenhos, além de proporcionar a possibilidade de recuperação de genótipos superiores nas gerações segregantes, bem como de verificar a adequação da composição destas variedades, tendo por base a amplitude da divergência genética existente entre os clones que as compõem.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Importância econômica

A história econômica do Brasil possui uma estreita interface com o desenvolvimento da cafeicultura, tamanha a importância desta atividade, que chegou a representar cerca de 75% da receita cambial do País. Entretanto, a partir dos anos 50, esta participação percentual vem sendo reduzida substancialmente, continuando a merecer, contudo, atenção especial, por se constituir na atividade agrícola que, de acordo com TRISTÃO (1995), mais gera empregos no Brasil, sendo um relevante fator de distribuição de renda. Segundo este autor, o agronegócio café, em toda a cadeia de atividade: produção, transporte, armazenamento, comunicação, rede bancária, serviços financeiros, corretagem, bolsas, portos, embalagens, publicidade, processamento, industrialização e comercialização, emprega cerca de três milhões de pessoas no País, aproximadamente 6% da população economicamente ativa.

As estatísticas disponíveis mostram que o Brasil ocupa, ainda, a primeira posição entre os países produtores e exportadores de café no mundo. No entanto, a participação do café brasileiro no total das exportações mundiais, incluindo os cafés solúveis, tem alcançado, nos últimos anos, cerca de apenas 22 a 25%, ao passo que, no final da década de 50, detinha mais da metade deste mercado.

O consumo mundial de café, segundo a opinião de vários especialistas, tem apresentado tendências de pequenos aumentos, sobretudo pela conquista de novos e importantes mercados. Contudo, em alguns desses países com grande potencial de consumo, como a China, o produto brasileiro é taxado com impostos de até 67% (MADEIRA, 1995), o que inviabiliza a concorrência, especialmente quando se observa o expressivo aumento da produção em países mais próximos, como o Vietnã, com uma área plantada de 230 mil ha, dos quais 220 mil com a espécie *C. canephora*, com produção total de 4,6 milhões de sacas e perspectiva de alcançar, no ano de 2005, 7 milhões de sacas (BOUVERY, 1998).

A produção mundial média de café nos últimos anos tem se situado em torno de 100 milhões de sacas anuais, 28% das quais da espécie *C. canephora*, que se constitui na segunda espécie do gênero *Coffea* mais cultivada no mundo (LEROY et al., 1993; OROZSCO-CASTILLO et al., 1994), sendo seus maiores produtores Indonésia, Brasil, Vietnã, Costa do Marfim e Uganda, com produção anual média da ordem de 6,6; 4,3; 3,8; 3,5; e 3,4 milhões de sacas, respectivamente, no período de 1993/94 a 1997/98. (MATIELLO, 1998).

O Estado do Espírito Santo é o principal produtor brasileiro da espécie *C. canephora*, detendo aproximadamente 70% da produção nacional, cerca de 3,2 milhões de sacas na safra 1997/98, seguido dos estados de Rondônia, Bahia, Minas Gerais, Mato Grosso e Rio de Janeiro.

No Espírito Santo, seu cultivo concentra-se nas regiões norte e nordeste do estado (77%), em pequenas propriedades, com área de até 10 ha em café. Apenas 1,4% das propriedades do estado possuem área com mais de 50 ha cultivados com café Conillon (MATIELLO, 1998).

2.2. Aspectos botânicos, origem e histórico

O gênero *Coffea*, família Rubiaceae, reúne mais de 70 espécies, originárias de diversas regiões tropicais e subtropicais da África, de Madagascar e de ilhas vizinhas (RENA et al., 1994).

Segundo SONDAHL e LAURITIS (1992), Chevalier (1947) dividiu o gênero *Coffea* em quatro seções: *Eucoffea*, *Mascarocoffea*, *Paracoffea* e *Argocoffea*. A seção *Eucoffea* compreende cinco subseções, entre as quais a *Erithrocoffea*, na qual se enquadram as espécies *C. arabica* e *C. canephora*, que possuem expressão comercial.

Há controvérsias em relação à taxonomia das espécies de *Coffea*, e muitas espécies oriundas de regiões asiáticas e descritas como pertencentes a este gênero não são mais consideradas como espécies verdadeiras de *Coffea*.

Leroy (1980), citado por CARVALHO et al. (1991), propôs excluir do gênero *Coffea* as seções *Paracoffea* e *Argocoffea*, que passariam a constituir novos gêneros. Propôs ainda, com base em uma série de critérios, a subdivisão do gênero *Coffea* em três subgêneros: *Coffea*, *Psilanthopsis* e *Baracoffea*.

As observações de muitos coletores de germoplasma incluem descrições precisas dos habitats naturais, que são bastante distintos entre as diferentes espécies, notadamente no que diz respeito a altitude, regime pluviométrico e tipos de solos (CHARRIER e BERTHAUD, 1985).

O cultivo comercial de café iniciou-se no Yemen com a espécie *Coffea arabica*. Teve um rápido desenvolvimento, especialmente após sua introdução na América, por volta de 1720. Entre 1870 e 1900 foi constatada grande incidência de ferrugem, causada por *Hemileia vastatrix*, nas regiões sul e leste da Ásia, constituindo-se, provavelmente, no principal motivo de estímulo para a utilização da espécie *Coffea canephora*, já que esta apresentava resistência à doença (CHARRIER e BERTHAUD, 1988; VOSSSEN, 1985).

A espécie *Coffea canephora* possui ampla distribuição geográfica (CARVALHO e MONACO, 1969). É originária de florestas tropicais úmidas, de baixas altitudes, que se estendem desde a costa oeste até a região central do continente africano, especialmente República da Guiné, Uganda e Angola (CHARRIER e BERTHAUD, 1985).

Os primeiros cultivos e trabalhos de melhoramento com *C. canephora* foram realizados em Java, por volta de 1900, buscando estabelecer as bases biológicas fundamentais ao melhoramento da espécie. Seu cultivo expandiu-se posteriormente para outras regiões da África, América e Ásia (CHARRIER e BERTHAUD, 1988), notadamente a partir do surgimento do café solúvel, na década de 50, e de seu emprego nos 'blends' de cafés torrados e moídos (MALTA, 1986).

Trata-se de uma espécie rústica, tolerante a doenças e adaptada a uma ampla faixa de condições edafoclimáticas tropicais, de baixas altitudes e temperaturas elevadas. É uma espécie alógama, diplóide, com $2n = 22$ cromossomos, constituída de populações expressando grande variabilidade, com indivíduos altamente heterozigotos (CONAGIN e MENDES, 1961; BERTHAUD, 1980).

A espécie *C. canephora* e as demais espécies diplóides estudadas do gênero *Coffea*, ao contrário de *C. arabica*, são auto-incompatíveis. Trabalhos realizados por CONAGIN e MENDES (1961), BERTHAUD (1980) e, mais recentemente, por LASHERMES et al. (1996a) demonstram que a auto-incompatibilidade em *C. canephora* está associada a um único locus **S**, possuidor de uma série alélica que interage em um sistema gametofítico.

Em razão da sua forma natural de reprodução e conseqüente heterogeneidade das populações, é bastante difícil a caracterização de variedades dentro da espécie (CARVALHO et al., 1969). Têm-se agrupado os diferentes acessos do germoplasma desta espécie de acordo com certas características agronômicas e morfológicas. Assim, no grupo denominado "Robusta", enquadram-se genótipos que se caracterizam por apresentar hábito de crescimento ereto, caules de maior diâmetro e pouco ramificados, folhas e frutos de maior tamanho, maturação tardia, maior vigor da planta, maior produtividade e maior tolerância a doenças. Em um segundo grupo, o "Kouillow", enquadram-se genótipos que apresentam hábito de crescimento arbustivo, caules ramificados, folhas alongadas, florescimento precoce, resistência à seca e maior susceptibilidade a doenças (CHARRIER e BERTHAUD, 1988). Variedades de ambos os grupos, assim como os cafés por elas produzidos, são

genericamente designadas como “café robusta”, tendo em vista ser o primeiro deles o de maior expressão econômica no mundo (PAULINO et al., 1984).

No Brasil, a espécie *C. canephora* foi introduzida por volta de 1920, no Espírito Santo, segundo consta, pelas mãos de Jerônimo Monteiro, ex-governador do estado, com as primeiras sementes plantadas em Cachoeiro do Itapemirim, sendo posteriormente levada para a região norte do estado (BANDO DE DESENVOLVIMENTO DO ESPÍRITO SANTO - BANDES, 1987). Sua exploração comercial, contudo, passou a ter mais expressão a partir dos anos 60, com objetivo inicial de utilização em áreas consideradas marginais para *C. arabica*. Salvo algumas poucas lavouras existentes no Estado de Rondônia, cultivava-se a variedade ‘Conillon’ (FONSECA, 1995), introduzida a partir de seleções do grupo “Kouillow” (CHARRIER e BERTHAUD, 1988).

Seu cultivo vem se expandindo rapidamente, notadamente no Estado do Espírito Santo. Conforme DADALTO e BARBOSA (1997), da área total cultivada com café no Estado, estimada em 460.000 ha, cerca de 61% é ocupada por *C. canephora*, com forte tendência de aumento, a despeito dos menores preços alcançados pelo produto, que, segundo MATIELLO (1998), tendem a oscilar entre 10 e 15% abaixo do preço dos arábicas locais. Este fato decorre do mais baixo custo de produção do café Conillon, proporcionado por sua menor exigência de tratamentos fitossanitários e seu maior potencial produtivo.

A expansão de seu cultivo no Espírito Santo se deu através da multiplicação sexuada de plantas matrizes selecionadas pelos próprios agricultores, ao longo dos anos, a partir da variedade conhecida como ‘Conillon’, proveniente de regiões equatoriais quentes e úmidas do continente africano. Este fato proporcionou o estabelecimento de populações com ampla variabilidade genética, tendo em vista suas características naturais de reprodução (FONSECA, 1996).

Dessa forma, as lavouras de café Conillon apresentam grande heterogeneidade, com plantas muito distintas quanto a arquitetura da parte aérea, formato e tamanho dos grãos, época e uniformidade de maturação dos frutos, susceptibilidade a pragas e doenças, tolerância à seca, vigor vegetativo, capacidade produtiva, entre outros. Este fato dificulta sobremaneira o manejo da

lavoura, comprometendo a produtividade e a qualidade do café produzido (FONSECA, 1995).

2.3. Melhoramento genético da espécie

De modo geral, os programas de melhoramento genético de *C. arabica* têm se concentrado na transferência de genes para resistência a patógenos, especialmente *Hemileia vastatrix*, e aumento de produtividade (MONCADA et al., 1993), ao passo que os desenvolvidos com *C. canephora* têm voltado atenção especial para obtenção de variedades produtivas e que proporcionem um produto de melhor qualidade (CHARRIER e BERTHAUD, 1988).

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

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

Em virtude da forma de fertilização natural cruzada, que limita a fixação de características de um determinado material quando propagado via sexuada, as populações naturais existentes mostram-se altamente heterozigotas, com ampla variabilidade genética para praticamente todas as características de interesse (VOSSSEN, 1985; CARVALHO et al., 1991; FONSECA, 1996).

As estratégias tradicionalmente utilizadas nos programas de melhoramento para *C. canephora* são: seleção clonal e obtenção de híbridos e variedades sintéticas (BERTHAUD, 1986; CHARRIER e BERTHAUD, 1988). Mais recentemente, seleção recorrente interpopulacional e haplodiploidização têm também sido empregadas com sucesso em muitos trabalhos (LEROY et al., 1991; LEROY et al., 1993; LASHERMES et al., 1994a, b; LEROY et al., 1994; PAILLARD et al., 1996; LEROY et al., 1997).

Em vários países, variedades clonais e híbridos sintéticos têm se constituído no material básico para produção desta espécie de café (DUBLIN, 1967; FERWERDA, 1969; VOSSSEN, 1985; BOUHARMONT et al., 1986).

A multiplicação vegetativa de plantas-elite permite a manutenção das características selecionadas (CHARRIER e BERTHAUD, 1988). Variedades clonais originam-se da seleção e multiplicação assexuada de plantas individuais. A seleção clonal consiste na avaliação fenotípica de “indivíduos” considerados superiores em campos oriundos de polinização aberta, de sua multiplicação assexuada e posterior avaliação em ensaios comparativos, nos quais avalia-se também a compatibilidade genética entre os eleitos para a formação de uma variedade clonal (ANDRADE NETO et al., 1995).

Os principais critérios de seleção que têm sido considerados para *C. canephora* são: potencial de produção, estimado por um período não inferior a 4-5 colheitas; adaptação a diferentes ambientes (seca, tipos de solos, entre outros); resistência a ferrugem (*Hemileia vastatrix*) e mancha-manteigosa (*Colletotrichum* sp.); uniformidade de maturação de frutos; e tamanho e uniformidade de grãos (FONSECA, 1996).

Apesar da grande superioridade das variedades clonais em relação aos materiais propagados sexuadamente, no que diz respeito às características de produção, precocidade da primeira colheita e qualidade do produto final (BRAGANÇA et al., 1993), há grande preocupação com o estreitamento excessivo da base genética dos materiais cultivados, uma vez que as variedades clonais recomendadas atualmente para as condições edafoclimáticas do Estado do Espírito Santo são constituídas por misturas de apenas 9 a 14 clones (FONSECA, 1995). Torna-se, assim, de fundamental importância que os clones

componentes de cada variedade clonal, embora apresentem características fenotípicas semelhantes, como arquitetura, época e uniformidade de maturação de frutos, entre outras, sejam geneticamente distintos, visando conferir-lhes maior estabilidade.

Os métodos de melhoramento genéticos utilizados em *C. canephora* envolvendo reprodução assexuada e sexuada devem ser conduzidos paralelamente, pois, enquanto os primeiros promovem estreitamento da base genética dos materiais obtidos, os últimos permitem a recombinação genética, recuperando a variabilidade e proporcionando a manutenção na população de genes que podem vir a ser considerados importantes em condições futuras (CHARRIER e BERTHAUD, 1988).

Os níveis de produtividade alcançados por variedades clonais são, em geral, bem superiores àqueles obtidos por variedades híbridas e sintéticas (CAPOT, 1977; DUBLIM, 1967; CHARRIER e BERTHAUD, 1988). Contudo, CHARMETANT et al. (1990) afirmam ser possível alcançar variedades híbridas com produtividade equivalente à de materiais clonais selecionados.

A realização de hibridações intra-específicas em *C. canephora* é facilitada pela existência do sistema de auto-incompatibilidade, sendo relativamente simples a realização e o controle dos cruzamentos (BERTHAUD, 1978).

Em muitas espécies de plantas, esquemas de cruzamentos como 'top crosses' e dialelos têm sido empregados visando a obtenção da estimativa da capacidade combinatória dos progenitores, especialmente a capacidade geral de combinação, objetivando a obtenção de híbridos sintéticos. Entretanto, para seleção, entre um grande número de indivíduos, daqueles que participarão desses cruzamentos, podem ser utilizados métodos preditivos da heterose, baseados na análise de divergência genética entre estes.

A identificação de materiais superiores e divergentes é de fundamental importância, de modo a maximizar a heterose e proporcionar a obtenção de híbridos superiores. Neste aspecto, a precisa detecção e quantificação da variação genética é um pré-requisito para o sucesso na conservação e exploração dos recursos genéticos das plantas (CRUZ e REGAZZI, 1994).

Em função da grande variabilidade existente, é muito comum a identificação de plantas com características desejáveis, nas populações de polinização aberta. Mesmo entre as diferentes populações regionais, são identificadas particularidades que podem ser atribuídas à seleção feita pelos próprios cafeicultores, ao escolherem para a multiplicação matrizes que, de acordo com seus critérios, sejam as mais adequadas a cada região.

Embora não existam informações disponíveis a respeito da herança de boa parte das características mencionadas anteriormente para *C. canephora*, acredita-se que sua incorporação a outros materiais já melhorados, em muitos casos, seja possível, especialmente tratando-se de características qualitativas, que quase sempre são governadas por poucos genes.

Para o estabelecimento de programas eficazes de melhoramento genético com a espécie, são de grande importância a quantificação da variabilidade genética e a estimação de parâmetros, pois permitem conhecer a estrutura genética da população. No entanto, deve-se atentar para o fato de que as diferenças nas estimativas dos parâmetros genéticos encontrados para uma determinada espécie são função, principalmente, dos diferentes métodos utilizados na sua determinação, dos diferentes materiais genéticos analisados, das diferentes condições ambientais, da época e da idade de avaliação, entre outros (FALCONER, 1981; VENCOVSKY, 1987). Vale ressaltar que os trabalhos disponíveis até então com este objetivo, em *C. canephora*, foram conduzidos em países africanos e com grupos de materiais genéticos bastante distintos do Conillon brasileiro, tornando, por conseguinte, de grande importância a estimação desses parâmetros.

Também de fundamental relevância para os programas de melhoramento genético é a estimação de correlações entre caracteres, pois permite o conhecimento prévio da existência de associações desfavoráveis entre as características, permitindo, assim, a opção pelos métodos de seleção mais adequados (FALCONER, 1981). As correlações mostram-se, também, como ferramenta auxiliar em estudos que visam reduzir o número de características a serem utilizadas em análises, como, por exemplo, nos estudos de divergência genética, em que as características dispensáveis são aquelas redundantes, por

estarem correlacionadas com outras de mais fácil mensuração ou que demandem menor custo e, ou, tempo de avaliação (CRUZ e REGAZZI, 1994).

O desenvolvimento, o aprimoramento e o acesso a técnicas como marcadores genéticos, culturas de anteras, produção de di-haplóides, hibridação somática e transformação gênica, bem como a disponibilidade de recursos computacionais adequados a análises multivariadas, abrem novas perspectivas aos programas de melhoramento genético desta e de outras espécies, oferecendo uma série de informações e possibilidades de manipulação, extremamente úteis para o planejamento e a execução de programas desta natureza (NEWBURY e FORD-LLOYD, 1993; VEILLEUX, 1994; BORÉM, 1997).

2.4. Análise de repetibilidade

Quando várias medidas de um caráter puderem ser feitas em cada indivíduo, a variância fenotípica poderá ser parcelada em variância dentro de indivíduos e variância entre indivíduos. Esta subdivisão serve para mostrar quanto pode ser ganho pela repetição das medidas e esclarecer a natureza da variação causada pelo ambiente. O componente dentro de indivíduos reflete as variações entre desempenhos sucessivos do indivíduo, causadas somente por diferenças temporárias de ambiente, enquanto o componente entre indivíduos é parcialmente causado pelo ambiente e por diferenças genéticas. Neste caso, a parte de ambiente é causada por circunstâncias que afetam permanentemente os indivíduos. Assim, por esta análise, a variância por causas de circunstâncias temporárias de ambiente é separada do resto e pode ser medida (FALCONER, 1981; CRUZ e REGAZZI, 1994).

O estudo de repetibilidade reveste-se de grande importância em trabalhos de melhoramento genético. Uma vez selecionado um determinado genótipo, através de seu desempenho ou de estruturas integrantes deste, espera-se que este desempenho perdure durante todo o seu ciclo de vida. A veracidade desta expectativa poderá ser comprovada pelo coeficiente de repetibilidade da característica estudada, possível de ser estimado quando a medição de um

caráter é feita num mesmo indivíduo repetidas vezes, no tempo ou no espaço. À correlação existente entre as referidas medidas repetidas denomina-se repetibilidade (TURNER e YOUNG, 1969; LERNER, 1977; CRUZ e REGAZZI, 1994).

O valor fenotípico de uma dada característica, referente a um certo indivíduo num determinado tempo ou espaço, é função da média geral, do efeito genotípico sobre a característica do referido indivíduo, do efeito permanente do ambiente sobre a característica em questão e do efeito temporário, ou localizado, do ambiente sobre aquele indivíduo. A repetibilidade expressa a proporção da variância total, que é explicada pelas variações proporcionadas pelo genótipo e pelas alterações permanentes atribuídas ao ambiente comum. Assim, a repetibilidade representa o máximo valor que a herdabilidade no sentido amplo pode atingir. Quando a variância proporcionada pelos efeitos permanentes do ambiente é minimizada, a repetibilidade aproxima-se da herdabilidade (CRUZ e REGAZZI, 1994). A repetibilidade varia com a natureza do caráter, com as propriedades genéticas da população e com as condições de ambientes sob as quais os indivíduos são mantidos (FALCONER, 1981; HANSCHKE, 1983).

Conhecendo-se o coeficiente de repetibilidade, é possível quantificar a precisão das medidas avaliadas, prever o valor real do indivíduo com base na média de várias avaliações e determinar o número de medidas fenotípicas que devem ser tomadas para se obter o nível de acurácia adequado, considerando redução de tempo, mão-de-obra e custo (CRUZ e REGAZZI, 1994).

Para a estimação do coeficiente de repetibilidade, dispõe-se de diferentes métodos, entre os quais podem-se citar o da análise de variância e o dos componentes principais.

Quando se avaliam vários genótipos em determinado número de medições repetidas, pode-se estimar o coeficiente de repetibilidade pela correlação intraclasse obtida da análise de variância segundo modelos estatísticos adequados. Este método pode ser utilizado, segundo CRUZ e REGAZZI (1994), quando são adotados modelos com um ou dois fatores de variação. O primeiro caso é utilizado quando o número de medidas repetidas difere para cada genótipo e, ou, quando as medições não foram feitas em

igualdade de condições para todos os genótipos estudados. Neste caso, os efeitos de ambiente temporário ficam confundidos com a variação dentro de genótipos, contribuindo para uma subestimação do coeficiente de repetibilidade. Já no modelo com dois fatores de variação, é possível a remoção dos efeitos do ambiente temporário, oferecendo uma estimativa mais precisa do coeficiente de repetibilidade. Ainda segundo os mesmos autores, o coeficiente de repetibilidade pode ser mais eficientemente estimado por meio da técnica dos componentes principais, tanto a partir da matriz de correlações quanto da matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas, proposta por ABEYWARDENA (1972), especialmente em situações nas quais os genótipos avaliados apresentam comportamento cíclico em relação ao caráter em estudo (CORNACCHIA et al., 1995), caso no qual se enquadra o cafeeiro. Como este comportamento pode variar de maneira e intensidade diferentes entre os genótipos, a análise de variância utilizada para a estimativa do coeficiente de repetibilidade usual pode não eliminar o adicional do erro experimental e, por conseqüência, oferecer estimativa subdimensionada deste coeficiente.

2.5. Análise discriminante

Em muitos casos, no campo biológico, o pesquisador está interessado não apenas no estudo isolado de uma dada característica, mas no comportamento simultâneo de muitas delas.

Assim, uma das finalidades da análise discriminante consiste na obtenção de funções que permitam classificar um determinado “indivíduo”, com base em medidas de várias características, em uma entre várias populações distintas, buscando minimizar a probabilidade de uma classificação errônea, isto é, de se classificar o referido “indivíduo” em uma população, quando este na realidade pertence a outra (REGAZZI, 1997).

Este tipo de situação foi inicialmente abordado por FISHER (1936), com uma combinação linear das características observadas, que apresenta melhor poder de discriminação entre os grupos, combinação esta denominada Função

Discriminante Linear de Fisher, que se constitui na base de todo o estudo na análise discriminante. Esta função tem a propriedade de minimizar a probabilidade de má classificação, quando as populações são normalmente distribuídas, com média e variância conhecidas. Contudo, tal situação pode não ocorrer na prática, necessitando-se portanto de estimativas e métodos de estimação dessas probabilidades ótimas (REGAZZI, 1997).

De acordo com ANDERSON (1958), quando se dispõe de várias populações e se deseja conhecer de qual delas um novo indivíduo deve fazer parte, um procedimento importante, além de se assumir alguma distribuição para obter as funções discriminantes, é o estabelecimento das probabilidades “a priori” para as várias populações, pois há casos nos quais a probabilidade de um determinado indivíduo pertencer a uma dada população pode ser muito distinta da dele pertencer a outra, de forma que a experiência do pesquisador torna-se de extrema importância. É ainda necessário que se considerem os custos da má classificação, pois, em determinados casos, em função da natureza do fenômeno, é preciso estudar profundamente as variáveis realmente necessárias para que o uso dessa técnica venha a obter o sucesso esperado.

2.6. Divergência genética

Em muitos países, como Índia, Camarões, Costa do Marfim e Madagascar, variedades híbridas têm se constituído na base do cultivo de *C. canephora*, com produtividade oscilando entre 1.000 e 3.000 kg/ha (CHARRIER e BERTHAUD, 1988; CHARMETANT et al., 1990).

A divergência genética, quantificada pela diferença nas frequências alélicas das populações, entre um grupo de progenitores tem sido, em muitos casos, avaliada com objetivo de identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, de tal forma que, em suas gerações segregantes, se tenha maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (FALCONER, 1981; CRUZ et al., 1994a, b; CRUZ e REGAZZI, 1994; DIAS e KAGEYAMA, 1997a), devendo-se, na seleção de progenitores para

cruzamentos, aliar o bom desempenho destes com a divergência genética entre eles (SANTOS et al., 1994).

Estas avaliações têm sido realizadas utilizando-se técnicas biométricas baseadas na quantificação da heterose, como nas análises dialélicas, e por meio de processos preditivos (CRUZ e REGAZZI, 1994); através de análises isoenzimáticas (MONTAGNOM et al., 1992); e, ainda, pelo emprego de marcadores moleculares baseados no DNA (MATSUYAMA et al., 1992; OROZCO-CASTILLO et al., 1994; LASHERMES et al., 1996b; LU e RANK, 1996; YANG et al., 1996; SCHNEIDER et al., 1997).

Todavia, para utilização das análises dialélicas, é necessária a avaliação de cada progenitor em todas as combinações possíveis, o que pode inviabilizar o estudo no caso de muitos progenitores. Os métodos preditivos, por outro lado, por dispensarem a obtenção prévia das combinações híbridas, têm merecido considerável ênfase. Estes métodos tomam por base as diferenças morfológicas, fisiológicas, entre outras, apresentadas pelos progenitores na avaliação da divergência, que é geralmente quantificada por uma medida de dissimilaridade (CRUZ e REGAZZI, 1994).

Por se tratar de uma análise que permite integrar as múltiplas informações de um conjunto de caracteres extraídas das unidades experimentais, a estatística multivariada tem sido amplamente utilizada para quantificar a divergência genética, oferecendo maior oportunidade de escolha de progenitores divergentes em programas de melhoramento (AMARAL JUNIOR, 1996).

Muitos fatores, contudo, podem influenciar a eficiência da predição do comportamento de híbridos fundamentados na diversidade de seus progenitores, entre os quais, conforme referendado por CRUZ et al. (1994a), podem-se citar: número e tipo de comportamento dos híbridos que se deseja obter, caráter cujo comportamento se deseja prever, caracteres utilizados na estimativa da divergência genética, grau médio de dominância presente nos caracteres em questão e influência ambiental. Pode-se concluir, assim, segundo os autores, que, em estudos de divergência genética, é mais adequada e eficiente a predição do comportamento médio dos híbridos e não da capacidade específica de combinação ou heterose neles manifestadas; e, ainda, que caracteres

quantitativos, cujo controle gênico indica dominância unidirecional, são mais fáceis de serem preditos.

Vários métodos multivariados podem ser aplicados na predição da divergência genética, podendo-se citar a análise por componentes principais, por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. A escolha do método mais adequado deve ser realizada em função da precisão desejada, da facilidade de análise e da forma com que os dados foram obtidos (MIRANDA et al., 1988; CRUZ, 1990; CRUZ et al., 1994c).

Os métodos aglomerativos diferem dos demais, em razão de dependerem fundamentalmente de medidas de dissimilaridade estimadas previamente. Já no método dos componentes principais, e também no de variáveis canônicas, o objetivo é avaliar a similaridade entre progenitores por intermédio de uma dispersão gráfica, em que se consideram, em geral, dois eixos cartesianos (CRUZ e REGAZZI, 1994; CRUZ et al., 1994c).

De acordo com MARDIA et al. (1979), diversas medidas de similaridade ou dissimilaridade têm sido propostas para a quantificação das distâncias entre duas populações, sendo, contudo, segundo CRUZ et al. (1994c), a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis as mais amplamente utilizadas.

Segundo MANLY (1986), a utilização da distância euclidiana, quando estimada a partir de variáveis originais, apresenta o inconveniente de ser influenciada pela escala, pelo número de variáveis e pela correlação entre elas. CRUZ (1990) indica a utilização da distância euclidiana média e padronização dos dados originais para a eliminação desses dois primeiros inconvenientes, persistindo a pressuposição de independência entre as variáveis.

Por considerar a correlação entre as variáveis estudadas, por meio da matriz de dispersão, a distância generalizada de Mahalanobis é recomendada para dados provenientes de delineamentos experimentais, especialmente quando existe correlação entre os caracteres (CRUZ e REGAZZI, 1994), oferecendo maior robustez nas decisões a serem tomadas (DIAS, 1998).

2.6.1. Análise de agrupamento

As análises de agrupamento têm por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os genótipos em vários grupos com base nas medidas das características mensuradas, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Esta análise envolve, basicamente, duas etapas, sendo a primeira referente à estimação de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os materiais a serem agrupados e a segunda, à adoção de uma técnica de agrupamento para formação dos grupos (CRUZ, 1990; BARROS, 1991).

Dentre os métodos de agrupamento mais comumente utilizados no melhoramento de plantas, citam-se os hierárquicos e os de otimização. Segundo CRUZ e REGAZZI (1994), o método de otimização proposto por Tocher, citado por RAO (1952), tem sido o mais freqüentemente empregado no melhoramento genético. Neste método, adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos.

O método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de genótipos mais similar, que constituirão o grupo inicial. Em seguida, é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos no grupo inicial.

A inclusão de um novo genótipo sempre aumenta o valor médio da distância dentro de um determinado grupo, podendo-se, assim, decidir sobre a inclusão deste novo genótipo em um outro grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido, que pode ser estabelecido arbitrariamente, ou adotar, como tem sido geralmente feito, o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada progenitor (CRUZ e REGAZZI, 1994).

Comparando a formação de grupos de genótipos de tomateiros obtidos pelo método hierárquico do vizinho mais próximo e o método de otimização de

Tocher, AMARAL JUNIOR (1996) verificou certas discordâncias, à semelhança do que foi também encontrado por MORAIS (1992), ao avaliar o potencial de cultivares de arroz irrigado, e por CARVALHO (1993), na avaliação da divergência genética entre cultivares de algodoeiro herbáceo. Contudo, de acordo com AMARAL JUNIOR (1996), a ocorrência de discordâncias nos agrupamentos é perfeitamente aceitável, tendo em vista que estes métodos se baseiam em princípios distintos, cabendo ao pesquisador a opção por aquele mais conveniente.

DIAS e KEGEYAMA (1997b), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) como medida de dissimilaridade e o método de otimização de Tocher para o posterior agrupamento de cinco germoplasmas não-comerciais de cacau (*Theobroma cacao* L.), constataram que condições favoráveis de ambiente são de grande importância para a melhor expressão da divergência genética, havendo boa associação entre o agrupamento de genótipos feitos em tais condições e o realizado utilizando-se dados médios colhidos durante cinco anos. Este fato pode proporcionar substancial economia de tempo e recursos para a realização de trabalhos desta natureza.

2.6.2. Dispersão gráfica

A análise da divergência genética entre genótipos pode ser realizada através da dispersão gráfica destes, utilizando-se as estatísticas multivariadas, obtidas das variáveis canônicas ou dos componentes principais.

Estas metodologias têm por finalidade transformar um conjunto original de características em outro conjunto de dimensão equivalente, com propriedades importantes. Cada variável canônica, bem como cada componente principal, é uma combinação linear das variáveis originais, sendo independentes entre si e estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da informação, em termos de variação total, contida nos dados iniciais. Em estudos de divergência genética, estes procedimentos permitem a identificação dos

materiais similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais (CRUZ e REGAZZI, 1994).

A viabilidade de utilização de ambas as técnicas em estudos de divergência genética dependerá da possibilidade de se resumir o conjunto de variáveis originais em poucos componentes, o que significará ter boa aproximação do comportamento dos indivíduos, oriundo de um espaço n-dimensional (n = número de caracteres estudados) em um espaço bi ou tridimensional. Assim, especialmente quando o número de genótipos considerado for elevado, a utilização dessas técnicas proporcionará considerável simplificação nos cálculos estatísticos, facilitando a interpretação dos resultados em gráficos nos casos em que os primeiros componentes principais ou as primeiras variáveis canônicas forem responsáveis por um mínimo de 70 a 80% da variação total disponível (BARROS, 1991; CRUZ e REGAZZI, 1994).

A análise por variáveis canônicas, em relação à análise por componentes principais, apresenta a vantagem de manter o princípio do processo de agrupamento com base na distância generalizada de Mahalanobis, D^2 , ou seja, leva em consideração a matriz de covariância residual e a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados (CRUZ e REGAZZI, 1994).

Na utilização do método das variáveis canônicas, é comum a transformação das variáveis originais em variáveis padronizadas e não-correlacionadas, de modo que a matriz de dispersão residual se iguale à matriz-identidade, mediante a aplicação do processo de condensação pivotal (RAO, 1952).

Dessa forma, a utilização da teoria de análise multivariada tem-se mostrado promissora, pois permite combinar todas as informações contidas na unidade experimental, de modo que as inferências sejam baseadas em um complexo de variáveis.

Ambos os procedimentos permitem a identificação da importância relativa dos caracteres na divergência genética, baseando-se no princípio de que a importância relativa dos componentes principais e, ou, variáveis canônicas decresce do primeiro para o último, sendo os últimos responsáveis pela explicação de uma fração mínima da variância total disponível. Assim, a variável

que apresenta maior coeficiente de ponderação (elemento do autovetor) no componente de menor autovalor é considerada de menor importância para explicar a variabilidade genética do material estudado, sendo, assim, passível de descarte (CRUZ e REGAZZI, 1994). Segundo estes autores, os caracteres dispensáveis em estudos de divergência genética compreendem os que são relativamente não-variantes entre os indivíduos estudados, apresentam instabilidade com mudanças das condições ambientais ou são redundantes, por estarem correlacionados com outros caracteres. Assim, deve-se, também, analisar a matriz de correlação para auxiliar no descarte de características que são redundantes no estudo em questão.

FERRÃO (1997), avaliando a divergência genética por meio de variáveis canônicas entre diversos genótipos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.), constatou que as características peso total de grãos da parcela e número de vagens por planta foram aquelas de menor importância para o referido estudo. Contudo, concluiu que, devido ao fato de apresentarem baixa correlação genotípica com as demais características utilizadas e serem as de maior importância no processo produtivo, não deveriam ser descartadas.

A utilização da técnica dos componentes principais tem se mostrado útil na avaliação da eficiência de descritores empregados na discriminação genotípica de banco de germoplasma, proporcionando expressiva redução nos esforços para a condução dos trabalhos (AKORODA, 1983). Segundo PEREIRA (1989), foi possível, por esta técnica, a identificação de caracteres de menor contribuição para a variabilidade existente em banco de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), o que possibilitou a eliminação de 14 entre os 28 descritores avaliados inicialmente.

De forma semelhante, DIAS e KAGEYAMA (1997a) verificaram que os métodos dos componentes principais e de otimização de Tocher mostraram-se úteis na manipulação de coleções de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.), permitindo a identificação de acessos similares e grupos heteróticos e otimizando o conjunto de descritores pela eliminação de 31% daqueles utilizados inicialmente.

Em espécies mais estudadas, os descritores mais adequados já encontram-se bem definidos. Nestes casos, normalmente, não se identificam caracteres redundantes (OLIVEIRA, 1989; FONSECA et al., 1995; FERRÃO, 1997).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Materiais genéticos, condução do experimento e avaliações

Foram utilizados, neste trabalho, dados obtidos na Empresa Capixaba de Pesquisa Agropecuária (EMCAPA), referente a 80 materiais genéticos de *Coffea canephora*, formados por 77 clones e três testemunhas propagadas por sementes (Quadro 1).

O experimento, instalado em blocos ao acaso com quatro repetições e parcelas compostas de seis plantas úteis, espaçadas de 3,0 x 1,5 m, foi implantado em março de 1987, em solo do tipo Latossolo Vermelho-Amarelo, na Fazenda Experimental da EMCAPA, no município de Marilândia-ES, situado a uma altitude de 150 m, latitude de 19°24'31" sul e longitude de 40°31'24" oeste.

Segundo a carta agroclimática do Espírito Santo (FEITOSA, 1986), Marilândia é caracterizada como tendo os meses de janeiro, novembro e dezembro úmidos, março, abril e outubro parcialmente úmidos e maio, junho, julho, agosto e setembro secos. A temperatura média das máximas é de 33,5°C, e a temperatura média das mínimas, de 13,9°C.

Quadro 1 - Relação dos 80 genótipos de *Coffea canephora* estudados, com os respectivos códigos na EMCAPA e os locais de coleta

Trat.	Código	Local de Coleta	Trat.	Código	Local de Coleta
01	ES 13	Aracruz	41	ES 78	Linhares
02	ES 01	São Gab. da Palha	42	ES 79	São Gab. da Palha
03	ES 60	São Mateus	43	ES 31	Linhares
04	ES 61	Ibiraçu	44	ES 18	Linhares
05	ES 62	Ibiraçu	45	ES 80	Linhares
06	ES 63	São Gab. da Palha	46	ES 19	Linhares
07	ES 03	Linhares	47	ES 81	São Mateus
08	ES 16	São Gab. da Palha	48	ES 05	Pancas
09	ES 39	Marilândia	49	ES 15	Fundão
10	ES 28	Nova Venécia	50	ES 82	Pancas
11	ES 12	São Mateus	51	ES 83	São Gab. da Palha
12	ES 64	Ibiraçu	52	ES 84	Pancas
13	ES 30	Rio Bananal	53	ES 85	Marilândia
14	ES 65	Rio Bananal	54	ES 34	Ibiraçu
15	ES 36	Nova Venécia	55	ES 38	Fundão
16	ES 07	Linhares	56	ES 26	Linhares
17	ES 66	São Mateus	57	ES 21	São Gab. da Palha
18	ES 09	Pancas	58	ES 86	Ibiraçu
19	ES 11	São Gab. da Palha	59	ES 87	Pancas
20	ES 14	Marilândia	60	Sem*. c	Marilândia
21	ES 25	Linhares	61	ES 35	Marilândia
22	ES 67	Ibiraçu	62	ES 88	Ibiraçu
23	ES 68	São Gab. da Palha	63	ES 89	Nova Venécia
24	ES 22	Linhares	64	ES 90	Linhares
25	ES 08	Linhares	65	ES 91	Linhares
26	ES 69	Nova Venécia	66	ES 06	Fundão
27	ES 70	Linhares	67	ES 37	Nova Venécia
28	ES 23	São Mateus	68	ES 92	Fundão
29	ES 27	Ibiraçu	69	ES 93	Pancas
30	ES 71	Pancas	70	ES 94	Nova Venécia
31	ES 72	Linhares	71	Sem*. b	Marilândia
32	ES 73	Linhares	72	Sem*. a	Marilândia
33	ES 74	Nova Venécia	73	ES 95	Linhares
34	ES 75	Nova Venécia	74	ES 96	Rio Bananal
35	ES 76	Fundão	75	ES 97	Nova Venécia
36	ES 77	São Gab. da Palha	76	ES 98	Ibiraçu
37	ES 24	Linhares	77	ES 17	Fundão
38	ES 10	Marilândia	78	ES 99	Nova Venécia
39	ES 02	São Gab. da Palha	79	ES 100	São Gab. da Palha
40	ES 20	Linhares	80	ES 101	Linhares

* Material genético propagado via sexuada.

Os 77 clones estudados foram originados da seleção fenotípica de plantas matrizes, em nível de produtores, realizada em diferentes municípios da região norte do Estado. A seleção foi realizada com base na produção, no tamanho e no formato dos grãos, na época e na uniformidade de maturação dos frutos.

Para este trabalho, utilizaram-se dados coletados no período de 1989 a 1992, perfazendo um total de quatro colheitas.

A adubação foi baseada na análise de solo; a irrigação, na fase de estabelecimento da cultura; e os demais tratos culturais e fitossanitários, de acordo com as necessidades da cultura.

Foram analisadas as seguintes características:

1. Número médio de hastes ortotrópicas por planta (**NHP**).
2. Diâmetro médio das copas (**DMC**), expresso em metros.
3. Altura média das plantas (**AMP**), expressa em metros.
4. Produção de grãos/planta na primeira colheita (**P89**) - avaliada aos 24 meses após o plantio e expressa em gramas de grãos beneficiados, com 14% de umidade.
5. Produção de grãos/planta na segunda colheita (**P90**) - avaliada aos 36 meses após o plantio e expressa em gramas de grãos beneficiados, com 14% de umidade.
6. Produção de grãos/planta na terceira colheita (**P91**) - avaliada aos 48 meses após o plantio e expressa em gramas de grãos beneficiados, com 14% de umidade.
7. Produção de grãos/planta na quarta colheita (**P92**) - avaliada aos 60 meses após o plantio e expressa em gramas de grãos beneficiados, com 14% de umidade.
8. Produção média de grãos/planta (**PMG**) – média das quatro colheitas, expressa em gramas de grãos beneficiados, com 14% de umidade.
9. Peso de médio de 1.000 grãos “chatos” (**P1000**), expresso em gramas.
10. Percentual de grãos “chatos” (**GCH**).
11. Percentual de grãos “conha” (**GCO**).
12. Percentual de grãos “moca” (**GMO**).

13. Percentual de grãos “moca” retidos em peneira 13 (**M 13**).
14. Percentual de grãos “moca” retidos em peneira 12 (**M 12**).
15. Percentual de grãos “moca” retidos em peneira 11 (**M 11**).
16. Peneira média dos grãos “chatos” (**PGCH**).
17. Percentual de grãos com peneira média superior a 13 (**P>13**).
18. Índice de rendimento no processamento – café cereja/ beneficiado (**IR**).
19. Época de colheita (**EC**).

Os caracteres descritos nos itens 1, 2 e 3 foram avaliados em plantas com 60 meses de idade, antes da quarta colheita e do início da realização de podas. Considerou-se como diâmetro de copa a distância existente na porção mediana da copa, tomada no sentido das entre linhas, e como altura das plantas a distância entre o solo e a inserção do último ramo plagiotrópico no ortotrópico mais alto.

Os caracteres descritos nos itens de 9 a 19 foram também avaliados por ocasião da quarta colheita, porém em apenas uma repetição. A amostra correspondente a esta repetição, para os caracteres 9 a 18, foi constituída de uma mistura das quatro repetições.

Com base nessas características e na reação a doenças, avaliada em nível de campo, selecionaram-se os clones de melhor desempenho, caracterizando-os agronomicamente, de forma a permitir o agrupamento daqueles com características comuns em variedades clonais. Assim, após os testes de compatibilidade genética entre estes clones, foram selecionados 32 materiais, os quais compuseram as três variedades clonais: EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131, constituídas por 9, 14 e 9 clones, respectivamente. As principais características destas variedades, bem como a relação dos clones que as compõem, são apresentadas no Quadro 2.

Os testes de compatibilidade genética foram realizados através de cruzamentos controlados entre um determinado genótipo e todos os demais. Ramos plagiotrópicos das plantas a serem utilizadas nos cruzamentos foram protegidos com sacolas de papel parafinado alguns dias antes da abertura das flores. Na ocasião da abertura floral, os ramos a serem utilizados como

fornecedores de pólen foram então destacados da planta, ainda protegidos, e levados até a planta utilizada como receptora. Nesta, os dois ramos foram colocados em contato através de uma abertura na extremidade de cada sacola, de forma a proporcionar a polinização. O ramo da planta receptora permaneceu protegido até o fim do florescimento, e cerca de 20 dias após procedeu-se à avaliação do percentual pegamento de frutos em relação ao total de flores polinizadas.

3.2. Análises estatísticas

Procedeu-se inicialmente, baseando-se nas características avaliadas, a uma análise descritiva dos materiais genéticos disponíveis. Para as variáveis tomadas com repetições, foram realizadas análises de variância univariada, seguida da estimação de alguns parâmetros genéticos e das correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente.

Numa segunda etapa foram realizados estudos de repetibilidade da característica produção de grãos, no sentido de se verificar a eficiência de quatro produções em representar o desempenho dos diferentes materiais genéticos ao longo do tempo.

Por fim, realizaram-se análises multivariadas referentes ao estabelecimento das funções discriminantes, visando conhecer a adequação do agrupamento feito por ocasião da obtenção das variedades clonais da EMCAPA e a análise da divergência genética entre os clones componentes destas variedades, por meio de análises de agrupamento e da dispersão gráfica obtida através das variáveis canônicas. Analisou-se também a importância relativa dos caracteres na divergência genética.

Utilizou-se o teste de multicolinearidade para identificação e descarte de variáveis muito correlacionadas, cuja utilização poderia comprometer os resultados da análise discriminante e de divergência genética.

Todas as análises foram realizadas utilizando o aplicativo computacional em genética e estatística denominado “Programa GENES” (CRUZ, 1997).

3.2.1. Análise de variância univariada e estimação de parâmetros

A análise de variância para os 80 tratamentos, considerando-se as características agronômicas (NHP, AMP, DMC, P89, P90, P91, P92 e PMG), foi realizada com base na média das parcelas, visando avaliar a existência de variabilidade genética significativa entre os tratamentos, utilizando-se o modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

em que

Y_{ij} = valor fenotípico da ij-ésima observação referente ao i-ésimo tratamento no j-ésimo bloco;

μ = média geral do caráter;

G_i = efeito do i-ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, g$; $g = 80$);

β_j = efeito do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, r$; $r = 4$); e

ε_{ij} = efeito do erro experimental, sendo $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(\phi, \sigma^2)$.

Como os resultados obtidos são válidos apenas para os materiais genéticos em questão, considerou-se o modelo fixo. Assim, a hipótese testada pela estatística F é $H_0: G_i = 0$, para todo i.

O esquema da análise de variância com as esperanças dos quadrados médios [E(QM)], considerando o efeito de tratamentos como fixos, segundo STEEL e TORRIE (1960), é apresentado no Quadro 3. As diferenças mínimas significativas entre as médias de tratamentos foram avaliadas pelo teste de Scott e Knott, em nível de 5% de probabilidade.

Quadro 3 - Esquema da análise de variância e esperanças de quadrados médios de um modelo em blocos casualizados, com efeitos de tratamentos fixos

FV	GL	QM	E(QM)	F
Blocos	$r - 1$	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
Tratamentos	$g - 1$	QMG	$\sigma^2 + r\Phi_g$	QMG/QMR
Resíduo	$(r - 1)(g - 1)$	QMR	σ^2	

em que

- σ^2 = componente de variância devido ao erro experimental;
- σ_b^2 = componente de variância devido ao bloco; e
- Φ_g = componente quadrático associado aos tratamentos.

sendo

$$\Phi_g = \frac{\sum_{i=1}^g G_i^2}{g - 1}$$

As estimativas dos componentes de variância associados aos efeitos aleatórios e dos componentes quadráticos associados aos efeitos fixos, bem como de parâmetros genéticos e não-genéticos, foram obtidas considerando-se as seguintes expressões, apresentadas por CRUZ e REGAZZI (1994):

a) Variância fenotípica entre médias de tratamentos

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMG}{r}$$

b) Variabilidade genotípica

$$\hat{\Phi}_g = \frac{QMG - QMR}{r}$$

c) Variância de ambiente entre médias de tratamentos

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{QMR}{r}$$

d) Coeficiente de determinação genotípico

$$H^2 = \frac{\hat{\Phi}_g}{QMG / r} = \frac{\hat{\Phi}_g}{\hat{\sigma}_f^2}$$

e) Coeficiente de variação genotípica

$$CV_g = \frac{100\sqrt{\hat{\Phi}_g}}{\hat{\mu}}, \text{ sendo } \hat{\mu}, \text{ a média do experimento}$$

f) Coeficiente de variação ambiental

$$CV_e = \frac{100\sqrt{QMR}}{\hat{\mu}}$$

g) Razão entre coeficiente de variação genotípico e ambiental

$$\frac{CV_g}{CV_e} = \sqrt{\frac{\hat{\Phi}_g}{QMR}}$$

3.2.2. Estimação das correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente

Na análise de correlações, procura-se determinar o grau de relacionamento entre duas variáveis X e Y. A partir das análises de variância de cada uma delas, procedeu-se à análise da soma dos valores de X e Y, de tal forma que as covariâncias ou produtos médios (PM) de cada fonte de variação pudessem ser estimados, conforme utilizado por CRUZ e REGAZZI (1994), por meio de:

$$V(X + Y) = V(X) + V(Y) + 2Cov(X, Y) \text{ e}$$

$$Cov(X, Y) = \frac{V(X + Y) - V(X) - V(Y)}{2}$$

Por analogia com os quadrados médios, tem-se

$$PM(X, Y) = \frac{QM(X + Y) - QM(X) - QM(Y)}{2}$$

em que $PM(X, Y)$ é o produto médio entre os caracteres X e Y .

A estimação dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e de ambiente entre os caracteres foi realizada com base nas seguintes expressões:

a) Correlação fenotípica

$$r_f = \frac{PMG_{XY}}{\sqrt{QMG_X QMG_Y}}$$

b) Correlação genotípica

$$r_g = \frac{\hat{\Phi}_{g_{XY}}}{\sqrt{\hat{\Phi}_{g_X} \hat{\Phi}_{g_Y}}}$$

c) Correlação de ambiente

$$r_e = \frac{PMR_{XY}}{\sqrt{QMR_X QMR_Y}}$$

em que

PMG_{XY} = produto médio entre os caracteres X e Y associado a tratamentos;

PMR_{XY} = produto médio entre os caracteres X e Y associado ao resíduo;

e

$\hat{\Phi}_{g_{xy}}$ = estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y .

3.2.3. Análise de repetibilidade do caráter produção de grãos

De acordo com CRUZ e REGAZZI (1994), o conceito estatístico de repetibilidade pode ser enunciado como a correlação entre as medidas repetidas em um mesmo indivíduo, cujas avaliações foram repetidas no tempo ou no espaço.

Para a análise de repetibilidade do caráter produção de grãos, foram adotadas as metodologias descritas a seguir.

3.2.3.1. Coeficiente de repetibilidade baseado no método da análise de variância

Foi adotado o seguinte modelo estatístico, com dois fatores de variação:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \varepsilon_{ij}$$

em que

Y_{ij} = observação referente ao i-ésimo tratamento no j-ésimo ambiente;

μ = média geral;

g_i = efeito aleatório do i-ésimo tratamento sob a influência do ambiente permanente ($i = 1,2,3,\dots,p$; $p = 80$);

a_j = efeito fixo do ambiente na j-ésima medição ($j = 1,2,3,\dots,n$; $n = 4$); e

ε_{ij} = erro experimental estabelecido pelos efeitos temporários do ambiente na j-ésima medição do i-ésimo genótipo.

Este modelo possibilita remover efeitos de ambiente temporário, contribuindo para uma estimação mais realística do coeficiente de repetibilidade (CRUZ e REGAZZI, 1994).

O esquema de análise de variância para o modelo em questão é apresentado no Quadro 4.

Quadro 4 - Esquema de análise de variância com dois fatores de variação para o estudo de repetibilidade

FV	GL	QM	E(QM)
Colheitas	n-1	QMA	
Tratamentos	p-1	QMG	$\sigma^2 + \eta \sigma_g^2$
Resíduo	(p-1)(n-1)	QMR	σ^2

Assim, considerando Y_{ij} e $Y_{ij'}$ as diferentes medidas, realizadas num mesmo indivíduo, em diferentes anos, o coeficiente de repetibilidade é dado, segundo sua conceituação, por:

$$r = \frac{C\bar{O}V(Y_{ij}, Y_{ij'})}{\sqrt{V\bar{A}(Y_{ij})V\bar{A}(Y_{ij'})}} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_y^2} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma^2 + \sigma_g^2}$$

sendo σ_g^2 a variância genética acrescida da variação proporcionada pelos efeitos permanentes do ambiente

3.2.3.2. Coeficiente de repetibilidade baseado no método dos componentes principais

Segundo ABEYWARDENA (1972), este método estima de forma mais eficiente o coeficiente de repetibilidade em situações nas quais os genótipos apresentam comportamento cíclico em relação ao caráter estudado, por basear-se na matriz de correlações ou na matriz de covariâncias entre genótipos, obtidas em cada par de medições.

A partir das referidas matrizes, determinaram-se os autovalores e autovetores normalizados. O autovetor cujos elementos apresentem mesmos sinais e magnitudes semelhantes é aquele que expressa a tendência dos genótipos em manter suas posições relativas nos vários períodos de tempo, e a proporção do autovalor associado a este é o estimador do coeficiente de repetibilidade. Detalhes destas operações são encontrados em CRUZ e REGAZZI (1994).

Segundo os autores mencionados anteriormente, o coeficiente de repetibilidade estimado a partir da matriz de correlações, já considerando-se a correção proposta por RUTLEDGE (1974) no sentido de eliminar a influência do número de medições sobre , é dado por:

$$r = \frac{\hat{\lambda}_1 - 1}{n - 1}$$

em que

n = número de períodos avaliados; e

$\hat{\lambda}_1$ = autovalor associado ao autovetor cujos elementos têm o mesmo sinal e magnitude semelhantes.

Já o coeficiente de repetibilidade estimado a partir da matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas é dado por:

$$r = \frac{\hat{\lambda}_1 - \hat{\sigma}_y^2}{\hat{\sigma}_y^2(n - 1)}$$

em que

n = número de períodos avaliados;

$\hat{\lambda}_1$ = autovalor associado ao autovetor cujos elementos têm o mesmo sinal e magnitude semelhantes; e

$$\hat{\sigma}_y^2 = \frac{1}{n} \sum_j \hat{\sigma}_j^2 = \hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_g^2$$

Além do coeficiente de repetibilidade, procedeu-se também à obtenção da estimativa do coeficiente de determinação (R^2) e do número de medições necessário para predição do valor real dos indivíduos em função da acurácia desejada, utilizando-se, respectivamente, as seguintes expressões:

$$R^2 = \frac{nr}{1 + r(n-1)}$$

$$n_o = \frac{R^2(1-r)}{(1-R^2)r}$$

em que

n_o = número de medições necessárias;

R^2 = determinação ou acurácia do procedimento; e

r = coeficiente de repetibilidade.

3.2.4. Análise multivariada para o estabelecimento das funções discriminantes

Para o estabelecimento das funções discriminantes, consideram-se as informações dos materiais genéticos sabidamente pertencentes a um determinado grupo, possuidores de características próprias e bem definidas. Para tal, foram considerados os grupos 1, 2 e 3 formados, respectivamente, por clones das variedades EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131.

Sejam:

π_1 = população possuidora da característica do grupo 1;

u_1 = vetor de médias dos p caracteres avaliados na população π_1 ;

Σ_1 = matriz de covariância entre os caracteres avaliados na população π_1 ;
 π_2 = população possuidora da característica do grupo 2;
 u_2 = vetor de médias dos p caracteres na população π_2 ;
 Σ_2 = matriz de covariância entre os caracteres avaliados na população π_2 ;
 π_3 = população possuidora da característica do grupo 3;
 u_3 = vetor de médias dos p caracteres na população π_3 ;
 Σ_3 = matriz de covariância entre os caracteres avaliados na população π_3 ; e
 x = vetor de variáveis representativas dos caracteres envolvidos na análise.

Considerando que há homogeneidade entre as matrizes de covariâncias Σ_1 , Σ_2 e Σ_3 , obtém-se a matriz Σ , proveniente da combinação de Σ_1 , Σ_2 e Σ_3 , levando-se em consideração os respectivos graus de liberdade.

Com base na teoria de ANDERSON (1958), as funções discriminantes para os grupos 1, 2 e 3 são obtidas, respectivamente, pelas expressões:

$$D_1(x) = \ln(p_1) + (x - \frac{1}{2}u_1)\Sigma^{-1}u_1$$

$$D_2(x) = \ln(p_2) + (x - \frac{1}{2}u_2)\Sigma^{-1}u_2$$

$$D_3(x) = \ln(p_3) + (x - \frac{1}{2}u_3)\Sigma^{-1}u_3$$

Assim, $D_1(x)$, $D_2(x)$ e $D_3(x)$ são as funções discriminantes que possibilitam a obtenção de escores para classificação dos genótipos nas populações π_1 , π_2 e π_3 , consideradas possuidoras das características desejadas nos grupos 1, 2 e 3, respectivamente, e p_1 , p_2 e p_3 são as probabilidades, “a priori”, de pertencerem às populações π_1 , π_2 e π_3 , respectivamente, considerados, neste trabalho, iguais a 0,333, por não se ter informação prévia do comportamento do material a ser classificado.

Utilizando-se as funções discriminantes e os dados das próprias populações π_1 , π_2 e π_3 , estimou-se a taxa de erro aparente que mede a eficiência da função discriminante em classificar os genótipos corretamente, quanto a possuir ou não as características que os incluam em um ou outro grupo. Realizou-

se, também, a classificação dos demais genótipos estudados, considerando-se nula a taxa de erro aparente.

3.2.5. Análises de divergência genética multivariada

A divergência genética entre os tratamentos foi avaliada pelas seguintes técnicas multivariadas: análise de agrupamento e variáveis canônicas.

Na análise de agrupamento utilizou-se como medidas de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis e distância euclidiana média, e, para delimitação dos grupos, utilizou-se a técnica de otimização proposta por Tocher, citado por RAO (1952).

Na análise das variáveis canônicas, a divergência genética foi evidenciada pela dispersão dos escores em gráficos, cujos eixos foram representados pelas primeiras variáveis canônicas. O número de variáveis canônicas a serem utilizadas para a disposição dos genótipos em gráficos foi definido em função da variância acumulada, referenciada como acima de 80%.

Realizou-se, também, o estudo da importância relativa das características na predição da divergência genética.

Essas metodologias são apresentadas por CRUZ e REGAZZI (1994), sendo aqui explicitadas de forma resumida.

3.2.5.1. Análise de agrupamento

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, as unidades amostrais em vários grupos, com base nas medidas das características mensuradas, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Esta análise envolve, basicamente, duas etapas. A primeira consiste na estimação de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os materiais a serem agrupados, e a segunda, na adoção de uma técnica de agrupamento para formação dos grupos.

Foram adotadas como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis, para os caracteres avaliados em quatro repetições, e a distância euclidiana média, utilizando-se a média de 16 caracteres. Para a formação dos grupos, utilizou-se a técnica de otimização proposta por Tocher.

3.2.5.1.1. Medidas de dissimilaridade genética

3.2.5.1.1.1. Distância generalizada de Mahalanobis (D_{ii}^2)

Para estimação da distância generalizada de Mahalanobis, é levada em consideração a correlação residual entre os caracteres. Assim, D_{ii}^2 pode ser estimada a partir dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais (matriz de dispersão) ou a partir dos dados transformados, via condensação pivotal, aplicados à matriz de dispersão.

A estimação de D_{ii}^2 foi realizada a partir de variáveis transformadas. Esta transformação proporciona a obtenção de novas variáveis com variâncias residuais iguais à unidade e covariâncias nulas.

O processo de transformação pivotal consiste em se justapor à direita da matriz de dispersão a matriz identidade e, em seguida, por operações nas linhas, transformar os elementos de cada coluna, de tal forma que ela assumo valor 1 na diagonal e 0 abaixo dela. Concomitantemente, as variáveis são padronizadas. A seqüência dos elementos da matriz justaposta à direita, após cada condensação, corresponde aos coeficientes de transformação linear das variáveis originais em variáveis não-correlacionadas, e o elemento da diagonal, transformado na unidade, corresponde à variância daquela variável não-correlacionada (CRUZ e REGAZZI, 1994).

Sejam z_{1k} , z_{2k} ... e z_{nk} n combinações lineares das variáveis originais X_{i1k} , X_{i2k} ...e X_{ink} estimados de modo que suas variâncias residuais sejam iguais à unidade e as covariâncias residuais sejam nulas. Assim,

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

em que

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

$\delta' = [d_1 \ d_2 \ \dots \ d_n]$; e

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

3.2.5.1.1.2. Distância euclidiana média ($d_{ii'}$)

Seja X_{ij} a observação referente à j -ésima característica ($j = 1, 2, \dots, n$) no i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, p$); define-se a distância euclidiana entre dois progenitores i e i' pela expressão:

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

Como $d_{ii'}$ é influenciada pela mudança de escala de medições e pelo número de caracteres estudados, recomendam-se a padronização dos dados e a utilização da distância euclidiana média, dada por:

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2}$$

em que

x_{ij} = observação X_{ij} padronizada, dada por $x_{ij} = \frac{X_{ij} - \bar{X}_{.j}}{s_{.j}}$, em que $s_{.j}$ é o desvio-padrão dos dados do j -ésimo caráter; e

n = número de caracteres estudados.

3.2.5.1.2. Método de otimização de Tocher

Pelo método de otimização proposto por Tocher, realiza-se a partição do conjunto de genótipos em subgrupos. Neste método, adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que a das distâncias médias entre dois grupos quaisquer. O método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de genótipos mais similar, que constituirá o grupo inicial. Em seguida, é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos nesse grupo inicial, considerando-se que a entrada de cada novo material num grupo sempre aumenta o valor médio da distância dentro deste grupo até um valor máximo permitido, que pode ser arbitrariamente estabelecido ou, como neste caso em particular, corresponder ao valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada par de materiais.

3.2.5.2. Variáveis canônicas

Objetiva-se, em estudos sobre divergência genética por meio das variáveis canônicas, avaliar a possibilidade de estudar a dispersão gráfica dos genótipos em sistemas de eixos cartesianos nos quais o aproveitamento da variabilidade disponível seja maximizada.

A análise multivariada com base em variáveis canônicas consiste em transformar um conjunto original de n características em um novo conjunto de dimensão equivalente, com propriedades importantes. Cada variável canônica é uma combinação linear das variáveis originais, independentes entre si e estimadas com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da informação, em termos de variação total, contida nos dados originais. Essa técnica mantém o princípio do processo de agrupamento com base na distância de Mahalanobis, ou seja, leva em consideração a matriz de covariância residual e

a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados. Em estudos de divergência genética, tal procedimento permite a identificação dos materiais em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais.

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

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

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

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

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

tal que

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

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

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

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

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

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

em que

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

E = matriz de covariâncias residuais;

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

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

Embora as matrizes T e E sejam simétricas, o produto de ambas ($E^{-1} T$) não é uma matriz simétrica. Assim, para maior simplificação e facilidade de cálculo, as variáveis canônicas foram estimadas a partir de dados transformados, por meio de condensação pivotal, conforme descrito anteriormente. Nesse processo, obtêm-se novas variáveis com variâncias residuais iguais à unidade e covariâncias nulas. Detalhes dessa operação matemática encontram-se em CRUZ e REGAZZI (1994).

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

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

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

A importância relativa de cada variável canônica é dada pela razão entre a variância por ela quantificada, λ_j , e o total de variância disponível. A escolha das variáveis canônicas a serem submetidas à seleção, para o estudo da divergência genética, depende da variação acumulada. A maioria dos autores referenda a utilização das variáveis canônicas que acumulem um mínimo de 80% da variação disponível. Assim, os escores relativos às primeiras variáveis foram utilizados para disposição dos genótipos em gráficos de dispersão, permitindo desta forma a avaliação da dissimilaridade entre estes.

3.2.5.3. Importância relativa dos caracteres na divergência genética

Primeiramente, identificam-se os caracteres de menor importância para a divergência genética no grupo de materiais, avaliados como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação, obtidos com a padronização das variáveis, são de maior magnitude, em valor absoluto, nas últimas variáveis canônicas. Dessa forma, recomenda-se o descarte da variável com maior coeficiente de ponderação no componente de menor autovalor. A segunda variável de menor importância é identificada, com o mesmo critério, pela penúltima variável canônica, e assim sucessivamente. Porém, quando em uma variável de menor variância o maior coeficiente de ponderação está associado a um caráter já previamente descartável, continua-se a identificação da importância relativa dos caracteres na outra variável, de variância imediatamente superior (CRUZ e REGAZZI, 1994).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

São apresentadas, na primeira etapa deste trabalho, análises descritivas dos materiais genéticos disponíveis, as estimativas de alguns parâmetros genéticos e ambientais, as correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre caracteres, além da estimativa da repetibilidade do caráter produção de grãos e do estabelecimento das funções discriminantes para a classificação dos genótipos. Nesta etapa, foram utilizados dados relativos aos 80 genótipos estudados.

Posteriormente, são apresentados os resultados da análise de divergência genética multivariada, utilizando-se os dados obtidos a partir dos 32 genótipos componentes das três variedades clonais lançadas pela EMCAPA.

4.1. Análise descritiva e estimativa de parâmetros

Observa-se no Quadro 5 que, embora os referidos dados tenham sido obtidos em apenas uma repetição, tornando as inferências mais restritas, há expressiva variação entre os materiais estudados para a maioria dos caracteres avaliados, exceto para GCO, cujos valores variaram apenas entre

0,0 e 1,60%. Variação entre 60,90 e 93,47% foi observada para GCH; entre 6,53 e 39,10%, para GMO; entre 0,0 e 40,0%, para M13; entre 0,0 e 61,7%, para M12; entre 10,8 e 100,0%, para M11; entre 8,54 e 99,06%, para PS13; entre 71,4 e 171,2 g, para P1000; entre 11,41 e 16,06, para PGCH; e entre 2,95 e 5,06, para IR. Na avaliação do caráter EC foram atribuídos os valores 1, 2 e 3, para genótipos de maturação precoce, intermediária e tardia, respectivamente.

Os resultados das análises de variância das características número de hastes ortotrópicas/planta (NHP), diâmetro médio de copa (DMC), altura média de plantas (AMP), produção de grãos, em gramas de grãos beneficiados/planta, nos anos 1989 (P89), 1990 (P90), 1991 (P91) e 1992 (P92) e produção média de grãos nos quatro anos (PMG) são apresentados no Quadro 6, juntamente com as estimativas de alguns parâmetros genéticos e ambientais, de grande importância no estabelecimento de estratégias eficazes de seleção.

Observa-se a ocorrência de diferenças significativas ($P < 0,01$) entre os tratamentos, em todas as características, indicando a existência de considerável variabilidade genética entre eles.

O coeficiente de variação experimental oscilou de 6,19 a 26,63%, sendo este último valor observado para a característica P89. A média de produção de grãos beneficiados/planta aumentou até a terceira colheita, passando de 498,06 g/planta para 1.150,81 e 2.044,75 g/planta, respectivamente na primeira, segunda e terceira colheitas. Na quarta colheita, a produção por planta baixou para 1.883,07 g/planta, presumivelmente em decorrência do início da manifestação da bianuidade da característica em questão na espécie.

O coeficiente de determinação genotípico (H^2), estimado através das médias de tratamentos (Quadro 6), foi superior a 72,84% para todas as características, chegando a 94,17% para NHP, caracterizando assim predominância de variabilidade genética em relação à ambiental, para a maioria das características. Sendo H^2 um parâmetro relativo à confiabilidade com que o valor fenotípico representa o valor genotípico, estes resultados indicam uma condição propícia ao melhoramento.

Como H^2 não é apenas uma propriedade do caráter, mas também do material genético trabalhado e das condições ambientais a que foram submetidos os tratamentos, pode-se, assim, inferir que H^2 de uma certa característica não é imutável, podendo ser aumentado pela introdução de maior variação genética e, ou, pelo maior controle de erro ambiental (RAMALHO et al., 1993).

O coeficiente de variação genético (CV_g) mostrou-se superior ao coeficiente de variação ambiental (CV_e), exceto para P90, caracterizando uma vez mais condição favorável ao melhoramento, tendo em vista que o percentual de ganho de seleção (GS%) é função direta do CV_g , do H^2 , além da intensidade de seleção (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

Assim, métodos relativamente simples de seleção seriam suficientes para obtenção de ganhos satisfatórios em gerações segregantes, havendo, entretanto, restrições para características nas quais a participação do componente de variação ambiental (σ_e^2) é mais expressiva em relação à variância genotípica (σ_g^2). Tais situações, segundo RAMALHO et al. (1993), indicam a necessidade de utilização de métodos mais sofisticados de seleção, como os genealógicos, para que sejam alcançados ganhos mais satisfatórios, especialmente quando concomitantemente for verificada uma relação entre CV_g e CV_e inferior à unidade.

As diferenças nas estimativas de parâmetros encontradas para o caráter produção de grãos nos quatro anos é conseqüência das diferentes condições ambientais e da idade da planta por ocasião da colheita. A quantificação da variabilidade genética e a estimação de parâmetros genéticos são de fundamental importância em programas de melhoramento, devendo-se atentar para o fato de que diferenças nas estimativas de parâmetros, encontradas na mesma espécie, são devidas principalmente aos diferentes métodos e materiais genéticos utilizados na sua determinação, às diferentes condições ambientais, à época e à idade da avaliação, dentre outros fatores (FALCONER, 1981; VENCOVSKY, 1987).

Os valores relativos às médias dos caracteres NHP, DMC, AMP, P89, P90, P91 e P92 encontram-se no Quadro 7, no qual é também apresentado o resultado do teste de Scott e Knott para comparação de médias.

Observa-se que alguns clones, como o ES 73, o ES 62 e o ES 30, entre outros, embora encontrem-se entre os mais produtivos e com características relativas à arquitetura da planta bastante uniformes, não participam da composição das variedades clonais recomendadas pela EMCAPA (Quadro 2). Isto deve-se ao fato de que no processo de seleção dos genótipos para a formação destas variedades foram levados em consideração, além destes, outros critérios de grande importância, como compatibilidade genética, uniformidade de maturação de frutos, tamanho e peso de grãos, índice de rendimento, dentre outros. A compatibilidade genética, entre os materiais de cada variedade, foi avaliada em cruzamentos controlados, realizados entre cada par de genótipos.

4.2. Estimativas de correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente

O estudo de correlação é de grande relevância no melhoramento, pois permite estabelecer a viabilidade de se realizar seleção por meio de caracteres de fácil mensuração quando este possui correlação com outro(s), cuja avaliação é mais onerosa ou demanda mais tempo. Em estudos de divergência genética, conhecer as estimativas das correlações é também de fundamental interesse, pois características correlacionadas podem ser dispensáveis.

A ocorrência de correlação genética, positiva ou negativa, entre dois caracteres é devido à pleiotropia ou ao desequilíbrio de ligação entre os genes responsáveis por estas características. Alguns genes podem aumentar o valor fenotípico de duas características, enquanto outros aumentam de uma e reduzem da outra, causando uma correlação positiva e negativa, respectivamente (FALCONER, 1981).

No Quadro 8 estão apresentadas as estimativas das correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre oito características (NHP, DMC, AMP, P89, P90, P91, P92 e PMG), avaliadas em quatro repetições, para os 80 genótipos estudados. A magnitude das correlações genotípicas tenderam a superar as das correlações fenotípicas, mostrando que os fatores genéticos tiveram maior influência que os de ambiente em mais de 60% dos casos. Este fato é de grande importância, por permitir, em tais situações, a seleção simultânea de várias características, uma vez que o interesse do melhorista se prende, quase sempre, a um conjunto delas. Ressalvas, contudo, devem ser feitas, já que as correlações genotípicas são próprias dos respectivos caracteres em uma dada população, não sendo recomendada sua extrapolação, sem a devida atenção, em função de terem sido estabelecidos, neste trabalho, como fixos os efeitos dos tratamentos. Não obstante, informações de estimativas de correlações, obtidas em diferentes ambientes e, ou, materiais genéticos, considerando os efeitos de genótipos como fixos, têm se mostrado úteis para o estabelecimento de programas de seleção (OLIVEIRA JÚNIOR, 1995).

As correlações genotípicas e fenotípicas apresentaram, em relação às ambientais, diferenças de sinais para os caracteres NHP e P89, P91, P92 e PMG; DMC e P89; P89 e P92; e P91 e P92. Embora estas correlações sejam de baixa magnitude, deve-se observar que a seleção indireta, baseada apenas nos coeficientes de correlação genotípica, pode ser prejudicada pela ação diferencial do ambiente sobre as variáveis envolvidas, pois, de acordo com FALCONER (1981), diferenças de sinais entre correlações genotípicas e de ambiente indicam que causas de variação genética e ambiental influenciam as características por diferentes mecanismos fisiológicos.

De acordo com FALCONER (1981), o ambiente é causa de correlação quando dois caracteres estão influenciados pelas mesmas variações ambientais. Observa-se significativa superioridade das estimativas de correlação ambiental em relação às demais para DMC com P90, P91, P92 e PMG; e AMP com P89, P90, P91, P92 e PMG, indicando maior influência do ambiente nestas determinações.

Quadro 8 - Estimativas dos coeficientes de correlações fenotípica (r_f), genotípica (r_g) e ambiental (r_e) correspondentes às combinações de oito caracteres de 80 genótipos *Coffea canephora*

Caracteres ^{1/}		DMC	AMP	P89	P90	P91	P92	PMG
NHP	r_f	0,615	0,256	-0,026	-0,107	-0,046	-0,125	-0,061
	r_g	0,657	0,265	-0,046	0,114	-0,070	-0,147	-0,084
	r_e	0,370	0,215	0,154	0,098	0,190	0,083	0,208
DMC	r_f		0,540	-0,064	0,293	0,205	0,083	0,190
	r_g		0,559	-0,112	0,277	0,176	0,042	0,139
	r_e		0,447	0,162	0,356	0,370	0,307	0,525
AMP	r_f			0,097	0,359	0,285	0,074	0,259
	r_g			0,046	0,316	0,268	0,064	0,218
	r_e			0,351	0,536	0,389	0,135	0,541
P89	r_f				0,609	0,437	0,211	0,577
	r_g				0,688	0,453	0,253	0,596
	r_e				0,343	0,350	-0,023	0,473
P90	r_f					0,537	0,364	0,733
	r_g					0,553	0,451	0,759
	r_e					0,511	0,028	0,717
P91	r_f						0,403	0,825
	r_g						0,480	0,842
	r_e						-0,106	0,702
P92	r_f							0,784
	r_g							0,820
	r_e							0,514

^{1/} NHP = número médio de hastes/planta; DMC = diâmetro médio da copa; AMP = altura média de plantas; P89, P90, P91 e P92 = produção de grãos nos anos de 1989, 1990, 1991 e 1992; e PMG = produção média de grãos.

Os caracteres número de hastes por planta (NHP), diâmetro médio das copas (DMC) e altura média de planta (AMP) apresentaram baixas estimativas de correlação com a maioria das características, indicando que devem ser mantidos no processo de avaliação e seleção e em estudos de divergência genética.

Como os dados de produção foram tomados no mesmo ensaio, em plantas com diferentes idades, houve interesse em conhecer as estimativas dos coeficientes de correlação entre as produções nos diferentes anos, no sentido de se verificar a possibilidade de seleção precoce. Tais estimativas indicam se observações em plantas jovens refletem o comportamento em idades mais avançadas (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

Observa-se que a produção de grãos tomada no primeiro ano (P89) apresentou correlações genotípica e fenotípica de baixa magnitude com produção de grãos no terceiro (P91) e no quarto ano (P92) e com a média das quatro colheitas (PMG). Os pares de anos 90 e 91; 90 e 92; e 91 e 92 apresentaram também correlações relativamente baixas, ao passo que a produção nestes anos apresentou correlações genotípicas e fenotípicas elevadas com PMG. Estas constatações sugerem a possibilidade de se predizer o comportamento dos genótipos ao longo do tempo, utilizando-se os resultados obtidos a partir da segunda colheita, em relação a esta característica. Contudo, observa-se que as correlações genotípicas e fenotípicas com a produção média (PMG) tendem a maior magnitude com as últimas produções, indicando que colheitas adicionais podem aumentar o nível de confiabilidade da predição do valor real. Neste sentido, estudo mais detalhado desta característica foi também realizado.

4.3. Análise de repetibilidade do caráter produção de grãos

Os coeficientes de repetibilidade (r) e de determinação (R^2) para produção de grãos, estimados pela média de quatro colheitas, com base nos métodos de análise de variância com efeito de ambiente removido do erro

(método 1) e de componentes principais, obtidos da matriz de correlação (método 2) e de covariância (método 3), são mostrados no Quadro 9. Pode-se verificar que os três métodos utilizados proporcionam diferentes estimativas do coeficiente de repetibilidade. Estes resultados indicam a necessidade de utilizar os vários métodos disponíveis para a obtenção da estimativa deste coeficiente, no sentido de se obter um intervalo preciso, dentro do qual, com maior probabilidade, se encontrará o valor real para este parâmetro.

O menor valor de r (0,32) foi alcançado através do método da análise da variância com efeito do ambiente removido do erro - método 1, enquanto o maior (0,52), através do método dos componentes principais obtido da matriz de covariância - método 3.

Os métodos de estimação por meio da técnica dos componentes principais, métodos 2 e 3, levam em consideração, respectivamente, as matrizes de correlação e de variâncias e covariâncias fenotípicas estimadas para cada par de medições realizadas (CRUZ e REGAZZI, 1994). Este fato indica que para espécies como o café, que apresentam ciclo de produção bianual, as referidas metodologias podem estimar de forma mais eficiente o coeficiente de repetibilidade. Em tais espécies, altas produções em determinados anos levam, freqüentemente, à obtenção de menores valores no ano subsequente, e este efeito pode variar de diferentes maneiras e intensidade entre os genótipos avaliados.

O maior valor observado na estimativa do coeficiente de repetibilidade através dos métodos dos componentes principais denota diferenças expressivas no comportamento dos diferentes genótipos no que se refere à bianuidade do caráter estudado.

Segundo CRUZ e REGAZZI (1994), o método da análise de variância pode não eliminar este componente adicional do erro experimental e, dessa forma, levar a uma estimativa subdimensionada da repetibilidade, à semelhança do que foi também verificado por CORNACCHIA et al. (1995), ao estimarem a repetibilidade do caráter volume de madeira em duas espécies de *Pinus*. No entanto, DIAS e KAGEYAMA (1998), ao estudarem a repetibilidade de vários caracteres em cacau, constataram não haver diferenças apreciáveis entre o

método de análise de variância e o dos componentes principais, fato

que, segundo os autores, indica a grande regularidade na expressão destes caracteres naquela espécie.

Embora os valores de r mostrem-se, relativamente, de baixa magnitude, observa-se boa acurácia para predição do valor real dos indivíduos, estimada pelo coeficiente de determinação (R^2), variando entre 65,32 e 81,59%, sendo, portanto, esta a confiabilidade alcançada quando se utilizam quatro colheitas para se predizer o comportamento de diferentes genótipos da variedade Conillon.

Na simulação do número de colheitas (n) necessário para obtenção de diferentes coeficientes de determinação, observa-se que o aumento de n não contribui de forma expressiva para o aumento da precisão da predição do valor real (Quadro 9), sendo necessário expressivo aumento no número de colheitas para obtenção de, relativamente, pouco aumento de precisão.

Ao se estabelecer o número de medidas, é de fundamental importância que se considerem o tempo necessário e o custo despendido para que se alcance um determinado nível de confiabilidade. Na Figura 1 estima-se que, ao se aumentar o número de colheitas de quatro para seis, a precisão obtida, dependendo do método utilizado, aumenta para valores entre 73,84 e 86,92%. A partir da sexta colheita, contudo, este aumento passa a ser inexpressivo, não sendo mais justificada sua utilização.

4.4. Análise discriminante

Procurou-se, inicialmente, verificar a adequação da formação das três variedades de café: EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131, em relação à classificação de seus clones, considerando-se 17 caracteres. Para isso, utilizou-se a técnica multivariada, denominada função discriminante, proposta por ANDERSON (1958), a qual pressupõe a otimização da classificação dos genótipos quando se considera, simultaneamente, um conjunto de caracteres tomados em cada um deles.

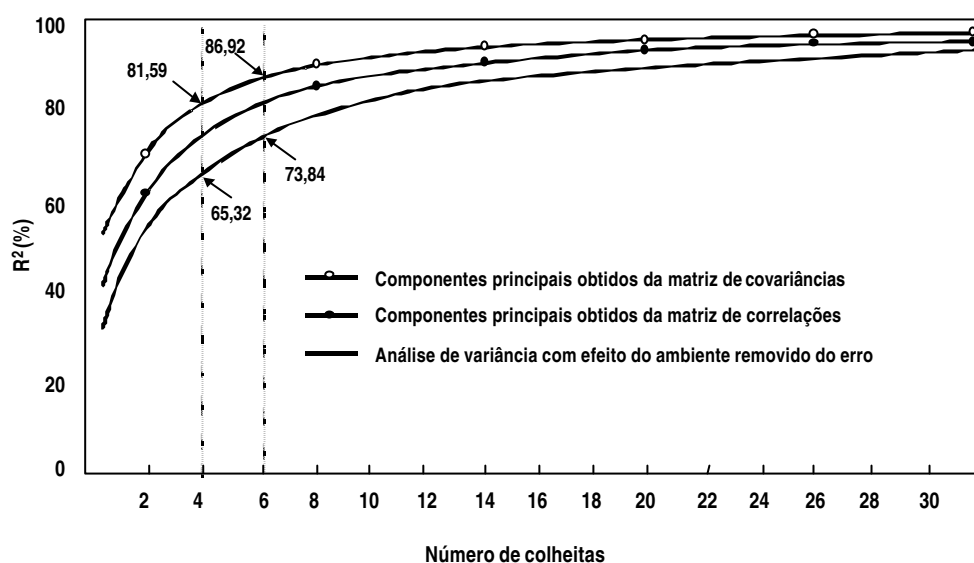


Figura 1 - Estimativa do coeficiente de determinação (R^2) em função do número de colheitas obtidas por diferentes métodos de estimação da repetibilidade.

Assim, foram obtidas as funções discriminantes dos grupos 1 $D_1(x)$, 2 $D_2(x)$ e 3 $D_3(x)$, utilizando-se os dados das próprias populações π_1 (EMCAPA 8111), π_2 (EMCAPA 8121) e π_3 (EMCAPA 8131), conforme as seguintes expressões:

$$D_1(x) = -2312,426 - 3,855 \times P1000 + 0,919 \times M13 - 7,249 \times M12 + 2,594 \times GCH - 89,900 \times GCO + 206,524 \times IR + 277,802 \times PGCH - 0,289 \times EC - 8,220 \times PS13 - 29,777 \times NHP + 121,329 \times DMC + 259,574 \times AMP - 110,445 \times P89 - 110,385 \times P90 - 110,451 \times P91 - 110,398 \times P92 + 441,777 \times PMG$$

$$D_2(x) = -2380,046 - 3,867 \times P1000 + 0,952 \times M13 - 7,378 \times M12 + 2,649 \times GCH - 91,897 \times GCO + 210,460 \times IR + 281,435 \times PGCH + 0,172 \times EC - 8,369 \times PS13 - 30,063 \times NHP + 123,468 \times DMC + 259,822 \times AMP - 110,254 \times P89 - 110,187 \times P90 - 110,258 \times P91 - 110,207 \times P92 + 441,008 \times PMG$$

$$D_3(x) = -2321,157 - 3,856 \times P1000 + 0,942 \times M13 - 7,270 \times M12 + 2,690 \times GCH - 93,932 \times GCO + 207,415 \times IR + 277,992 \times PGCH + 2,350 \times EC - 8,222 \times PS13 - 30,138 \times NHP + 122,886 \times DMC + 255,327 \times AMP - 113,366 \times P89 - 113,303 \times P90 - 113,374 \times P91 - 113,320 \times P92 + 453,462 \times PMG$$

Dessa forma, cada função discriminante é uma combinação linear dos 17 caracteres relacionados a seguir: peso médio de 1.000 grãos chatos (P1000); percentual de grãos “moca” retidos em peneira 13 (M13) e 12 (M12); percentual de grãos chatos (GCH) e “concha” (GCO); índice de rendimento de beneficiamento (IR); peneira média de grãos “chatos” (PGCH); época de colheita (EC); percentual de grãos chatos com peneira média superior a 13 (PS13); número de hastes ortotrópicas por planta (NHP); diâmetro médio da copa (DMC); altura média da planta (AMP); produção média por planta nos anos de 1989 (P89), 1990 (P90), 1991 (P91) e 1992 (P92); e média dos quatro anos (PMG).

As variáveis produção média dos quatro anos (PMG), percentual de grãos “moca” (GMO) e percentual de grãos “moca” retidos em peneira 11 (M11) não foram utilizadas nesta etapa do trabalho, por apresentarem-se fortemente correlacionadas a outras variáveis já consideradas, o que condicionaria a existência de colinearidade forte, comprometendo assim os resultados da análise.

Pelo critério de classificação de ANDERSON (1958), classifica-se o i -ésimo material genético com vetor de média X_i na população π_j ($j = 1, 2$ ou 3) se, e somente se, $D_j(x_i)$ for o maior entre os elementos do conjunto $\{D_1(x_i), D_2(x_i), D_3(x_i)\}$. Assim, um determinado genótipo foi classificado como mais adequadamente enquadrado no grupo 1, no caso de a função $D_1(x)$ apresentar o maior valor entre as três funções obtidas, e assim sucessivamente.

No Quadro 10 é apresentada a classificação dos genótipos nos três grupos considerados, 1, 2 e 3, com as respectivas estimativas das funções discriminantes, segundo a metodologia de ANDERSON (1958). Verifica-se ter

Quadro 10 - Estimativas das funções discriminantes para os genótipos de *Coffea canephora* componentes das variedades EMCAPA 8111, EMCAPA 8121, EMCAPA 8131, com sua respectiva classificação, segundo a metodologia de ANDERSON (1958)

Grupo original	Genótipo	$D_1(x)$	$D_2(x)$	$D_3(x)$	Classificação obtida ^{1/}
Grupo 1	ES 01	2359,546	2358,133	2356,007	1
	ES 02	2272,189	2271,738	2268,526	1
	ES 05	2360,238	2358,807	2356,885	1
	ES 37	2263,887	2261,327	2259,349	1
	ES 07	2253,489	2250,332	2250,666	1
	ES 08	2320,021	2318,232	2317,413	1
	ES 09	2331,150	2330,367	2329,837	1
	ES 10	2291,992	2289,566	2289,029	1
	ES 22	2339,572	2339,200	2338,939	1
Grupo 2	ES 11	2467,127	2468,490	2466,540	2
	ES 12	2536,076	2540,416	2536,236	2
	ES 13	2314,282	2315,984	2313,055	2
	ES 14	2414,339	2415,302	2413,916	2
	ES 15	2313,445	2312,622	2311,363	1
	ES 16	2259,783	2260,202	2258,525	2
	ES 18	2433,636	2435,936	2433,493	2
	ES 19	2337,133	2338,025	2336,144	2
	ES 20	2388,374	2390,766	2388,102	2
	ES 23	2347,729	2348,314	2348,479	3
	ES 24	2462,522	2464,426	2461,438	2
	ES 25	2297,549	2299,850	2297,393	2
	ES 30	2311,407	2312,013	2309,869	2
	ES 28	2384,141	2387,568	2384,452	2
Grupo 3	ES 26	2316,126	2317,207	2319,474	3
	ES 27	2337,493	2337,407	2340,104	3
	ES 31	2265,599	2267,371	2269,697	3
	ES 34	2240,195	2238,839	2241,862	3
	ES 36	2344,685	2345,856	2346,999	3
	ES 92	2390,710	2389,547	2391,900	3
	ES 38	2277,619	2278,848	2281,086	3
	ES 39	2353,117	2353,854	2355,566	3
	ES 21	2319,686	2321,860	2323,970	3

^{1/} Grupos 1, 2 e 3.

Taxa de erro aparente = 6,25% (ES 15 - classificação original = grupo 2, e ES 23 - classificação original = grupo 2).

havido um agrupamento adequado para a grande maioria dos genótipos, à exceção dos genótipos ES 15 e ES 23, os quais foram classificados nos grupos 1 e 3, respectivamente, quando originariamente foram classificados como pertencentes ao grupo 2, acarretando uma taxa de erro aparente de 6,25%.

Estes resultados são suficientes para permitir a afirmação de que a formação dos grupos de genótipos que compõem as variedades clonais EMCAPA 8111 e EMCAPA 8131 é bastante adequada, podendo, contudo, ser melhorada na variedade EMCAPA 8121 pela exclusão dos genótipos ES 15 e ES 23.

A inclusão destes genótipos no grupo de clones que compõem as outras variedades, conforme indicado pela metodologia utilizada, pode ser feita, desde que se cuide para que esta inclusão não contribua para prejuízo do desempenho destas, uma vez que aspectos importantes como a compatibilidade genética entre os clones de uma certa variedade devem ser considerados.

Embora a taxa de erro aparente tenha sido baixa, para utilização desta metodologia na classificação de outros genótipos nestes três grupos, deve-se refazer a estimativa das funções discriminantes, uma vez que é recomendável que os genótipos ES 15 e ES 23 sejam alocados nos grupos indicados ou, de outra forma, eliminados da população de referência, de modo a se obter uma taxa de erro aparente nula, o que daria às novas funções discriminantes maior consistência estatística para a discriminação de genótipos de comportamento desconhecido, à semelhança do que verificou FERREIRA (1995) ao classificar genótipos de arroz desconhecidos relativamente à sua tolerância a toxidez de alumínio. Neste caso, entretanto, os genótipos utilizados para a obtenção da estimativa das funções discriminantes para tolerância ou não à toxidez de alumínio tinham seu comportamento já bem conhecido.

Neste trabalho, foram refeitas as estimativas das funções discriminantes, considerando os genótipos ES 15 no grupo 1 e ES 23 no grupo 3, conforme indicado pela análise. Obteve-se, assim, a partir das novas funções discriminantes apresentadas a seguir, a classificação dos demais genótipos estudados (Quadro 11).

Quadro 11 - Estimativas das funções discriminantes para os demais genótipos de *Coffea canephora* estudados, com sua respectiva classificação, segundo a metodologia de ANDERSON (1958), considerando nula a taxa de erro aparente

Genótipo	D ₁ (x)	D ₂ (x)	D ₃ (x)	Classificação ^{1/}
ES 60	2168,385	2163,887	2165,829	1
ES 61	2433,060	2434,997	2435,973	3
ES 62	2198,993	2195,684	2200,118	3
ES 63	2692,618	2696,889	2693,344	2
ES 03	2066,052	2061,860	2067,438	3
ES 64	2452,662	2454,347	2454,929	3
ES 65	2312,634	2313,016	2311,614	2
ES 66	2148,890	2145,825	2146,887	1
ES 67	2500,610	2501,557	2504,975	3
ES 68	2490,791	2493,373	2491,655	2
ES 69	2321,428	2320,615	2319,721	1
ES 70	2149,295	2147,656	2152,119	3
ES 71	2188,514	2188,407	2187,860	1
ES 72	2426,729	2429,376	2424,903	2
ES 73	2647,870	2652,639	2647,188	2
ES 74	2274,273	2275,558	2273,123	2
ES 75	2309,951	2308,897	2308,922	1
ES 76	2366,171	2368,619	2368,705	3
ES 77	2200,172	2199,151	2199,852	1
ES 78	2590,932	2595,715	2591,682	2
ES 79	2235,280	2233,858	2232,216	1
ES 80	2165,339	2164,170	2168,709	3
ES 81	2278,710	2278,050	2279,940	3
ES 82	2208,026	2208,138	2209,897	3
ES 83	2341,747	2341,255	2342,023	3
ES 84	2342,661	2342,324	2341,847	1
ES 85	2566,169	2570,250	2569,864	2
ES 86	2155,503	2151,016	2154,207	1
ES 87	2310,039	2308,731	2309,586	1
Sem c	2481,896	2482,730	2474,715	2
ES 35	2253,623	2250,421	2251,539	1
ES 88	2413,629	2412,993	2413,864	3
ES 89	2155,369	2151,104	2156,537	3
ES 90	2234,768	2231,801	2237,988	3
ES 91	2146,033	2140,014	2144,403	1
ES 06	2423,343	2426,862	2424,983	2
ES 93	2460,039	2461,380	2464,595	3
ES 94	2247,006	2242,858	2247,479	3
Sem b	2132,924	2128,172	2125,124	1
Sem a	2299,639	2298,022	2290,966	1
ES 95	2367,625	2365,751	2367,241	1
ES 96	2625,145	2627,769	2367,192	2
ES 97	2336,357	2333,799	2334,964	1
ES 98	2126,598	2122,955	2127,396	3
ES 17	2430,418	2427,529	2429,065	1
ES 99	2196,835	2193,959	2195,518	1
ES 100	2161,006	2157,678	2163,737	3
ES 101	2476,456	2478,698	2484,273	3

$$D_1(x) = -2312,792 - 3,861 \times P1000 + 0,945 \times M13 - 7,270 \times M12 + 2,583 \times GCH - 89,885 \times GCO + 205,946 \times IR + 277,960 \times PGCH - 0,256 \times EC - 8,214 \times PS13 - 29,708 \times NHP + 121,158 \times DMC + 260,113 \times AMP - 111,952 \times P89 - 111,894 \times P90 - 111,959 \times P91 - 111,906 \times P92 + 447,809 \times PMG$$

$$D_2(x) = -2389,027 - 3,887 \times P1000 + 0,957 \times M13 - 7,383 \times M12 + 2,672 \times GCH - 91,779 \times GCO + 210,571 \times IR + 282,248 \times PGCH - 0,010 \times EC - 8,405 \times PS13 - 30,076 \times NHP + 124,425 \times DMC + 258,295 \times AMP - 109,233 \times P89 - 109,165 \times P90 - 109,237 \times P91 - 109,185 \times P92 + 436,921 \times PMG$$

$$D_3(x) = -2324,180 - 3,830 \times P1000 + 0,917 \times M13 - 7,267 \times M12 + 2,675 \times GCH - 94,084 \times GCO + 208,556 \times IR + 277,569 \times PGCH + 2,363 \times EC - 8,215 \times PS13 - 30,212 \times NHP + 122,180 \times DMC + 257,094 \times AMP - 112,793 \times P89 - 112,728 \times P90 - 112,800 \times P91 - 112,747 \times P92 + 451,166 \times PMG$$

4.5. Análises multivariadas para o estudo de divergência genética

Estudou-se, inicialmente, a divergência genética entre os 32 clones componentes das três variedades clonais, EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131, objetivando a identificação dos mais divergentes. Posteriormente, estudou-se a divergência dos clones componentes de cada uma destas três variedades mencionadas, com o objetivo de se inferir a respeito da amplitude da base genética existente em cada uma, de forma a se verificar a adequação da constituição destas, bem como conhecer a possibilidade de redução do número de clones sem prejuízo acentuado de sua base genética.

Estudos de divergência genética são de grande importância no melhoramento de plantas, em razão de fornecerem estimativas de parâmetros para a identificação de progenitores que, quando em programas de cruzamentos, possibilitam combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior probabilidade de recuperação de genótipos superiores nas gerações

segregantes (CRUZ et al., 1994b), além de proverem informações sobre os recursos disponíveis e auxiliar na localização e no intercâmbio destes (CRUZ e REGAZZI, 1994; CRUZ et al., 1994c) e de facilitarem na inferência a respeito da base genética de determinada população. O efeito heterótico de híbridos oriundos do cruzamento de progenitores divergentes é função dos efeitos da dominância dos genes para a característica em questão e do quadrado da diferença das freqüências gênicas dos progenitores, além dos efeitos epistáticos (FALCONER, 1981; GHADERI et al., 1984; ALI et al., 1995).

Para obtenção das medidas de dissimilaridade genética, do agrupamento dos genótipos em grupos dissimilares e da dispersão gráfica destes, foram utilizadas, respectivamente, as seguintes estatísticas multivariadas: distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$) e distância euclidiana média ($d_{ii'}$); método de otimização de Tocher; e análise de variáveis canônicas.

Para a obtenção das estimativas de $D^2_{ii'}$ e das variáveis canônicas, realizaram-se análises utilizando-se as variáveis NHP, DMC, AMP, P89, P90, P91 e P92, avaliadas em quatro repetições (Quadro 7). E para a obtenção das estimativas das distâncias euclidianas, utilizaram-se as médias de 16 características, as sete descritas anteriormente, além de GCH, GCO, M13, M12, PS13, P1000, PGCH, EC e IR (Quadro 5), sendo estas últimas avaliadas em apenas uma repetição. Em função da forte colinearidade identificada pela presença dos caracteres PMG, GMO e M11, estes não foram considerados nesta etapa do trabalho.

A visualização gráfica da divergência foi obtida pela dispersão dos genótipos em função dos escores obtidos a partir das primeiras variáveis canônicas nos eixos perpendiculares, obedecendo ao critério de absorção mínima de 80% de variação total disponível, conforme referendado por CRUZ e REGAZZI (1994). Os resultados da representação gráfica foram combinados com os de agrupamento pelo método de Tocher, de modo a permitir melhor inspeção visual dos grupos formados.

4.5.1. Divergência genética entre os 32 genótipos componentes das variedades clonais EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131

4.5.1.1. Dissimilaridade genética entre 32 genótipos, estimada pela distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$) e pela distância Euclidiana média ($d_{ii'}$)

No Quadro 12 são apresentadas as medidas de dissimilaridade genética, estimada pela distância generalizada de Mahalanobis, entre os pares de genótipos componentes das variedades clonais EMCAPA 8111 (tratamentos 1 a 9), EMCAPA 8121 (tratamentos 10 a 23) e EMCAPA 8131 (tratamentos 24 a 32).

Os genótipos ES 02 (tratamento 2) e ES 25 (tratamento 21) mostraram-se como os mais dissimilares entre todos os demais pares estudados, com $D^2_{ii'}$ igual a 87,742, e os genótipos ES 07 (tratamento 5) e ES 08 (tratamento 6) como os mais similares, com $D^2_{ii'}$ igual a 0,674. O genótipo ES 25 destacou-se como um dos mais dissimilares do grupo, estando envolvido em 21 entre as 31 maiores distâncias observadas, além de apresentar a segunda, terceira e quarta maiores distâncias registradas, respectivamente, com os genótipos ES 26, ES 11 e ES 01.

O genótipo ES 92, embora presente em apenas quatro pares, entre aqueles nos quais foram observadas as maiores distâncias, mostrou-se também, à semelhança do genótipo ES 25, como um dos mais dissimilares, tendo em vista a magnitude dos valores das distâncias observadas com praticamente todos os demais genótipos estudados.

Pôde-se observar, como era de se esperar, que a maioria entre as maiores distâncias foi detectada entre pares de genótipos componentes de diferentes variedades clonais, ocorrendo apenas uma vez entre genótipos pertencentes às variedades EMCAPA 8111 (ES 02 e ES 09) e EMCAPA 8131 (ES 92 e ES 34). Contudo, entre genótipos da variedade EMCAPA 8121 foram constatadas nove entre as maiores distâncias, exatamente entre pares envolvendo o genótipo ES 25.

Por outro lado, as menores distâncias entre genótipos não foram, necessariamente, observadas entre genótipos de uma mesma variedade, caracterizando assim o fato de que nem sempre os cruzamentos de maior interesse encontram-se entre germoplasmas de variedades distintas. Resultado similar foi encontrado em cacau, em que DIAS et al. (1997) constataram a existência de divergência entre clones de populações cacaueiras baianas, sugerindo a viabilidade de seleção e hibridação nestas populações, contrariando o paradigma de uniformidade nestas populações.

A divergência genética entre estes 32 genótipos foi, também, avaliada pela distância euclidiana média, pelo fato de a referida metodologia considerar nas estimativas das distâncias apenas a matriz de covariâncias fenotípicas, sendo assim possível a inclusão das variáveis avaliadas em apenas uma repetição. Procurou-se, desta forma, verificar a possibilidade de estabelecer analogias entre ambas as metodologias, distância euclidiana média e distância generalizada de Mahalanobis, e inferir a viabilidade ou não da inclusão das referidas variáveis na discriminação dos genótipos em questão.

No Quadro 13 encontram-se as medidas de dissimilaridade estimadas pela distância euclidiana média, com base na média de 16 características, para os 32 genótipos. De forma semelhante à observada pela estimativa da dissimilaridade genética obtida pela distância generalizada de Mahalanobis (Quadro 12), verifica-se, também, que a grande maioria das maiores distâncias entre genótipos é encontrada entre materiais genéticos componentes de diferentes variedades. Observa-se ainda que em apenas quatro casos, entre os genótipos ES 07 e ES 37; ES 08 e ES 05; ES 11 e ES 14; e ES 13 e ES 28, as menores distâncias ocorreram entre genótipos de uma mesma variedade, uma vez mais caracterizando que, por si só, cruzamentos entre clones de grupos distintos não oferecem garantia de obtenção de heterose, apesar de, na maioria dos casos, serem estes os cruzamentos de maior interesse, não se podendo desprezar certos cruzamentos específicos entre clones componentes de um mesmo grupo, especialmente quando aliam divergência genética a um bom desempenho individual em relação a características de importância econômica

(CRUZ et al., 1994b; SANTOS et al., 1994; AMARAL JÚNIOR,

1996; DIAS et al., 1997). A hibridação entre genótipos bem adaptados às condições locais é de grande importância no melhoramento. Neste sentido, VELLO et al. (1972) verificaram maior produção em muitas combinações híbridas entre clones locais de cacauzeiros baianos, com aparente menor diversidade genética, do que entre híbridos oriundos de cruzamentos entre estes e clones “Trinitários” introduzidos.

No entanto, observa-se também no Quadro 13 que os genótipos ES 28 e ES 27 mostraram-se como os dois mais divergentes em relação aos demais, estando envolvidos na maioria dos pares nos quais foram registradas as maiores distâncias, ao passo que na análise da dissimilaridade através da distância generalizada de Mahalanobis (Quadro 12) os genótipos ES 25 e ES 92 foram indicados como os mais dissimilares do grupo. Da mesma forma, não se verifica também coincidência entre ambas as metodologias em relação aos genótipos responsáveis pela menor distância, tendo sido apontados pela distância euclidiana média os genótipos ES 14 e ES 11 como os mais próximos.

A estimativa de dissimilaridade genética realizada com a utilização de diferentes variáveis pode levar à obtenção de resultados totalmente distintos. Ademais, na estimativa da distância generalizada de Mahalanobis considera-se a matriz de covariâncias residuais, além da matriz de covariâncias fenotípicas, como um método mais preciso, tendo em vista levar em consideração as possíveis correlações existentes entre as variáveis estudadas (CRUZ e REGAZZI, 1994).

Variáveis consideradas importantes na discriminação de genótipos com vistas a oferecer subsídios ao estabelecimento de programas de melhoramento de determinada característica devem ser incluídas na análise de divergência genética, especialmente aquelas relacionadas a aspectos econômicos importantes (DIAS et al., 1997). Contudo, pode ser inapropriada a inclusão de variáveis que se apresentem fortemente correlacionadas a outras já consideradas no estudo. No Quadro 2A pode-se observar a existência de correlações fenotípicas de magnitudes relativamente elevadas ($>0,5$) entre algumas variáveis.

De acordo com PEREIRA (1989), a estimativa da dissimilaridade genética através da utilização da distância euclidiana deve ser, preferencialmente, utilizada em situações nas quais o número de genótipos é demasiadamente grande, como em bancos de germoplasmas, e nas quais, segundo CRUZ et al. (1994c), normalmente não se dispõe de recursos experimentais para a quantificação das influências não-genéticas que atuam simultaneamente sobre os vários caracteres.

A aplicação de métodos multivariados permite, nestes casos, quantificar a divergência existente nas coleções; identificar grupos similares que possam constituir-se em duplicatas; e otimizar as coleções através da identificação dos caracteres mais informativos para a divergência, reduzindo-se assim o custo de manutenção destas e provendo informações úteis na proposição de programas de melhoramento, permitindo, adicionalmente, informações sobre a origem e evolução (PEREIRA, 1989; DIAS et al., 1997).

Em situações de número de acessos muito elevado, CRUZ et al. (1991) sugerem a estratégia de subdivisão destes, tomando-se por base os caracteres de maior interesse do melhorista, e somente então a divergência é avaliada dentro do grupo de acessos-elite e entre este e os demais grupos obtidos.

Contudo, na seleção de genótipos para estabelecimento de programas de melhoramento, que considerem cruzamentos dirigidos entre pares de genótipos individuais mais divergentes, visando a obtenção de híbridos heteróticos com manifestação de indivíduos superiores nas progênes, deve-se considerar que a precisão oferecida pelas estimativas realizadas através da distância generalizada de Mahalanobis, especialmente em situações nas quais participem variáveis correlacionadas, pode contribuir substancialmente para a robustez dos resultados (DIAS, 1998).

No sentido de avaliar a importância dos aspectos anteriormente mencionados, procedeu-se à obtenção da estimativa da distância euclidiana média utilizando-se apenas as mesmas sete variáveis consideradas na obtenção da estimativa da matriz de distâncias generalizadas de Mahalanobis para os mesmos genótipos (Quadro 14). Observa-se que, embora a maioria

das maiores distâncias sejam, também neste caso, observadas em pares envolvendo os genótipos ES 92 e ES 25, não há concordância completa entre ambas as metodologias na discriminação dos pares mais dissimilares. A não-existência de analogia entre ambos os métodos pode ser explicada, conforme CRUZ et al. (1994c), pela existência de uma matriz de covariâncias residuais que difere significativamente da matriz identidade.

Segundo CRUZ e REGAZZI (1994), apenas nas situações nas quais as correlações entre os caracteres forem estatisticamente nulas haverá perfeita correspondência entre as duas medidas de dissimilaridade em questão, o que não ocorreu no presente trabalho, conforme pode-se verificar no Quadro 8, no qual são apresentadas as estimativas das correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente, entre os caracteres considerados.

4.5.1.2. Agrupamento pelo método de Tocher dos 32 genótipos das três variedades clonais

De acordo com CRUZ e REGAZZI (1994), no agrupamento pelo método de Tocher adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo seja menor do que as distâncias médias entre quaisquer grupos. Dessa forma, para o estabelecimento dos grupos, identificou-se inicialmente na matriz de dissimilaridade o par de materiais mais similares para compor o primeiro grupo. A partir daí foi avaliada a possibilidade de inclusão de novos materiais neste grupo, considerando-se que a entrada de cada um novo material num grupo sempre aumenta o valor médio da distância dentro deste, até um valor máximo permitido, que pode ser arbitrariamente estabelecido ou, como neste caso em particular, corresponder ao valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada par de materiais.

No Quadro 15 encontra-se o agrupamento obtido pelo método de Tocher, utilizando-se como medida de dissimilaridade genética a distância generalizada de Mahalanobis. Observa-se a formação de três grupos de

Quadro 15 - Agrupamento pelo método de Tocher, de 32 genótipos de *Coffea canephora* componentes das três variedades clonais da EMCAPA, com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis estimada a partir de sete caracteres

Grupo	Subgrupo	Tratamento/Genótipo
I	I a	5(ES 07), 6(ES 08), 17(ES 19), 31(ES 39), 32(ES 21), 15(ES 16), 23(ES 28), 13(ES 14)
	I b	11(ES 12), 27(ES 34), 22(ES 30), 14(ES 15)
	I c	18(ES 20), 20(ES 24), 28(ES 36), 07(ES 09)
	I d	10(ES 11), 25(ES 27), 24(ES 26), 03(ES 05)
	I e	16(ES 18), 26(ES 31), 19(ES 23)
	I f	1(ES 01), 02(ES 02)
	I g	12(ES 13)
	I h	30(ES 38)
	I i	08(ES 10)
	I j	04(ES 37)
II		9(ES 22), 21(ES 25)
III		29(ES 92)

genótipos, sendo o primeiro deles subdividido em 10 subgrupos, de forma a facilitar a interpretação dos resultados, uma vez que o referido grupo reuniu 29 dos 32 materiais estudados.

Verifica-se que o genótipo ES 92 mostrou-se como um dos mais divergentes, constituindo o grupo III, seguido pelos genótipos ES 22 e ES 25, ambos no grupo II. Os genótipos ES 37, ES 10, ES 38 e ES 13 mostraram-se como os mais divergentes dentro do grupo I, formando, cada um deles, um subgrupo: Ij, Ii, Ih e Ig, respectivamente. Os genótipos ES 07 e 08, entre os quais foi observada a menor distância genética, aparecem no subgrupo Ia, juntamente com os genótipos ES 19, ES 39, ES 21, ES 16, ES 28 e ES 14.

Em quaisquer dos grupos ou subgrupos formados por mais de um observa-se que participam materiais genéticos de pelo menos duas das três variedades estudadas. Este fato demonstra que, embora cada variedade seja

composta de clones morfológicamente semelhantes, não são, necessariamente, os mais próximos do ponto de vista genético.

Neste trabalho, à semelhança do verificado por DIAS et al. (1997) em diferentes acessos de cacau, não foi possível o estabelecimento de uma relação entre as distâncias obtidas, bem como dos grupos estabelecidos, com o local de coleta dos materiais genéticos, já que clones classificados em um mesmo grupo foram selecionados em diferentes locais (Quadro 1). Isto se deve, presumivelmente, ao expressivo intercâmbio de sementes, muito freqüente entre os produtores dos diferentes municípios da região na qual os genótipos foram selecionados, notadamente por ocasião do estabelecimento da espécie. Contudo, espera-se que coletas de novos materiais em locais distintos daqueles até o momento mais explorados possam contribuir para a obtenção de indivíduos mais divergentes, capazes de permitir ampliação ainda mais satisfatória da base genética disponível quando em futuras recombinações.

No Quadro 16 é apresentado o agrupamento dos mesmos genótipos, porém com base na distância euclidiana média, estimada a partir das 16 características já mencionadas. Observa-se a formação de sete grupos, quatro dos quais, os grupos IV, V, VI e VII, envolvendo apenas um genótipo: ES 07, ES 08, ES 92 e ES 27, respectivamente. O grupo II encontra-se formado pelos genótipos ES 25, ES 30 e ES 36, e o grupo III, por ES 13 e ES 14. O grupo I foi subdividido em nove subgrupos, pelo fato de ter acumulado 23 dos 32 materiais.

Comparando os resultados dos agrupamentos obtidos pela utilização das duas metodologias, notam-se, apenas, algumas poucas coincidências, naturalmente em vista das particularidades já mencionadas que envolvem cada uma delas. O genótipo ES 92, em ambos os casos, constitui-se em um grupo isolado, não sendo, contudo, neste último caso, destacado como o mais divergente.

Verifica-se, ainda no Quadro 16, que os genótipos ES 22 e ES 25, ao contrário do observado no agrupamento obtido a partir da distância

Quadro 16 - Agrupamento pelo método de Tocher, de 32 genótipos de *Coffea canephora* componentes das três variedades clonais da EMCAPA, com base na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média estimada a partir de 16 caracteres

Grupo	Subgrupo	Tratamento/Genótipo
I	I a	10(ES 11), 13(ES 14), 3(ES 05), 01(ES 01), 2(ES 02), 19(ES 23)
	I b	24(ES 26), 26(ES 31), 16(ES 18), 14(ES 15)
	I c	17(ES 19), 32(ES 21)
	I d	9(ES 22), 27(ES 34), 20(ES 24), 11(ES 12), 18(ES 20)
	I e	8(ES10), 31(ES 39)
	I f	15(ES16)
	I g	07(ES 09)
	I h	30(ES 38)
	I i	04(ES 37)
II		21(ES25), 22(ES 30),28(ES 36)
III		12(ES 13), 13(ES 14)
IV		05(ES 07)
V		06(ES 08)
VI		29(ES 92)
VII		25(ES 27)

generalizada de Mahalanobis, aparecem em grupos distintos e cada um deles acompanhado de vários outros genótipos, caracterizando o fato de que, embora sejam considerados similares em relação às primeiras sete variáveis, apresentam-se expressivamente dissimilares ao se considerar todo o conjunto delas.

Pelas razões já discutidas anteriormente, entende-se ser mais prudente, no presente estudo, que se considerem os resultados obtidos pelo agrupamento a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis obtidas pela utilização das variáveis de maior interesse para o trabalho em questão, uma vez que, quando realizado através da distância euclidiana média, considerando apenas as mesmas sete variáveis utilizadas no primeiro caso, não se verificou também coincidência completa, mas apenas em destacar os genótipos ES 92 e ES 25

como os mais divergentes do grupo, cada um deles correspondendo a um grupo isolado, conforme se pode verificar no Quadro 17.

Quadro 17 - Agrupamento pelo método de Tocher, de 32 genótipos de *Coffea canephora* componentes das três variedades clonais da EMCAPA, com base na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média estimada a partir de sete caracteres

Grupo	Tratamento / Genótipo
I	5(ES 07), 6(ES 08), 17(ES 19), 31(ES 39), 32(ES 21), 15(ES 16), 7(ES 09), 3(ES 05), 13(ES 14), 23(ES 28), 10(ES 11), 2(ES 02), 19(ES 23), 30(ES 38), 14(ES 15), 1(ES 01), 24(ES 26), 26(ES 31), 22(ES 30), 25(ES 27), 11(ES 12), 27(ES 34), 18(ES 20), 20(ES 24), 9(ES 22), 8(ES 10), 4(ES 37), 16(ES 18), 28(ES 36)
II	12(ES 13)
III	21(ES 25)
IV	29(ES 92)

CRUZ et al. (1994c), ao contrário, verificaram alto grau de concordância entre quatro diferentes metodologias para a estimativa da divergência genética entre cultivares de milho, entre elas a distância generalizada de Mahalanobis e a distância euclidiana média obtida a partir dos dados padronizados, com coeficientes de correlação entre elas sempre superior a 0,93. Segundo estes autores, este fato reflete a fidedignidade das técnicas euclidianas e dos componentes principais, a despeito da existência de correlações residuais entre caracteres.

4.5.1.3. Variáveis canônicas estimadas a partir de sete variáveis, para os 32 genótipos componentes das três variedades clonais

A utilização da metodologia das variáveis canônicas no estudo de divergência genética teve como propósito a identificação de genótipos mais dissimilares em gráficos de dispersão bidimensionais, buscando-se simplificação na interpretação dos resultados, em adição ao método de agrupamento de Tocher.

A viabilidade de utilização da técnica das variáveis canônicas em estudos de divergência genética, de forma que haja grau desprezível de distorção na transposição de um espaço n-dimensional para o bidimensional, encontra-se na dependência de que os duas primeiras variáveis canônicas acumulem um mínimo de 80% da variação total disponível (CRUZ e REGAZZI, 1994). De acordo com estes autores, quando estes limites não são alcançados torna-se necessária a complementação em relação à terceira e, se necessário, a outras de ordem superior até que se atinja o limite requerido, de tal forma que o grau de distorção se torne desprezível.

O Quadro 18 contém as estimativas dos autovalores (λ_i), correspondentes às variáveis canônicas (VC_i), as variações acumuladas e os respectivos coeficientes de ponderação (autovetores) associados às variáveis originais. Nota-se que, em função da necessidade de acúmulo de mais de 80% da variação total, há necessidade da utilização das quatro primeiras variáveis canônicas, acumulando assim 83,89% da variação disponível. Dessa forma, nesta etapa do trabalho, foram utilizados três gráficos de dispersão: um envolvendo as duas primeiras variáveis canônicas (Figura 2), outro, a primeira e a terceira (Figura 3), e o último, a primeira e a quarta variáveis canônicas (Figura 4).

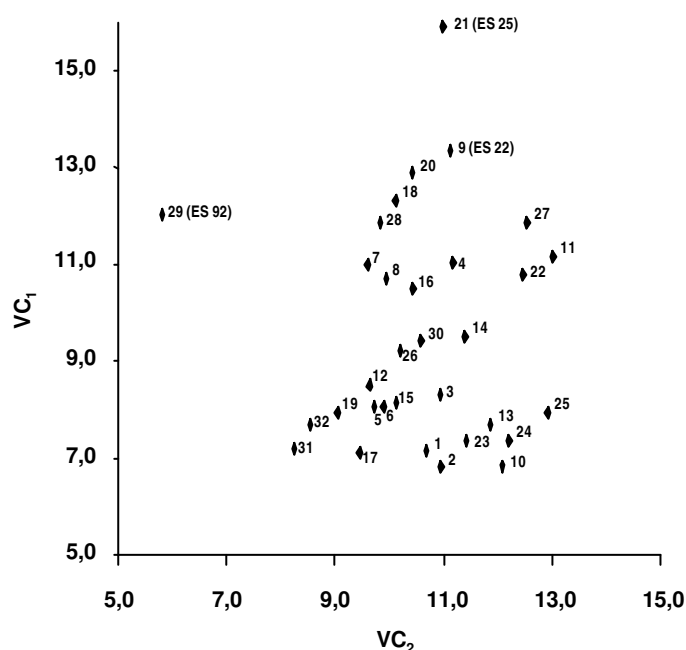
Na Figura 2, distingue-se visualmente, com suficiente clareza, apenas o grande distanciamento dos genótipos ES 92 e ES 25, correspondentes aos tratamentos 29 e 21, respectivamente, em relação aos demais, em grupos bastante distintos, caracterizando assim a acuracidade do método na discriminação destes genótipos como aqueles mais dissimilares do grupo,

Quadro 18 - Estimativas dos autovalores (λ_i), da variação acumulada ($\lambda_i\%$) e dos coeficientes de ponderação das variáveis canônicas obtidas com base em sete características^{1/} avaliadas nos 32 genótipos componentes das variedades clonais EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131

VC _i	Auto-valores (λ_i)	Variância acumulada (%)	Coeficientes de Ponderação						
			NHP	DMC	AMP	P89	P90	P91	P92
VC ₁	5,289	43,46	0,707	0,512	0,279	-0,319	-0,243	-0,444	-0,419
VC ₂	2,203	61,56	0,232	0,100	0,091	-0,228	-0,257	0,842	0,769
VC ₃	1,445	73,43	0,595	-0,391	-0,641	0,645	0,324	-0,210	0,326
VC ₄	1,273	83,89	-0,188	0,706	-1,000	0,011	0,740	0,079	-0,440
VC ₅	0,837	90,77	-0,273	0,320	-0,036	-0,102	0,754	-0,714	0,329
VC ₆	0,691	96,45	0,020	-0,193	0,595	0,305	0,291	0,078	-0,234
VC ₇	0,432	100,00	0,371	-0,718	0,163	-0,880	0,550	0,331	0,044

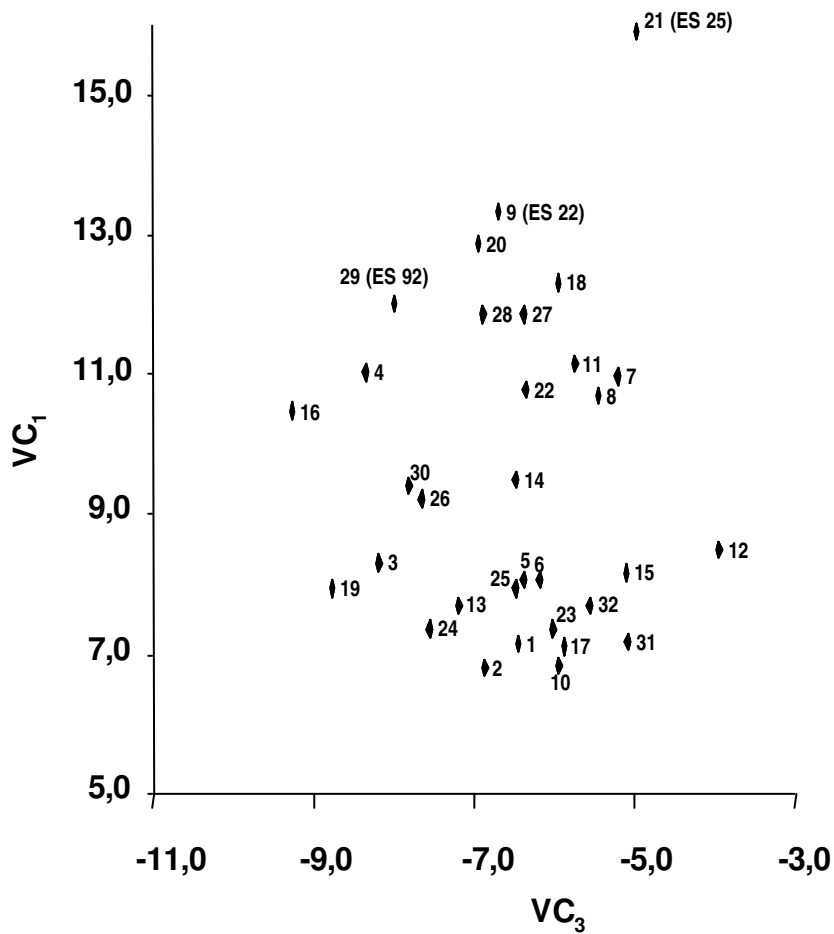
Ordem das variáveis de maior peso nos últimos autovetores: P89, AMP, P90, AMP, P89, P91, NHP.

^{1/} NHP = número de hastas ortotrópicas por planta; DMC= diâmetro médio das copas; AMP = altura média das plantas e P89, P90, P91 e P92 = produção média por planta nos anos de 1989, 1990, 1991 e 1992, respectivamente.



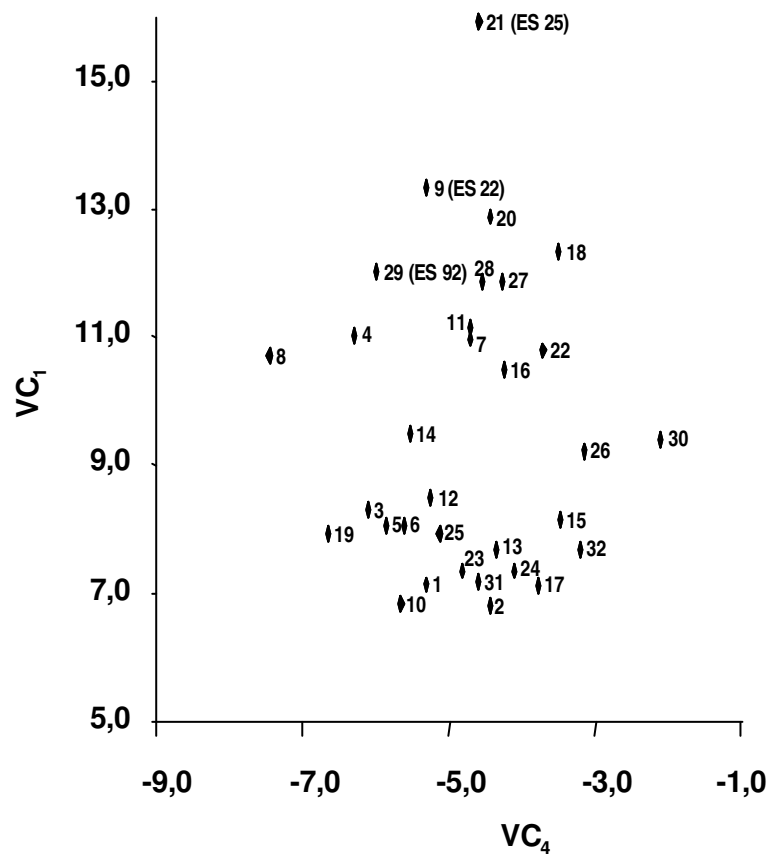
1 a 9 = EMCAPA 8111 ; 10 a 23 = EMCAPA 8121; 24 a 32 = EMCAPA 8131

Figura 2 - Dispersão gráfica de 32 genótipos de *Coffea canephora*, em relação à primeira (VC_1) e à segunda (VC_2) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres.



1 a 9 = EMCAPA 8111 ; 10 a 23 = EMCAPA 8121; 24 a 32 = EMCAPA 8131

Figura 3 - Dispersão gráfica de 32 genótipos de *Coffea canephora*, em relação à primeira (VC_1) e à terceira (VC_3) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres.



1 a 9 = EMCAPA 8111 ; 10 a 23 = EMCAPA 8121; 24 a 32 = EMCAPA 8131

Figura 4 - Dispersão gráfica de 32 genótipos de *Coffea canephora*, em relação à primeira (VC_1) e à quarta (VC_4) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres.

conforme caracterizado na análise de agrupamento de Tocher. Contudo, mesmo na análise complementar, possível através da Figura 3, não se consegue uma perfeita visualização do segundo grupo mais dissimilar segundo o método de Tocher, formado pelos genótipos ES 22 e ES 25, correspondentes aos tratamentos de número 9 e 21, respectivamente. Verifica-se somente o grande distanciamento do genótipo ES 25, considerado pelo método de Tocher como o segundo mais dissimilar, porém no mesmo grupo do ES 22, o que não é possível distinguir aqui.

Somente após a complementação com a quarta variável canônica (Figura 4), acumulando assim 83,89% da variação total (Quadro 18), é que se pôde distinguir com relativa facilidade o distanciamento dos genótipos ES 22 (tratamento 9) e ES 25 (tratamento 21), num mesmo grupo, isolados dos demais. É também possível, neste caso, a distinção dos genótipos ES 37 (tratamento 4), ES 10 (tratamento 8) e ES 38 (tratamento 30), apontados pelo método de Tocher como os mais divergentes dentro do grupo I, formando cada um deles diferentes subgrupos.

Deve-se ressaltar que estes resultados gráficos, associados aos de agrupamento, são de grande importância no planejamento de programas direcionados à obtenção de híbridos heteróticos, pois subsidiam a indicação de progenitores de grupos e, ou, subgrupos distintos a serem incluídos nos cruzamentos.

DIAS e KAGEYAMA (1997a) verificaram, em cacau, que a distância genética dos progenitores, dada pela distância generalizada de Mahalanobis, mostrou-se linearmente associada à performance média dos híbridos para certos caracteres. Resultados semelhantes foram encontrados por vários autores citados por CRUZ et al. (1991); outros, contudo, não verificaram existência de relações significativas entre divergência genética e heterose para diferentes caracteres (CRUZ et al., 1994 a).

Quando se visa explorar o máximo efeito heterótico em cruzamentos dirigidos apenas entre os pares mais divergentes, o ES 25 destacou-se como aquele com o qual se registra a grande maioria entre as maiores distâncias, sendo, neste caso, o mais indicado para os cruzamentos correspondentes,

podendo-se explorar ainda o potencial existente nos cruzamentos entre os demais pares mais dissimilares.

A utilização das metodologias empregadas torna possível a discriminação dos genótipos ES 92, ES 25 e ES 22 como os mais divergentes do grupo em consideração. Entretanto, tendo em vista a menor produtividade do ES 92 em relação aos demais (Quadro 7), e considerando ainda a pequena dissimilaridade genética observada entre o ES 25 e o ES 22, pode-se indicar a realização de cruzamentos dos demais genótipos apenas com ES 25, uma vez que este apresenta as maiores distâncias em relação à maioria dos genótipos mais produtivos, entre ele ES 26, ES 11, ES 27, ES 13, e outros.

Para a formação de híbridos na espécie *C. canephora*, deve-se atentar para o fato de que o sistema gametofítico de auto-incompatibilidade presente nesta (LASHERMES et al., 1996a) requer certas particularidades. Nenhum genótipo, incluindo híbridos F_1 obtidos de cada par selecionado, poderá ser cultivado isoladamente. Assim, será necessária a utilização de um ou mais genótipos como polinizadores ou, por outro lado, poder-se-á utilizar a mistura dos F_1 obtidos nos vários cruzamentos, de tal forma que um seja o polinizador do outro, constituindo-se, dessa forma, numa variedade sintética.

Embora CHARRIER e BERTHAUD (1985) afirmem ser possível a obtenção de híbridos nesta espécie com produtividade semelhante àquelas obtidas pelos melhores clones, CHARMETANT et al. (1990) alertam para a necessidade de cruzamentos controlados em campos biclonais, para obtenção de híbridos que promovam a manifestação de genótipos superiores em suas progênes. Segundo estes autores, a produtividade na maioria da descendência de plantas oriundas de campos triclonais não chegou a 50% da alcançada pelos clones comerciais utilizados como referência, o que os autores atribuem, em grande parte, a combinações híbridas de menor valor que podem ocorrer em função do sincronismo das floradas.

A relação entre o maior e o menor valor observado de distância generalizada de Mahalanobis foi da ordem de 130,18, caracterizando, assim, a existência de expressiva divergência entre certos materiais estudados, possibilitando boa oportunidade de ganho heterótico e manifestação de

genótipos superiores nas gerações segregantes em programas de melhoramento genético com a espécie. Acredita-se, contudo, que novas introduções de germoplasma possam vir a contribuir substancialmente em trabalhos de hibridação, tendo em vista que a introdução da espécie no País ocorreu de forma muito restrita em relação ao número de materiais e aos locais de origem, pois, segundo consta, praticamente todo o material foi introduzido em uma única oportunidade e, a partir daí, multiplicado e transferido para outras regiões do Espírito Santo, principalmente por produtores pioneiros que se transferiram das regiões centro serrana e sul para a região norte do Estado.

LEROY et al. (1991) relatam a obtenção de expressivos ganhos em produtividade, em características relacionadas a qualidade e resistência a doenças, em híbridos entre genótipos de dois diferentes grupos de *C. canephora* na Costa do Marfim: “Guineano” e “Congolense”. Segundo LEROY et al. (1997), o ganho em rendimento de híbridos biparentais, pertencentes a estas duas diferentes populações, pode superar em até 40% a produtividade média dos clones usados como testemunhas.

4.5.2. Divergência genética entre os genótipos componentes de cada uma das três variedades clonais EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131

Nesta etapa do trabalho, utilizou-se o estudo da divergência genética entre os clones componentes de cada uma das três variedades clonais recomendadas pela EMCAPA, objetivando a obtenção de dados que permitam inferir a respeito da amplitude da base genética destas.

Procurou-se, ainda, explorar a possibilidade de identificação dos genótipos mais divergentes dentro de cada grupo, uma vez que grande número das maiores distâncias foi detectado entre genótipos de uma mesma variedade, o que possibilita oportunidade de ganho heterótico a partir do cruzamento entre indivíduos com características mais semelhantes. Por outro lado, a identificação de genótipos muito similares dentro de uma mesma variedade permitirá exclusão

daqueles nos quais se tenha menos interesse, sem prejuízo da base genética da variedade como um todo.

4.5.2.1. Dissimilaridade genética entre os clones componentes de cada uma das três variedades clonais, estimada pela distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), com base em sete características

As distâncias genéticas entre os pares de genótipos da variedade EMCAPA 8111 são apresentadas no Quadro 19.

Quadro 19 - Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de *Coffea canephora* componentes da variedade EMCAPA 8111, em relação a sete características, com base na distância generalizada de Mahalanobis

Trat.		2	3	4	5	6	7	8	9
	Clone	ES 02	ES 05	ES 37	ES 07	ES 08	ES 09	ES 10	ES 22
1	ES 01	11,237	11,530	37,343	9,899	13,325	30,953	41,290	59,421
2	ES 02		9,010	37,033	10,657	13,429	32,926	36,707	60,279
3	ES 05			13,801	6,478	10,178	26,003	21,480	42,277
4	ES 37				20,718	22,732	16,896	13,060	17,956
5	ES 07					1,003	16,448	21,720	47803
6	ES 08						15,538	23,468	48,050
7	ES 09							16,110	16,858
8	ES 10								19,196

D^2 máximo: 60,279 (trat. 2 e 9) e D^2 mínimo: 1,003 (trat. 5 e 6).

O genótipo ES 22 mostrou-se como um dos mais divergentes do grupo, apresentando com o ES 02, ES 01, ES 08, ES 07 e ES 05 as maiores

distâncias, seguidas das distâncias entre os genótipos ES 01 e ES 10; ES 01 e ES 37; e ES 02 e ES 09.

A menor distância ocorreu entre os genótipos ES 07 e ES 08, à semelhança do resultado obtido na análise conjunta dos 32 genótipos, caracterizando o fato de serem eles dois genótipos geneticamente muito próximos, devendo-se evitar cruzamentos entre estes, pela pequena chance de obtenção de efeito heterótico.

No Quadro 20 encontram-se as distâncias genéticas entre os genótipos componentes da variedade clonal EMCAPA 8121. A maior distância foi verificada entre ES 25 e ES 11, seguida da distância entre ES 25 e ES 19. O genótipo ES 25 apresenta-se como um dos mais divergentes do grupo, estando presente nos pares nos quais foi observada a grande maioria das maiores distâncias, como também ocorreu na análise conjunta dos 32 materiais. As menores distâncias foram observadas entre os genótipos ES 28 e ES 14, ES 19 e ES 16, e entre ES 28 e ES 11.

As distâncias genéticas entre os clones que formam a variedade clonal EMCAPA 8131 encontram-se no Quadro 21. Observa-se que as maiores distâncias foram obtidas, respectivamente, entre os genótipos ES 92 e os genótipos ES 26, ES 38, ES 27, ES 31 e ES 34, vindo a seguir as distâncias entre ES 26 e os genótipos ES 39, ES 36 e ES 21.

A relação entre a maior e a menor distâncias observada foi de 60,09; 24,51; e 39,22, na primeira, segunda e terceira variedades clonais, respectivamente. Estes valores sugerem haver substancial divergência entre os materiais que compõem cada uma das três variedades estudadas, especialmente quando se consideram que as maiores distâncias obtidas envolvem vários genótipos, embora estejam concentradas em pares envolvendo apenas um genótipo, tanto no primeiro como no segundo grupo de materiais, e em apenas dois genótipos no terceiro grupo. Deve-se considerar ainda, ao se inferir a respeito da base genética destas variedades, que as segundas e terceiras maiores distâncias se distribuem, nos três casos, entre vários genótipos, caracterizando assim a existência de uma considerável diferenciação entre aqueles componentes de cada uma das variedades, sendo inclusive viável

a obtenção de materiais segregantes de grande interesse a partir de cruzamentos entre determinados clones de um mesmo grupo.

Um importante aspecto relativo à adequação da composição de cada variedade clonal em estudo, que pode ser explorado pelos resultados

Quadro 21 - Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de *Coffea canephora* componentes da variedade EMCAPA 8131, em relação a sete características, com base na distância generalizada de Mahalanobis

Trat,	Clone	2	3	4	5	6	7	8	9
		ES 27	ES 31	ES 34	ES 36	ES 92	ES 38	ES 39	ES 21
1	ES 26	37,637	32,449	84,001	148,145	370,187	19,876	177,145	139,168
2	ES 27		56,917	31,538	94,763	266,572	42,802	133,222	130,560
3	ES 31			60,216	60,232	211,930	21,948	82,046	51,285
4	ES 34				58,155	190,550	45,722	127,269	126,149
5	ES 36					75,723	107,339	39,384	44,034
6	ES 92						286,265	78,760	114,993
7	ES 38							155,451	123,712
8	ES 39								9,437

D^2 máximo: 370,187 (tratamentos 1 e 6) e D^2 mínimo: 9,437 (tratamentos 8 e 9).

apresentados, é que não foram observadas, em quaisquer dos três casos, situações nas quais houve concentração das menores distâncias em pares envolvendo um único genótipo, o que poderia se constituir num indicativo da necessidade de sua eliminação da variedade, por ser, neste caso, geneticamente muito próximo da maioria dos demais genótipos. Ao contrário, o que se observa é que as menores distâncias envolveram quase sempre vários genótipos.

4.5.2.2. Agrupamento pelo método de Tocher dos genótipos componentes de cada uma das três variedades clonais

No Quadro 22 são apresentados os agrupamentos obtidos pelo método de Tocher para os genótipos de cada uma das três variedades estudadas, utilizando-se como medida de dissimilaridade genética a distância generalizada de Mahalanobis, estimada com base em sete características: NHP, DMC, AMP, P89, P90, P91 e P92.

Quadro 22 - Agrupamento pelo método de Tocher, dos genótipos de *Coffea canephora* componentes de cada uma das três variedades clonais da EMCAPA, com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis estimada a partir de sete caracteres

Grupo	Tratamento/Genótipo		
	EMCAPA 8111	EMCAPA 8121	EMCAPA 8131
I	5(ES 07), 6(ES 08), 3(ES 05), 2(ES 02), 1(ES 01)	4(ES 14), 14(ES 28), 1(ES 11), 6(ES 16), 8(ES 19), 5(ES 15)	8(ES 39), 9(ES 21), 5(ES 36), 3(ES 31)
II	4(ES 37), 8(ES 10), 7(ES 09)	9(ES20), 11(ES 24), 2(ES12), 13(ES 30)	1(ES 26), 7(ES38), 2(ES 27), 4(ES 34)
III	9(ES 22)	7(ES 18), 10(ES 23)	6(ES 92)
IV		3(ES 13)	
V		12(ES 25)	

Pode-se observar tanto na variedade EMCAPA 8111 como na EMCAPA 8131 que os genótipos encontram-se distribuídos em três grupos, enquanto para a EMCAPA 8121 constata-se a formação de cinco grupos.

Os genótipos ES 22, ES 25 e ES 92, pertencentes, respectivamente, às variedades EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131, que apareceram isolados e formando o último grupo de cada uma das respectivas variedades, apresentam-se como os mais divergentes, como já anteriormente detectado

pelas matrizes de dissimilaridade correspondentes. Como estes mesmos genótipos foram indicados como os mais promissores para cruzamentos, na análise conjunta dos 32 materiais, com ressalvas ao ES 92, verifica-se que, ao se realizarem estes cruzamentos concomitantemente, estarão sendo também contemplados a maioria dos cruzamentos de maior interesse dentro de cada variedade.

Em função do número de grupos formados nas diferentes variedades, bem como da comparação das distâncias relativas entre os respectivos pares de genótipos, e, ainda, da relação entre as maiores e menores distâncias encontradas dentro de cada variedade (Quadros 19, 20 e 21), pode-se deduzir a existência de considerável divergência genética entre os clones de cada uma, conferindo a estas uma base genética expressiva, capaz de lhes proporcionar considerável estabilidade.

De forma a oferecer informações complementares que possam dar maior suporte a essa afirmativa, foi realizado adicionalmente o agrupamento dos genótipos pelo método de Tocher com base na matriz de distâncias euclidianas estimadas a partir da médias de nove outras características: GCH, GCO, M13, M12, PS13, P1000, PGCH, EC e IR (Quadro 23). Observa-se a formação de cinco, sete e três grupos de genótipos na primeira, segunda e terceira variedades, respectivamente, indicando distribuição, ainda mais expressiva, dos genótipos em grupos dissimilares, quando se levou em consideração este outro grupo de variáveis.

4.5.2.3. Variáveis canônicas estimadas para os genótipos componentes de cada uma das três variedades clonais

Nos Quadros 24, 25 e 26 são apresentadas as estimativas dos autovalores (λ_i) correspondentes às variáveis canônicas (VC_i), as variações acumuladas e os respectivos coeficientes de ponderação (autovetores) associados às variáveis originais. Verifica-se que, no caso da variedade EMCAPA 8131, as duas primeiras variáveis canônicas explicam mais de 80%

Quadro 23 - Agrupamento pelo método de Tocher dos genótipos de *Coffea canephora* componentes de cada uma das três variedades clonais da EMCAPA, com base na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média estimada a partir de nove caracteres

Grupo	Tratamento/Genótipo		
	EMCAPA 8111	EMCAPA 8121	EMCAPA 8131
I	1(ES 01), 3(ES 05), 9(ES 22), 2(ES 02), 4(ES 37)	1(ES 11), 4(ES 14), 7(ES 18), 10(ES 23), 5(ES 15)	5(ES 36), 9(ES 21), 3(ES 31), 4(ES 34), 1(ES 26), 7(ES 38)
II	7(ES 09)	12(ES 25), 13(ES 30)	6(ES 92), 8(ES 39)
III	6(ES 08)	2(ES 12), 11(ES 24)	2(ES 27)
IV	8(ES 10)	3(ES 13), 14(ES 28)	
V	5(ES 07)	6(ES 16)	
VI		8(ES 19)	
VII		9(ES 20)	

Quadro 24 - Estimativas dos autovalores (λ_i), da variação acumulada ($\lambda\%$) e dos coeficientes de ponderação relativos às variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres^{1/} avaliados em nove genótipos componentes da variedade clonal EMCAPA 8111

VC _i	Auto- valores (λ_i)	Variância acumulada (%)	Coeficientes de Ponderação						
			NHP	DMC	AMP	P89	P90	P91	P92
VC ₁	7,207	60,85	0,922	0,236	0,265	-0,434	-0,207	-0,175	0,185
VC ₂	1,605	74,40	-0,064	0,701	-1,100	0,707	0,556	-0,643	-0,480
VC ₃	1,381	86,06	0,161	0,298	0,235	0,238	-0,500	0,854	0,031
VC ₄	0,922	93,85	-0,687	0,948	-0,004	0,160	0,229	-0,675	-0,288
VC ₅	0,575	98,71	-0,134	0,425	-0,621	-0,724	0,892	-0,046	-0,761
VC ₆	0,133	99,84	0,001	-0,319	0,381	0,134	0,926	-0,356	-0,444
VC ₇	0,019	100,00	0,197	-0,057	-0,230	0,037	0,200	0,398	0,943

Ordem das variáveis de maior peso nos últimos autovetores: P92, P90, P90, DMC, P91, AMP, NHP.

^{1/} NHP = número de hastas ortotrópicas por planta; DMC= diâmetro médio das copas; AMP = altura média das plantas; e P98, P90, P91 e P92 = produção média por planta nos anos de 1989,1990, 1991 e 1992, respectivamente.

Quadro 25 - Estimativas dos autovalores (λ_i), da variação acumulada ($\lambda\%$) e dos coeficientes de ponderação relativos às variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres^{1/} avaliados em 14 genótipos componentes da variedade clonal EMCAPA 8121

VC _i	Auto- valores (λ_i)	Variância acumulada (%)	Coeficientes de Ponderação						
			NHP	DMC	AMP	P89	P90	P91	P92
VC ₁	7,933	60,08	0,657	0,627	0,564	-0,403	-0,499	-0,603	-0,616
VC ₂	2,002	75,24	-0,456	-0,261	1,249	-0,358	-0,515	0,020	-0,159
VC ₃	1,187	84,23	0,262	-0,512	0,219	0,655	0,147	-0,645	-0,382
VC ₄	1,124	92,75	0,466	-0,497	0,669	0,007	-0,263	0,459	0,752
VC ₅	0,582	97,16	0,285	-0,337	-0,088	0,154	-0,548	0,803	-0,450
VC ₆	0,213	98,77	-0,409	0,759	-0,137	0,921	-0,417	-0,394	-0,159
VC ₇	0,162	100,00	-0,133	0,321	-0,232	-0,087	0,920	0,255	-0,101

Ordem das variáveis de maior peso nos últimos autovetores: P90, P89, P91, P92, P89, AMP, NHP.

^{1/} NHP = número de hastes ortotrópicas por planta; DMC= diâmetro médio das copas; AMP = altura média das plantas; e P89, P90, P91 e P92 = produção média por planta nos anos de 1989, 1990, 1991 e 1992, respectivamente.

Quadro 26 - Estimativas dos autovalores (λ_i), da variação acumulada ($\lambda\%$) e dos coeficientes de ponderação relativos às variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres^{1/} avaliados em nove genótipos componentes da variedade clonal EMCAPA 8131

VC _i	Auto- valores (λ_i)	Variância acumulada (%)	Coeficientes de Ponderação						
			NHP	DMC	AMP	P89	P90	P91	P92
VC ₁	37,348	70,109	-1,461	1,267	0,143	-0,832	-0,857	2,066	0,755
VC ₂	9,734	88,382	-0,597	-0,523	-1,050	-0,310	2,062	-0,255	-0,156
VC ₃	3,538	95,025	0,349	-0,721	0,010	0,633	-0,177	-0,259	0,881
VC ₄	1,556	97,947	0,531	0,208	-0,464	0,385	0,791	-0,448	0,097
VC ₅	0,823	99,492	-0,603	0,285	0,921	-0,117	-0,043	-0,327	0,038
VC ₆	0,235	99,934	0,423	-0,686	0,699	-0,924	0,315	0,263	0,008
VC ₇	0,034	100,00	0,018	-0,233	0,480	0,623	-0,516	0,463	-0,177

Ordem das variáveis de maior peso nos últimos autovetores: P89, P89, AMP, P90, P92, P90, P91.

^{1/} NHP = número de hastes ortotrópicas por planta; DMC= diâmetro médio das copas; AMP = altura média das plantas; e P98, P90, P91 e P92 = produção média por planta nos anos de 1989,1990, 1991 e 1992, respectivamente.

da variação total disponível, ao passo que nas demais é necessária a utilização das três primeiras variáveis canônicas para que este limite seja alcançado, sendo, assim, consideradas suficientes para obtenção de aceitável grau de distorção na transposição do espaço n-dimensional para o bidimensional, conforme referendado por CRUZ e REGAZZI (1994).

Nos três casos, é possível, através de uma inspeção visual, distinguir os grupos delimitados pelo método de Tocher, notadamente aqueles formados por indivíduos” considerados mais divergentes, ou seja, os formados pelo genótipo ES 22, na variedade EMCAPA 8111; pelo ES 25, na EMCAPA 8121; e pelo ES 92, na EMCAPA 8131 (Figuras 5, 6, 7, 8 e 9).

Entretanto, a observação mais relevante, tendo em vista o objetivo desta etapa do trabalho, é que também nos três casos há boa distribuição dos genótipos em todo o espaço euclidiano, não sendo observadas aglomerações de genótipos, o que caracteriza a existência de considerável divergência genética dentro das diferentes variedades. Mesmo dentro de cada grupo formado pelo método de Tocher, observa-se a existência de considerável distância entre os genótipos, muito embora seja também possível a constatação de alguns bastante similares.

Este fato caracteriza, uma vez mais, boa adequação da formação das referidas variedades e permite que haja possibilidade, caso exista interesse, de indicação de novas variedades com menor número de clones, possuidores de características agrônômicas superiores, explorando-se, por exemplo, apenas aqueles mais produtivos ou, ainda, os de maior produção nas primeiras colheitas, desde que apresentem distâncias mais acentuadas em relação a outros que permanecerão numa nova variedade.

Adotando-se esta mesma linha de raciocínio, poder-se-á também usar as características relacionadas aos padrões de qualidade do produto, como peso médio de grãos, peneira média de grãos, percentual de grãos com peneira média superior a 13, entre outros, para que sejam selecionados genótipos para

uma nova variedade. Neste caso, são passíveis de exclusão das variedades estudadas genótipos de menor interesse em relação à característica considerada e que apareçam em um mesmo grupo/subgrupo, juntamente com outros que permanecerão.

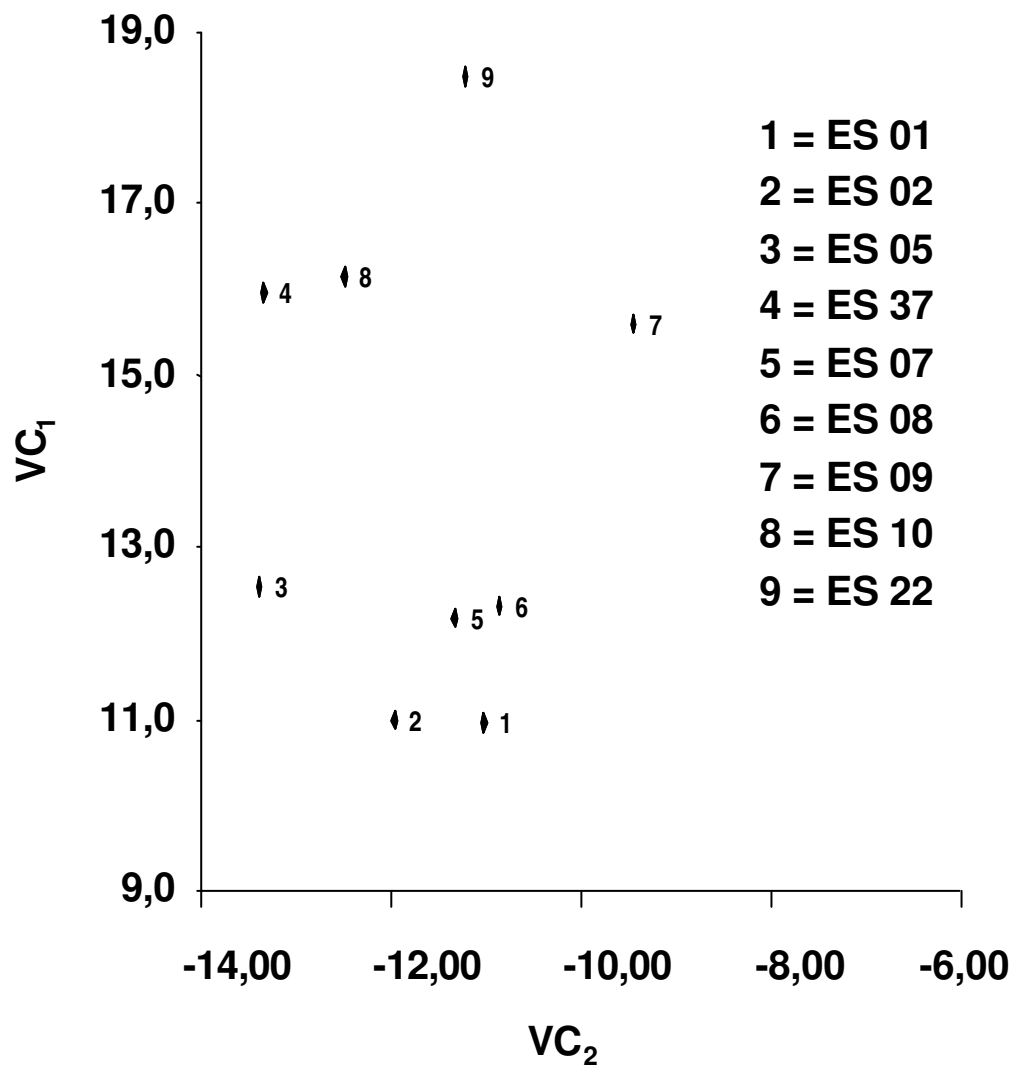


Figura 5 - Dispersão gráfica dos nove genótipos de *Coffea canephora* componentes da variedade clonal EMCAPA 8111, em relação à primeira (VC_1) e à segunda (VC_2) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres.

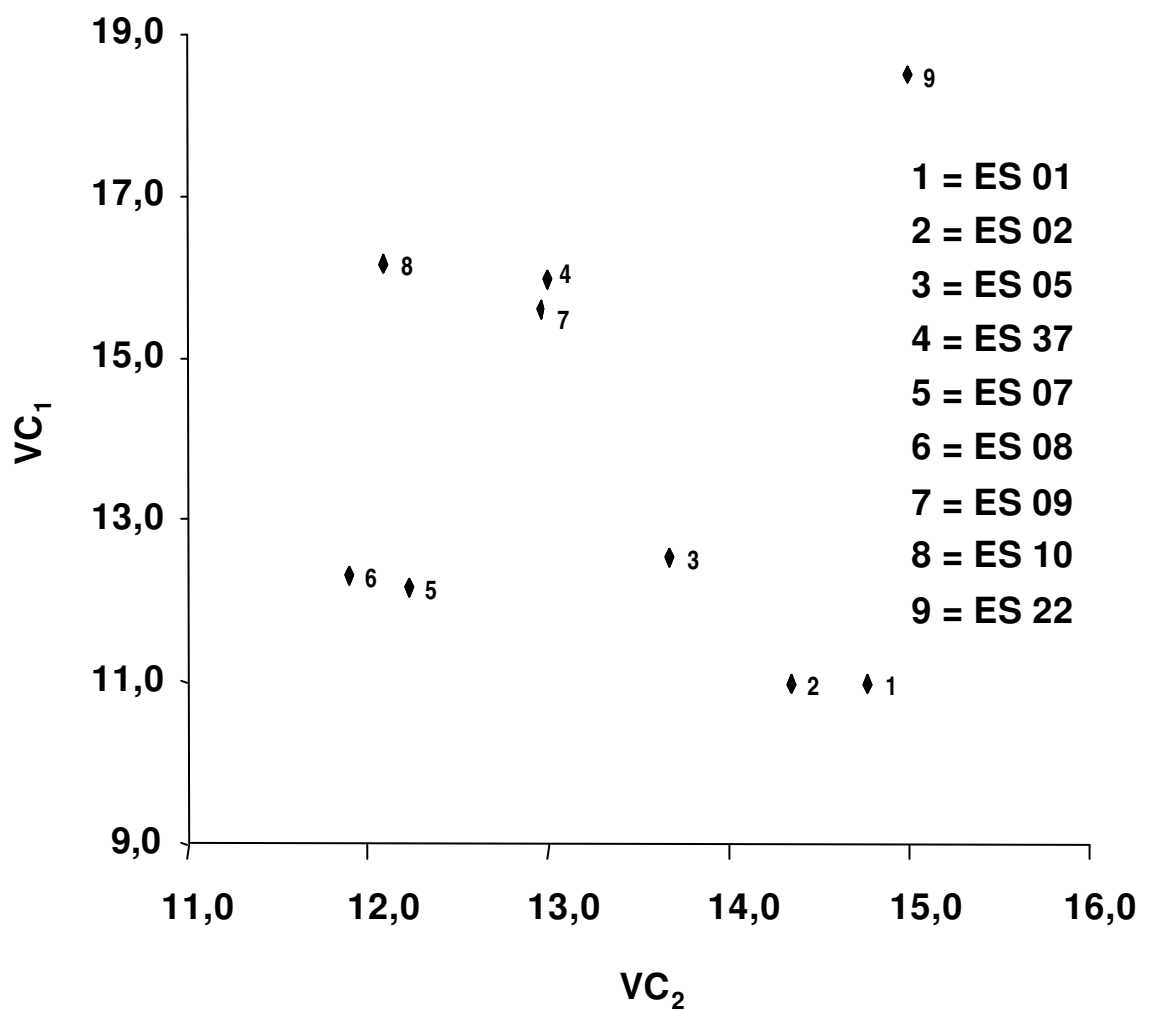


Figura 6 - Dispersão gráfica dos nove genótipos de *Coffea canephora* componentes da variedade clonal EMCAPA 8111, em relação à primeira (VC_1) e à terceira (VC_3) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres.

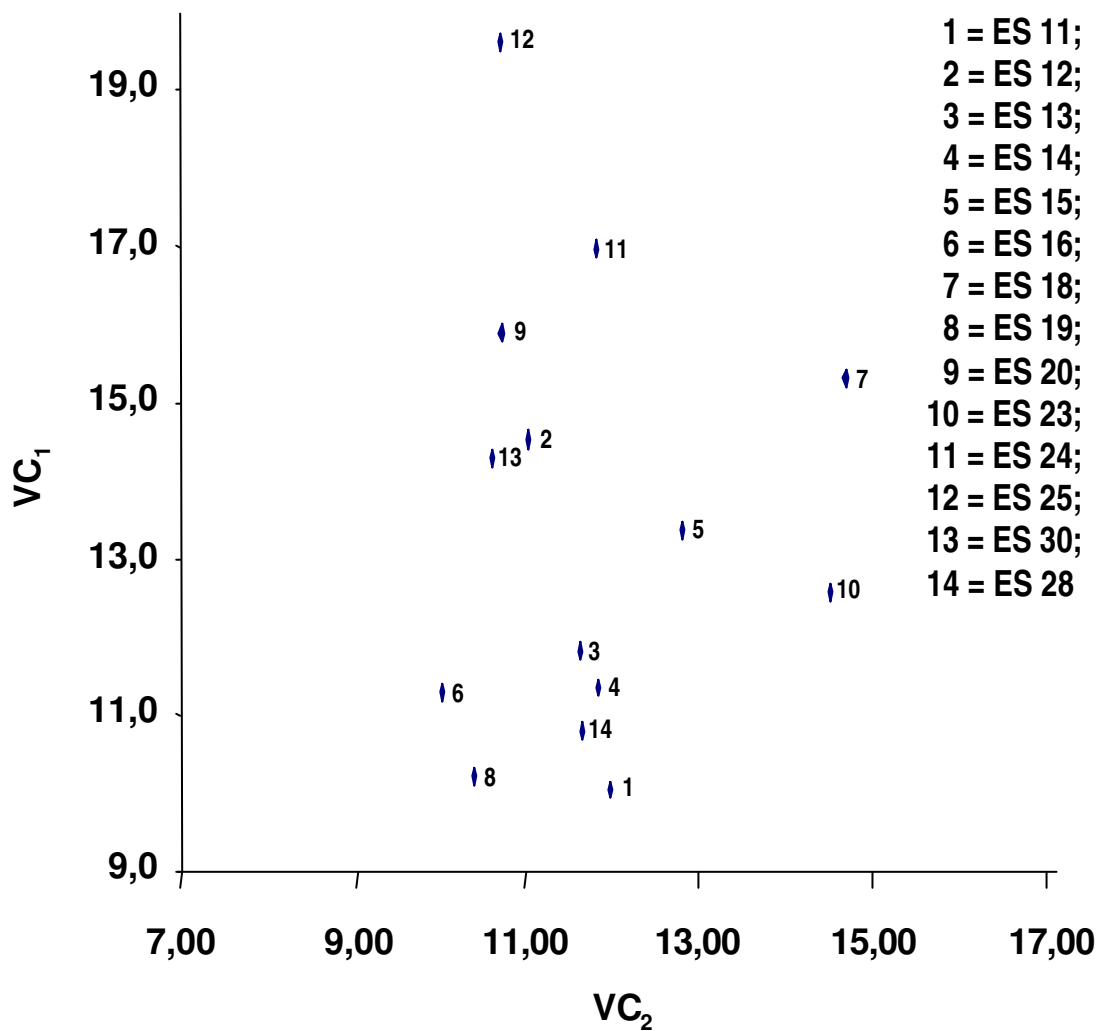


Figura 7 - Dispersão gráfica dos 14 genótipos de *Coffea canephora* componentes da variedade clonal EMCAPA 8121, em relação à primeira (VC₁) e à segunda (VC₂) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres.

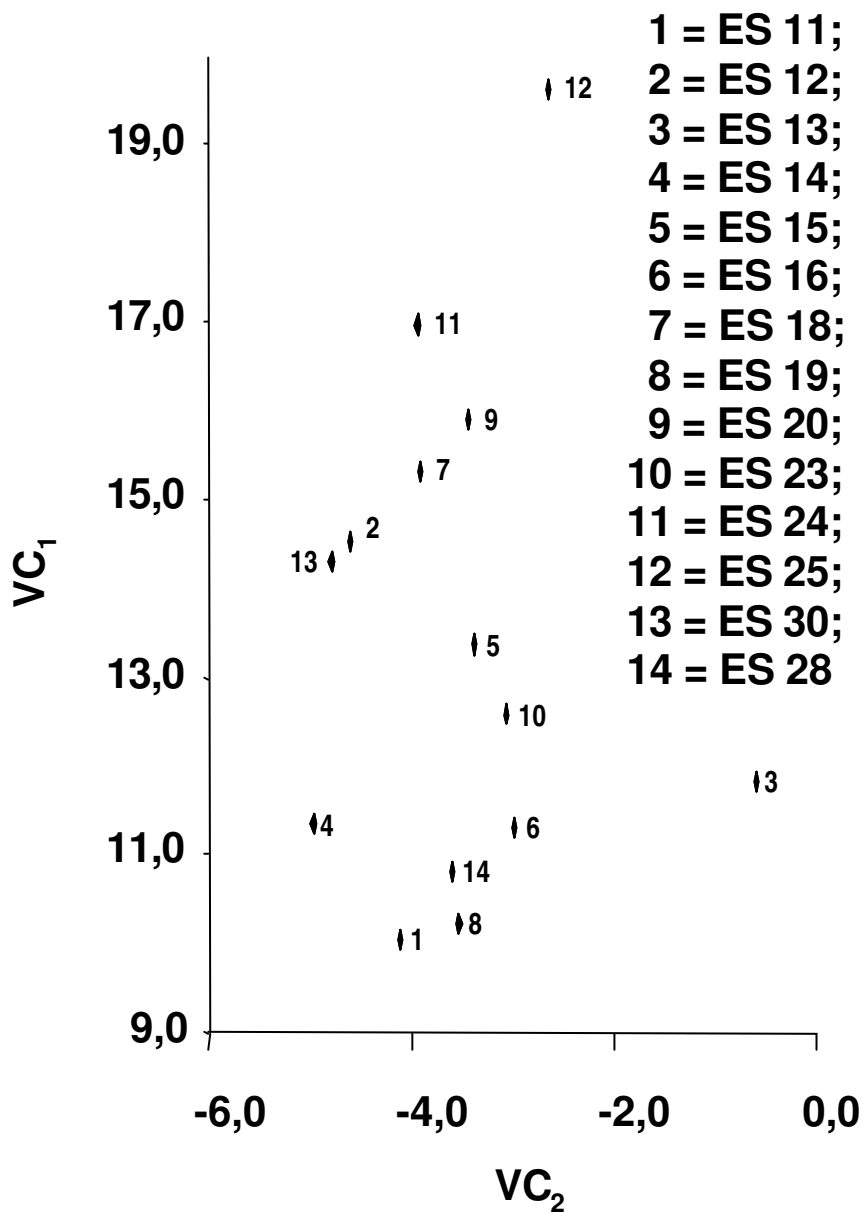


Figura 8 - Dispersão gráfica dos 14 genótipos de *Coffea canephora* componentes da variedade clonal EMCAPA 8121, em relação à primeira (VC_1) e à terceira (VC_3) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres.

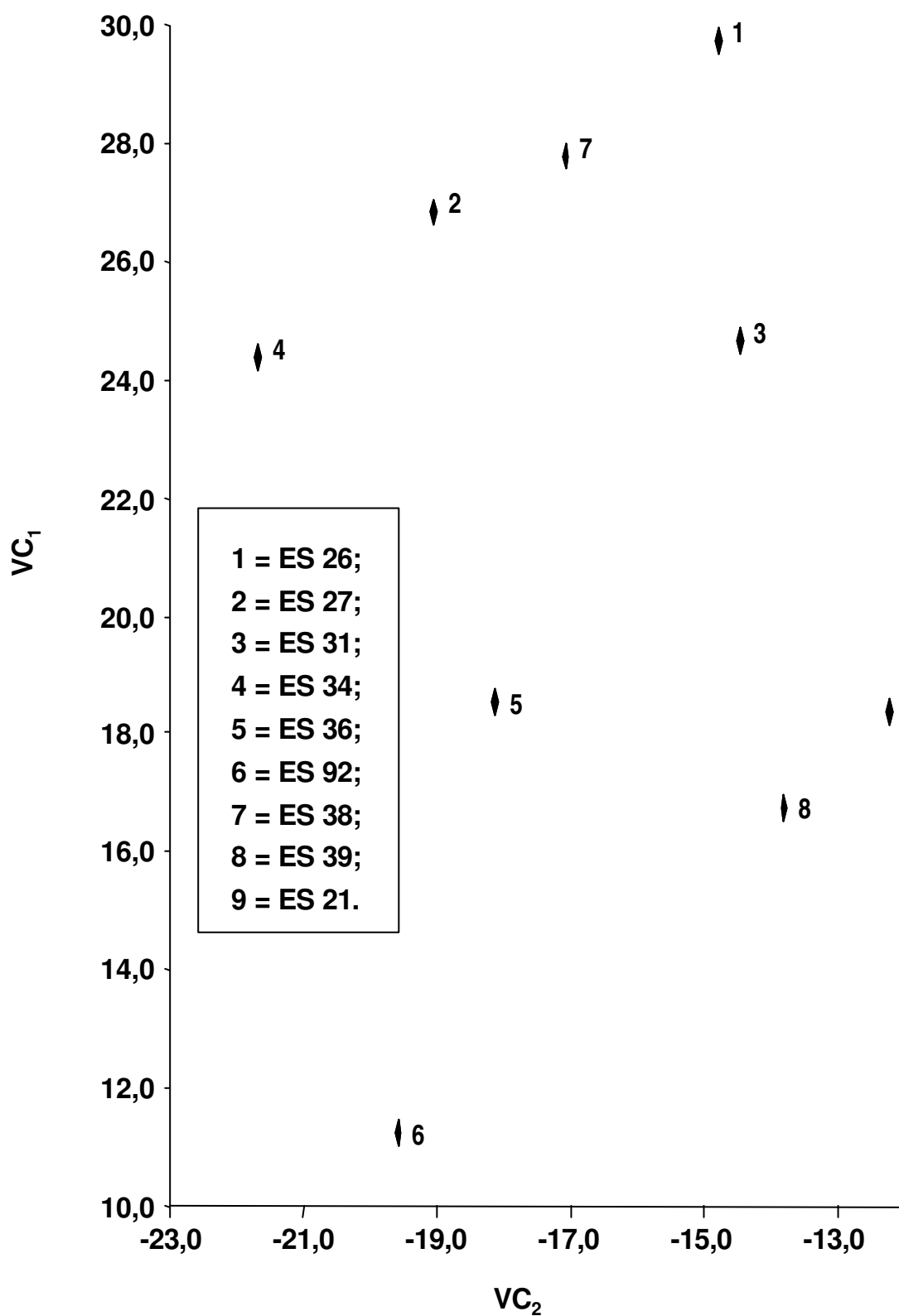


Figura 9 - Dispersão gráfica dos nove genótipos de *Coffea canephora* componentes da variedade clonal EMCAPA 8131, em relação à primeira (VC_1) e à segunda (VC_2) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres.

4.5.3. Importância relativa dos caracteres em estudos de divergência genética

O grande interesse na avaliação relativa dos caracteres em estudos de divergência genética, de acordo com CRUZ (1990), encontra-se na possibilidade de destacar aqueles que pouco contribuem na discriminação do material genético avaliado, permitindo, dessa forma, segundo PEREIRA (1989), redução de mão-de-obra, tempo e custo despendido na experimentação. Vários autores relatam a viabilidade de descarte de variáveis pela utilização de análises multivariadas em diferentes espécies, entre eles DIAS et al. (1997), em cacau; PEREIRA (1989), em mandioca; e AMARAL JUNIOR (1996), em tomate.

A importância relativa dos caracteres em estudos de divergência genética é estimada através dos coeficientes de ponderação destas nas variáveis originais padronizadas, uma vez que estes coeficientes são influenciados pela escala de avaliação.

Segundo CRUZ e REGAZZI (1994), podem ser considerados desprezíveis para o estudo de divergência genética as características relativamente invariantes entre os indivíduos estudados, aquelas que apresentam instabilidade com mudanças das condições ambientais ou que são redundantes, por encontrarem-se correlacionadas com outras que permanecerão na análise. Deve-se, dessa forma, proceder à análise de correlações genotípicas como elemento auxiliar para o descarte de características redundantes.

Na identificação das características de menor importância para o mencionado estudo, foram utilizadas as informações constantes nos Quadros 18, 24, 25 e 26, referentes, respectivamente, às variáveis canônicas estimadas para o conjunto de 32 genótipos e para aqueles de cada uma das três variedades em particular: EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131. Para isso, identificaram-se, nas últimas variáveis canônicas, as características cujos coeficientes de ponderação, associados às variáveis originais, são de maior magnitude, em valor absoluto, uma vez que tais coeficientes mostram-se relevantes para variáveis canônicas de participação desprezível na variação total, segundo critério sugerido por MARDIA et al. (1979).

Conforme pode-se verificar através da análise dos quadros em questão, não houve coincidência na ordem de indicação das características de menor importância nas quatro situações. Ademais, nos quatro casos, aparecem como de menor importância características relacionadas à produção, as quais não apresentam correlações genotípicas elevadas com quaisquer das outras características consideradas neste estudo (Quadro 8), fatos que desaconselham o descarte, especialmente quando se leva em consideração a importância destas na seleção de genótipos.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

Este trabalho teve como propósito a obtenção de um conjunto de informações genéticas, através de análises biométricas, capazes de oferecer subsídios importantes para o planejamento e a execução de programas de melhoramento genético do café Conillon (*Coffea canephora* Pierre).

Utilizaram-se dados oriundos de um experimento envolvendo 80 genótipos, instalado num delineamento estatístico de blocos ao acaso com quatro repetições, em Marilândia, ES, no período de 1987 a 1992. Para tanto, estimaram-se alguns parâmetros genéticos e ambientais, as correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre caracteres, a repetibilidade do caráter produção de grãos, a análise discriminante e a análise da divergência genética.

Para a estimação de parâmetros, das correlações entre caracteres e da repetibilidade, consideraram-se os dados referentes aos 80 tratamentos, ao passo que, para o estabelecimento das funções discriminantes e no estudo de divergência genética, foram considerados apenas os 32 tratamentos correspondentes aos clones das variedades recomendadas pela EMCAPA.

O coeficiente de repetibilidade para o caráter produção de grãos foi estimado pelo método da análise de variância e dos componentes principais; o estabelecimento das funções discriminantes, pelo método descrito por ANDERSON (1958); a análise da divergência genética foram realizados com base em procedimentos multivariados, utilizando-se a distância generalizada

de Mahalanobis (D^2_{M}) e a distância euclidiana média (d_{M}) como medidas de dissimilaridade; o método de otimização de Tocher, para o agrupamento dos genótipos em grupos dissimilares; e as variáveis canônicas, para análise da dispersão gráfica dos genótipos em eixos cartesianos.

Consideraram-se dois grupos de variáveis. O primeiro foi constituído por caracteres avaliados com repetições: número médio de hastes ortotrópicas por planta (NHP); altura média das plantas (AMP); diâmetro médio das copas (DMC); produção de média de grãos/planta na primeira (P89), segunda (P90), terceira (P91) e quarta (P92) colheitas; e produção média de grãos nas quatro colheitas (PMG). No segundo grupo estavam os caracteres avaliados em apenas uma repetição: peso de 1.000 grãos “chatos” (P1000); percentual de grãos “chatos” (GCH), “conha” (GCO) e “moca” (GMO); percentual de grãos “moca” retidos em peneira 13 (M13), 12 (M12) e 11 (M11); peneira média dos grãos “chatos” (PGCH); percentual de grãos com peneira média superior a 13 (PS13); índice de rendimento (IR); e época de colheita (EC).

Verificou-se a existência de variabilidade genética entre genótipos, para as características NHP, DMC, AMP, P89, P90, P91, P92 e PMG. Para as demais características, avaliadas em apenas uma repetição, embora não tenha sido possível a realização de análises de variância univariada, pôde-se constatar a existência de expressiva variação entre os materiais para a maioria delas.

As seguintes conclusões foram possíveis:

- As elevadas estimativas dos coeficientes de determinação genotípicos (H^2) para os caracteres NHP, AMP, DMC, P89, P90, P91, P92 e PMG, bem como dos maiores coeficientes de variação genotípicos (CV_g) em relação aos ambientais (CV_e), exceto para P90 (produção no ano de 1990), e, ainda o fato de a magnitude das estimativas das correlações genotípicas tender a superar as fenotípicas indicaram predominância dos componentes genéticos em relação aos ambientais, caracterizando condições favoráveis ao melhoramento para os referidos caracteres.
- A utilização de quatro colheitas permitiu a seleção de indivíduos com acurácia na predição do valor real destes, para o carácter produção de grãos, variando entre 65,32 e 81,59%, nos métodos da análise de variância e dos componentes principais obtidos da matriz de covariâncias, respectivamente.

Utilizando-se seis colheitas, ter-se-á uma acurácia mínima de 73,84%, independentemente do método de estimação.

- O aumento do número de medições para o caráter produção de grãos a partir da sexta colheita não contribuiu de forma expressiva para o aumento na acurácia para predição do valor real, não sendo, portanto, justificado.
- O maior valor das estimativas do coeficiente de repetibilidade, através dos métodos dos componentes principais denotou diferenças expressivas no comportamento dos diferentes genótipos no que concerne à bianuidade do caráter estudado.
- A classificação original dos genótipos nas três variedades clonais em estudo, baseada em critérios agronômicos, guardou expressiva concordância com os resultados obtidos através da análise discriminante, com uma taxa de erro aparente de apenas 6,25%.
- Os genótipos ES 92, ES 25 e ES 22 mostraram-se como os mais divergentes entre os 32 genótipos que compõem as três variedades estudadas.
- Os genótipos ES 22, e especialmente o ES 25 foram os mais indicados para trabalhos de cruzamentos com os demais visando a obtenção de híbridos de melhor desempenho, tendo em vista aliarem divergência genética a um bom desempenho produtivo.
- A maioria das combinações híbridas de maior interesse dentro de cada variedade, foram contempladas concomitantemente ao se realizarem os cruzamentos dos três genótipos mais divergentes com os demais.
- A composição das variedades clonais estudadas mostrou-se apropriada em relação à amplitude de suas bases genéticas, com genótipos distribuídos em vários grupos dissimilares, identificados através da utilização de quaisquer dos dois grupos de variáveis consideradas.
- Houve possibilidade de redução do número de genótipos de cada uma das variedades em questão, sem prejuízo acentuado da amplitude de suas bases genéticas.
- A dispersão gráfica dos genótipos, obtida a partir das variáveis canônicas, mostrou-se especialmente eficaz na identificação dos genótipos, ou grupos de genótipos mais divergentes, guardando concordância, apenas parcial, com o

método de agrupamento de Tocher, na discriminação dos demais grupos dissimilares.

- Houve concordância apenas parcial no agrupamento de genótipos pelo método de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis e distância euclidiana média, obtidas a partir dos caracteres NHP, AMP, DMC, P89, P90, P91 e P92.

- A existência de correlações de magnitude considerável entre alguns dos caracteres avaliados evidenciou a necessidade de utilização de métodos de estudo de divergência genética que considerem as correlações residuais entre estes, no sentido de obtenção de maior fidedignidade.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABEYWARDENA, V. An application of principal component analysis in genetics. **Journal Genetics**, v.61, n.1, p.27-51, 1972.
- AKORODA, M.O. Principal components analysis and metroglyph variation among Nigerian yellow yams. **Euphytica**, v.33, n.2, p.365 -374, 1983.
- ALI, M., COPELAND, L.O., ELIAS, S.G., KELLY, J.D. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in winter canola (*Brassica napus* L.). **Theoretical and Applied Genetics.**, v.91, n.1, p.118-121, 1995
- AMARAL JUNIOR, A.T. **Análise dialéctica de betacaroteno, vitamina C, sólidos solúveis e produção e variabilidade em cultivares de tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill.) via marcadores RAPD.** Viçosa, MG: UFV, 1996. 198 p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- ANDERSON, T.W. **An introduction to multivariate statistical analysis.** New York: John Wiley, 1958. 374 p.
- ANDRADE NETO, A.P.M., BRAGANÇA, S.M., FONSECA, A.F.A. SARAIVA, J.S.T. Variedades de café recomendadas para o estado do Espírito Santo. In: COSTA, E.B. (Ed.) **Manual técnico para a cultura do café no estado do Espírito Santo.** Vitória, ES: SEAG-ES, 1995. Pt. 3, p.15-18.
- BANCO DE DESENVOLVIMENTO DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO - BANDES. **Diagnóstico da cafeicultura capixaba - o café robusta no Espírito Santo.** Vitória, ES: 1987. 88 p.
- BARROS, L.M. **Caracterização morfológica e isoenzimática do cajueiro (*Anacardium occidentale* L.), tipos comum e anão precoce, por meio de técnicas multivariadas.** Piracicaba, SP: ESALQ, 1991. 256 p. Dissertação

- (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1991.
- BERTHAUD, J. **Les ressources génétiques pour l'amélioration des caféiers africains diploides. Evaluation de la richesse génétique des populations sylvestres et de ses mécanismes organisateurs. Conséquences pour l'application.** Paris, FRA: ORSTOM, 1986. 379 p. (Document ORSTOM n. 188).
- BERTHAUD, J. L'hybridation interspécifique entre *Coffea arabica* et *C. canephora*. Obtention et comparaison des hybrides triploides, arabusta et hexaploides. **Café Cacao Thé**, v.22, n.1, p.1-11, 1978.
- BERTHAUD, J. L'Incompatibilité chez *Coffea canephora*: Méthode de test et déterminisme génétique. **Café Cacao Thé**, v.24, n.4, p.267-274. 1980.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas.** Viçosa, MG: UFV, 1997. 547 p.
- BOUHARMONT, P., LOTODÉ, R., AWEMO, A., CASTAING, X. La sélection générative du caféier robusta au Cameroun: analyse des résultats d'hybrides dialèle partiel implanté en 1973. **Café Cacao Thé**, v.30, n.2, p.93-112, 1986.
- BOUVERY, B.A. A explosão do café no Vietnã. In: ROSÁRIO, J.B. da (Ed.) **Anuário estatístico do café – 1997.** Rio de Janeiro, RJ: Coffee Business, 1998. p.10-13.
- BRAGANÇA, S.M., CARVALHO, C.H.S., FONSECA, A.F.A. da. **EMCAPA 8111, EMCAPA 8121, EMCAPA 8131: primeiras variedades de café Conilon lançadas para o Espírito Santo.** Vitória, ES: EMCAPA, 1993. 2p. (Comunicado Técnico, 68).
- CAPOT, J. L'amélioration du caféier robusta em Côte d'Ivoire. **Café Cacao Thé**, v.21, n.4, p.233-242, 1977.
- CARVALHO, L.P. **Divergência genética e análise dialélica em *Gossypium hirsutum* L. var *latifolium* Hutch.** Viçosa, MG: UFV, 1993. 203p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1993.
- CARVALHO, A., FERWERDA, F.P., FRAHM-LELIVELD, J.A., MEDINA, D.M., MENDES, A.J.J., MONACO, L.C. Coffee (*Coffea arabica* L. and *Coffea canephora* Pierre ex Froehner). In: FERWERDA, F.P., WIT, F. (Eds.) **Coffee (*Coffea arabica* L. and *Coffea canephora* Pierre ex Froehner).** Wageningen: The Netherlands: Agricultural University. 1969. p.189-192. (Miscellaneous Papers, 4).
- CARVALHO, A., MEDINA FILHO, H.P., FAZUOLI, L.C., GUERREIRO FILHO, O., LIMA, M.N.A. Aspectos genéticos do cafeeiro. **Revista Brasileira de Genética**, v.14, n.1, p.135-183, 1991.

- CARVALHO, A., MONACO, L.C. Melhoramento de *Coffea arabica*. In: FERWERDA, F.P., WIT, F. (Eds.) **Coffee (*Coffea arabica* L. and *Coffea canephora* Pierre ex Froehner)**. Wageningen: The Netherlands: Agricultural University. 1969. p.198-216. (Miscellaneous Papers, 4).
- CARVALHO, A. Principles and practice of coffee plant breeding for productivity and quality factors. In: CLINFFORT, M.N., WILLSON, K.C. (Eds) **Coffee - botany, biochemistry and production of beans and beverage**. London; Sidney: Croom Helm, 1985. p. 48-96.
- CHARMETANT, P., LEROY, T., BONTEMS, S., DELSOL, E. Évaluation d'hybrides de *Coffea canephora* produits em champs semenciers em Côte D'Ivoire. **Café Cacao Thé**, v.34, n.4, p.257-264, 1990.
- CHARRIER, A., BERTHAUD, J. Botanical classification of coffee. In: CLINFFORT, M.N., WILLSON, K.C. (Eds.) **Coffee - botany, biochemistry and production of beans and beverage**. London; Sidney: Croom Helm, 1985. Cap.3, p.167-195.
- CHARRIER, A., BERTHAUD, J. Principles and methods in coffee plant breeding: *Coffea canephora* Pierre. In: CLARK, R.J., MACRAE, R. (Eds.) **Coffee agronomy**. London: Elsevier, 1988. v.6, Cap.5, p.167-195.
- CONAGIN, C.H.T.M., MENDES, A.J.T. Pesquisas citológicas e genéticas em três espécies de *Coffea*. Auto-incompatibilidade em *Coffea canephora* Pierre ex Froehner. **Bragantia**, v.20, n.34, p.787-804, 1961.
- CORNACCHIA, G., CRUZ, C.D., PIRES, I.E. Estimativas do coeficiente de repetibilidade para características fenotípicas de procedências de *Pinus tecunumanii* (Schw.) Eguluz & Perry e *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barret & Golfari. **Revista Árvore**, v.19, n.3, p.333-345, 1995.
- CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba: ESALQ, 1990. 188p. Dissertação (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1990.
- CRUZ, C.D., CARVALHO, S.P., VENCOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética. I. Fatores que afetam a predição do comportamento de híbridos. **Revista Ceres**, v.41, n.234, p.178-182, 1994a.
- CRUZ, C.D., CARVALHO, S.P., VENCOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética. II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência genética de progenitores. **Revista Ceres**, v.41, n.234, p.183-190, 1994b.
- CRUZ, C.D., PEREIRA, V.A., VENCOVSKY, R. A proposal for analysis of genetic divergence among germplasm bank accessions. **Revista Brasileira de Genética**, v.14, n.4, p.991-999, 1991.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, MG: UFV, 1997. 442 p.

- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 1994. 390 p.
- CRUZ, C.D., VENCOSKY, R., CARVALHO, S.P. Estudos sobre divergência genética. III. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, v.41, n.234, p.191-201, 1994c.
- DADALTO, G.G., BARBOSA, C.A. **Zoneamento agroecológico para cultura do café no estado do Espírito Santo**. Vitória, ES: SEAG - ES, 1997. 28 p.
- DIAS, L.A.S. Análises multidimensionais. In: ALFENAS, A.C. (Ed.) **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins – fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos**. Viçosa, MG: UFV, 1998. Cap. 9, p.405-475.
- DIAS, L.A.S., KAGEYAMA, P.Y., CASTRO, G.C.T. Divergência genética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). **Agrotropica**, v.9, n.1, p.29-40, 1997.
- DIAS, L.A.S., KAGEYAMA, P.Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacao (*Theobroma cacao* L.). **Brazilian Journal of Genetics**, v.20, n.1, p.63-70, 1997a.
- DIAS, L.A.S., KAGEYAMA, P.Y. Repeatability and minimum harvest period of cacao (*Theobroma cacao* L.) in Southern Bahia. **Euphytica**, v.102, n.1, p.29-35, 1998.
- DIAS, L.A.S., KAGEYAMA, P.Y. Temporal stability of multivariate genetic divergence in cacao (*Theobroma cacao* L.) in Southern Bahia conditions. **Euphytica**, v.93, n.2, p.181-187, 1997b.
- DUBLIN, P. L'amélioration du caféier robusta en République Centrafricaine: dix années de sélection clonale. **Café Cacao Thé**, v.11, n.2, p.101-138, 1967.
- FALCONER, D.R. **Introduction to quantitative genetics**. 2. ed. London: Longman, 1981. 340 p.
- FEITOSA, L.R. **Carta agroclimática do Espírito Santo**. Vitória, ES: EMCAPA, 1986. (Mapa).
- FERRÃO, M.A.G. **Tolerância do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) ao frio: análise dialélica, divergência genética e correlação entre caracteres**. Viçosa, MG: UFV, 1997. 123p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1997.
- FERREIRA, R.P. **Análises biométricas da tolerância do arroz (*Oryza sativa* L.) à toxidez de alumínio**. Viçosa, MG: UFV, 1995. 123p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1995.
- FERWERDA, F.P. Breeding of *Coffea canephora*. In: FERWERDA, F.P., WIT, F. (Eds.) **Coffee: *Coffea arabica* L. and *Coffea canephora* Pierre ex**

- Froehner.** Wageningen, The Netherlands: Agricultural University, 1969. p.216-241. (Miscellaneous Papers, 4).
- FISHER, R.A. The use of multiple measurements in taxonomic problems. **Ann. Eugenics**, v. 7, p. 179-188, 1936.
- FONSECA, A.F.A. da. Variedades clonais de café conilon. In: SIMPÓSIO ESTADUAL DO CAFÉ, 1, 1995, Vitória. **Anais...** Vitória, ES:CETCAF, 1995. p 29-33.
- FONSECA, A.F.A. Propagação assexuada de *Coffea canephora* no Estado do Espírito Santo. In: PAIVA, R. (Ed.). WORKSHOP SOBRE AVANÇOS NA PROPAGAÇÃO DE PLANTAS LENHOSAS. 1996, Lavras. **Proceedings...** Lavras: UFLA, 1996. p.31-34.
- FONSECA, R.J., ANDRADE, M.J.B., FERREIRA, D.F. Divergência genética em germoplasmas de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) coletado no sul de Minas Gerais. **Ciência e Prática**, v.19, n.4, p. 383-389, 1995.
- GHADERI, A., ADANS, M.W., NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. **Crop Science**, v.24, n.1, p. 37-42, 1984.
- HANSCH, P.E. Response to selection. In: MOORE, J.N., JANICK, J. (Eds). **Methods in fruit breeding**. West Lafayette, Indiana: Purdue University Press, 1983. Cap.11, p.154-171.
- LASHERMES, P., COUTURON, E., CHARRIER, A. Combining ability of doubled haploids in *Coffea canephora* P. **Plant Breeding**, v.112, n.4, p.330-337, 1994b.
- LASHERMES, P., COUTURON, E., CHARRIER, A. Doubled haploids of *Coffea canephora*: development, fertility and agronomic characteristics. **Euphytica**, v.74, n.2, p.149-157, 1994a.
- LASHERMES, P., COUTURON, E., MOREAU, N., PAILLARD, M., LOUARN, J. Inheritance and genetic mapping of self-incompatibility in *Coffea canephora* Pierre. **Theoretical and Applied Genetics**, v.93, n.3, p.458- 462, 1996a.
- LASHERMES, P., TROUSLOT, P., ANTHONY, F., COMBES, M.C., CHARRIER, A. Genetic diversity for RAPD markers between cultivated and wild accessions of *Coffea arabica*. **Euphytica**, v.87, n.1, p.59-64, 1996b.
- LERNER, I.M. **The genetic basis of selection**. New York: John Wiley & Sons, 1977. 298 p.
- LEROY, T., CHARMETANT, P., YAPO, A. Application de la sélection récurrente réciproque au caféier *Coffea canephora* Pierre: premiers résultats du programme réalisé en Côte d'Ivoire. **Café Cacao Thé**, v.35, n.2, p.95-103, 1991.

- LEROY, T., MONTAGNON, C., CHARRIER, A., ESKEES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. I. Characterization and evaluation 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., ESKEES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. II. Estimation of genetic parameters. **Euphytica**, v.74, n. 1-2, p.121-128, 1994.
- LEROY, T., MONTAGNON, C., CILAS, C., YAPO, A., CHARMETENT, P., ESKEES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre III. Gentic gains and results of first cycle intergroup crosses. **Euphytica**, v.95, n.3, p.347-354, 1997.
- LU, R., RANK, G.H. Use of RAPD analyses to estimate population genetic parameters in the alfafa leaf-cutting bee, *Megachile rotundata*. **Genome**, v.39, n.4, p.655 - 663, 1996.
- MADEIRA, A.D. Comercialização de café: interno/externo e tendências. In: SIMPÓSIO ESTADUAL DO CAFÉ, 1, 1995, Vitória. **Anais...** Vitória: CETCAF, 1995. p.1-10.
- MALTA, M.M. Brasil - novo produtor de café robusta. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL DO CAFÉ ROBUSTA, 1. 1986, Vitória. **Anais...** Vitória: SEAG-ES, p.19-28.
- MANLY, B.F.J. **Multivariate statistical methods**. London: Chapman & Hall, 1986. 159 p.
- MARDIA, K.V., KENT, J.T., BIBBY, J.M. **Multivariate analysis**. New York: Academic, 1979. 521 p.
- MATIELLO, J.B. **Café conillon**. Rio de Janeiro: MAA; SDR; PROCAFÉ; PNFC, 1998. 162 p.
- MATSUYAMA, T., MOTOHASHI, R., AKIHAMA, T., OMURA, M. DNA fingerprinting in *Citrus* cultivars. **Japan Journal Breeding**, v. 42, n.1, p.155-159, 1992.
- MIRANDA, J.E.C., CRUZ, C.D., COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annunn*) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, n. 19, 127-134, 1988.
- MONCADA, P., CASLER, M.D., CLAYTON, M.K. An approach to reduce the time required for bean yield evaluation in coffee breeding. **Crop Science**, v.33, n.3, p. 448-452. 1993.
- MONTAGNON, C., LEROY, T., YAPO, A. Diversité génotypique et phénotypique de quelques groupes de caféiers (*Coffea canephora* Pierre) en collection. **Café Cacao Thé**, v. 36, n. 3, p.187-197, 1992.

- MORAIS, O.P. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando macho-esterilidade.** Viçosa, MG: UFV, 1992. 251p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1992.
- NEWBURY, H.J., FORD-LLOYD, B.V. The use of RAPD for assessing variation in plants. **Plant Growth Regulation**, v.12, n.1, p.43-51. 1993.
- OLIVEIRA, E.J. de. **Análise multivariada no estudo de divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.).** Viçosa, MG: UFV, 1989. 91p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1989.
- OLIVEIRA JÚNIOR, A. **Metodologias de análise de dialelo circulante e de meia-tabela desbalanceados e correlações inter e intrapopulacionais: exemplo com a cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.).** Viçosa, MG: UFV, 1995. 136p. (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1995.
- OROZCO-CASTILLO, C., CHALMERS, K.J., WAUGH, R., POWELL, W. Detection of genetic diversity and selective gene introgression in coffee using RAPD markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.87, n.8, p.934-940. 1994.
- PAILLARD, M., LASHERMES, P., PÉTIARD, V. Construction of a molecular linkage map in coffee. **Theoretical and Applied Genetics**, v.93, n.1-2, p.41-47. 1996.
- PAULINO, A.J., MATIELLO, J.B., PAULINI, J.B., BRAGANÇA, J.B. **Cultivo do café Conilon.** Rio de Janeiro, RJ: IBC; GERCA, 1984. 32p. (IBC/GERCA. Instruções técnicas sobre a cultura de café no Brasil, 16).
- PEREIRA, A.V. **Utilização da análise multivariada na caracterização de germoplasmas de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz.).** Piracicaba, SP: ESALQ, 1989. 180 p. Dissertação (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1989.
- RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B., ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas alógamas – aplicações ao melhoramento do feijoeiro.** Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research.** New York: John Willey & Sons, 1952. 390 p.
- REGAZZI, A.J. **Análise multivariada - análise discriminante.** Viçosa, MG: UFV, 1997. 34 p. (Notas de aula da disciplina INF 766).
- RENA, A.B., BARROS, R.S., MAESTRI, M., SÖNDAHL, M.R. In: SCHAFFER, B., ANDERSEN, P.C. (Eds.) **Handbook of environmental physiology of fruit crops. II. Sub-tropical and tropical crops.** USA: CRC Press, 1994. v.2, Cap.5, p.101-122.

- RUTLEDGE, J.J. A scaling which remove bias of Abeywardena's estimator of repeatability. **Journal Genetics**, v.61, p.247-254, 1974.
- SANTOS, C.A.F., MENEZES, E.A., ARAUJO, F. P. de Divergência genética em acessos de guandu. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.29, n.11, p.1723- 1726, 1994.
- SCHNEIDER, K.A., BROTHERS, M.E., KELLY, J.D. Marker-assisted selection to improve drought resistance in common bean. **Crop Science**, v.37, n.1, p.51-60, 1997.
- SÖNDAHL, M.R., LAURITIS, J.A. Coffee. In: HAMMERSCHLAG, F.A., LITZ, R.E. (Eds.) **Biotechnology of perennial fruit crops**. Cambridge: C.A.B International, 1992. Cap. 17, p.401- 466.
- STEEL, R.G., TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. New York: McGraw-hill, 1960. 428 p.
- TRISTÃO, J. Perspectivas do mercado interno brasileiro de café. In: SIMPÓSIO ESTADUAL DO CAFÉ, 21995, Vitória. **Anais...** Vitória: CETCAF, 1995. p.36-42.
- TURNER, H.N., YOUNG, S.Y. **Quantitative genetics in sheep breeding**. Ithaca: Cornell University, 1969. 332 p.
- VEILLEUX, R.E. Development of new cultivars via anther culture. **Horticultural Science**, v.29, n.11, p.1238-1241, 1994.
- VELLO, F., GARIA, J.R., MAGALHÃES, W.S. Produção e seleção de cacauzeiros híbridos na Bahia. **Revista Theobroma**, v.2, n.3, p.15-35,1972.
- VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, SP: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., VIEGAS, G.P. (Eds.) **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p.137-214.
- VOSSSEN, H.A.M. Coffee selection and breeding. In: CLINFFORT, M.N., WILLSON, K.C. (Eds.) **Coffee - botany, biochemistry and production of beans and beverage**. London; Sidney: Croom Helm, 1985. Cap.3, p. 48-96.
- YANG, W., OLIVEIRA, A.C. de, GODWIN, I., SCHERTZ, K., BENNETZEN, J.L. Comparison of DNA marker technologies in characterizing plant genome diversity: variability in chinese sorghums. **Crop Science**, v.36, n.12, p.1669-1676, 1996.

APÊNDICE

APÊNDICE

Quadro 1A - Percentual de grãos chatos retidos em peneiras de 18 a 09 para os 80 genótipos estudados

Tratamento/ Genótipo	Grãos chatos retidos em diferente peneiras (%)									
	18	17	16	15	14	13	12	11	10	09
01/ES 13	0,00	0,00	0,00	2,94	19,42	26,27	27,66	15,57	4,33	3,80
02/ES 01	2,49	14,38	32,39	32,60	12,13	3,39	1,59	1,02	0,00	0,00
03/ES 60	0,00	0,00	2,91	13,95	31,88	28,27	13,35	8,45	0,70	0,48
04/ES 61	0,00	0,00	0,00	14,07	41,70	30,72	9,98	2,22	0,91	0,41
05/ES 62	0,00	3,99	16,25	35,01	27,77	10,57	4,32	1,32	0,78	0,00
06/ES 63	7,30	22,58	36,09	18,01	8,11	3,96	2,60	1,09	0,27	0,00
07/ES 03	0,00	0,00	1,31	9,82	34,99	33,76	14,97	2,73	2,08	0,35
08/ES 16	0,00	0,00	0,00	4,86	28,53	36,16	21,94	5,99	1,97	0,56
09/ES 39	0,00	0,00	3,58	25,85	45,73	19,33	4,17	0,80	0,42	0,13
10/ES 28	0,00	0,00	0,00	0,00	0,46	8,08	44,03	29,84	15,23	2,37
11/ES 12	0,00	4,60	21,20	39,99	23,70	7,75	2,19	0,58	0,00	0,00
12/ES 64	1,34	8,08	19,24	23,50	27,35	12,78	5,44	2,27	0,00	0,00
13/ES 30	8,02	29,53	37,07	16,70	5,54	1,71	1,02	0,24	0,16	0,00
14/ES 65	7,39	15,10	25,46	23,81	16,20	6,66	3,51	1,19	0,68	0,00
15/ES 36	5,91	22,74	33,09	20,25	11,08	4,10	1,46	1,37	0,00	0,00
16/ES 07	0,00	0,92	9,50	27,08	36,66	16,53	6,15	2,28	0,72	0,16
17/ES 66	0,00	1,54	12,75	34,09	34,15	14,45	2,44	0,58	0,00	0,00
18/ES 09	0,00	3,28	18,83	36,34	26,22	8,81	4,60	1,48	0,44	0,00
19/ES 11	6,18	20,43	32,83	24,52	10,52	3,52	1,19	0,82	0,00	0,00
20/ES 14	3,38	16,84	33,25	26,79	12,86	4,36	2,01	0,51	0,00	0,00
21/ES 25	2,45	11,00	33,50	35,17	13,56	2,64	1,52	0,16	0,00	0,00
22/ES 67	0,00	0,85	6,50	30,60	37,64	16,66	5,75	1,65	0,36	0,00
23/ES 68	0,00	2,28	15,10	26,40	25,24	14,82	7,87	6,43	1,56	0,32
24/ES 22	2,73	10,51	22,10	27,72	21,26	9,67	4,29	1,04	0,56	0,12
25/ES 08	2,35	11,05	32,27	32,69	15,26	4,37	1,29	0,72	0,00	0,00
26ES 69	0,00	2,18	7,45	22,22	36,47	18,58	8,76	2,98	0,80	0,55
27/ES 70	4,44	8,41	18,86	33,56	22,40	8,09	2,79	1,14	0,31	0,00
28/ES 23	0,61	1,62	8,38	29,27	35,28	16,54	4,91	2,37	0,66	0,35
29/ES 27	4,17	18,62	36,35	25,25	10,69	3,84	0,78	0,30	0,00	0,00
30/ES 71	0,00	0,00	1,11	10,76	29,70	29,54	17,20	7,43	2,65	1,62

Quadro 1A, Cont.

Tratamento/ Genótipo	Grãos chatos retidos em diferente peneiras (%)									
	18	17	16	15	14	13	12	11	10	09
31/ES 72	13,66	11,62	15,98	25,81	21,58	8,41	1,82	1,11	0,00	0,00
32/ES 73	1,38	8,42	27,42	31,94	18,51	6,88	2,48	1,87	0,81	0,28
33/ES 74	9,95	19,44	24,55	25,16	14,26	4,19	1,68	0,46	0,30	0,00
34/ES 75	0,00	0,00	4,17	20,70	41,61	22,98	8,18	1,85	0,52	0,00
38/ES 10	0,00	0,00	2,02	15,29	45,13	25,68	7,52	2,71	0,93	0,73
39/ES 02	0,00	4,57	23,85	34,97	22,78	8,24	3,28	2,30	0,00	0,00
40/ES 20	5,04	17,99	37,57	22,84	10,31	3,30	1,47	0,81	0,66	0,00
41/ES 78	2,60	14,47	43,16	26,92	8,53	2,64	1,69	0,00	0,00	0,00
42/ES 79	0,00	1,15	3,02	8,47	33,03	35,04	15,37	3,21	0,72	0,00
43/ES 31	0,00	1,26	4,99	16,65	35,60	25,89	12,06	2,99	0,56	0,00
44/ES 18	0,00	0,00	16,54	47,17	26,25	6,50	2,67	0,54	0,33	0,00
45/ES 80	5,96	10,59	14,60	24,34	25,80	11,93	4,75	1,58	0,24	0,20
46/ES 19	12,01	25,93	33,35	18,40	5,68	2,67	1,36	0,60	0,00	0,00
47/ES 81	0,00	0,00	0,00	12,22	47,06	26,31	10,44	2,78	1,00	0,18
48/ES 05	2,79	12,20	35,39	30,74	11,44	4,05	2,49	0,89	0,00	0,00
49/ES 15	0,00	4,96	18,26	36,28	27,74	8,39	2,90	1,03	0,44	0,00
50/ES 82	0,00	0,73	8,24	26,87	38,38	18,67	5,08	1,50	0,54	0,00
51/ES 83	4,34	8,17	20,17	31,47	24,39	7,00	2,97	0,94	0,55	0,00
52/ES 84	0,00	0,00	1,30	9,82	37,83	33,81	13,73	2,45	0,87	0,20
53/ES 85	7,44	23,29	34,66	20,14	7,87	3,11	1,97	1,53	0,00	0,00
54/ES 34	0,00	2,19	13,72	38,79	28,30	11,01	4,13	1,30	0,40	0,16
55/ES 38	0,00	0,00	0,00	14,62	38,66	28,43	12,05	3,43	1,86	0,96
56/ES 26	0,00	0,00	3,20	13,11	33,11	27,43	15,35	5,40	1,68	0,72
57/ES 21	11,15	20,64	31,31	21,20	10,29	3,80	1,28	0,33	0,00	0,00
58/ES 86	0,00	0,00	3,74	18,33	42,36	25,20	7,39	2,71	0,28	0,00
59/ES 87	0,00	3,12	24,06	35,23	22,20	10,10	3,21	1,72	0,37	0,00
60/Sem,c	5,01	20,31	41,83	21,81	8,42	1,68	0,94	0,00	0,00	0,00
61/ES 35	0,00	7,43	28,14	43,27	17,00	2,82	0,85	0,49	0,00	0,00
62/ES 88	1,16	14,67	42,64	26,89	10,93	2,37	1,33	0,00	0,00	0,00
63/ES 89	0,00	0,00	3,63	23,02	43,81	22,02	5,36	1,39	0,46	0,31
64/ES 90	0,00	0,00	1,78	14,11	45,85	23,82	9,67	3,03	1,37	0,37
65/ES 19	0,00	2,14	16,49	34,53	31,14	11,81	3,34	0,55	0,00	0,00
66/ES 06	0,00	1,61	19,18	42,18	24,64	8,30	3,08	1,00	0,00	0,00
67/ES 37	0,00	1,01	6,16	36,58	39,29	11,19	4,15	0,87	0,44	0,31
68/ES 92	0,00	0,00	10,05	27,01	33,06	16,43	9,28	2,94	0,74	0,49

Quadro 1A, Cont.

Tratamento/ Genótipo	Grãos chatos retidos em diferente peneiras (%)									
	18	17	16	15	14	13	12	11	10	09
69/ES 93	3,41	15,74	29,98	27,37	15,07	4,44	2,20	1,04	0,75	0,00
70/ES 94	0,66	3,03	8,60	23,80	30,68	15,98	8,52	5,65	2,79	0,29
71/Sem,b	0,83	2,57	9,08	17,41	35,08	21,38	9,55	2,66	1,00	0,44
72/Sem,a	0,00	2,18	15,98	34,30	28,62	11,47	4,93	1,69	0,82	0,00
73/ES 95	0,00	4,66	25,71	38,95	21,30	5,87	2,43	1,09	0,00	0,00
74/ES 96	0,79	8,21	25,66	38,74	17,60	6,56	1,38	0,71	0,35	0,00
75/ES 97	0,00	2,22	14,73	40,80	25,48	9,43	3,99	1,86	1,04	0,45
76/ES 98	5,81	18,15	33,59	25,57	11,80	2,75	1,21	0,68	0,43	0,00
77/ES 17	0,00	1,29	15,41	35,52	30,60	11,78	3,15	1,21	0,60	0,43
78/ES 99	0,00	1,64	17,99	42,41	28,49	7,22	1,64	0,61	0,00	0,00
79/ES100	4,64	16,21	31,83	26,59	15,85	3,62	0,90	0,35	0,00	0,00
80/ES101	0,00	0,00	3,52	19,36	34,88	23,44	11,61	3,61	2,31	1,26

Quadro 2A - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica correspondentes às combinações de 16 caracteres^{1/} de 32 genótipos de café (*Coffea canephora*)

Caracteres	DMC	AMP	P89	P90	P91	P92	P1000	M13	M12	GCH	GCO	IR	PGCH	EC	PS13
NHP	0,687	0,399	-0,059	0,048	-0,137	-0,074	0,074	0,060	0,115	0,195	0,040	0,294	0,111	0,072	0,101
DMC		0,585	-0,169	0,257	0,213	0,121	0,175	0,053	0,223	0,149	0,012	-0,046	0,160	0,338	0,168
AMP			0,108	0,360	0,380	0,098	0,049	-0,020	0,108	0,062	-0,032	-0,233	0,004	0,059	0,021
P89				0,481	0,399	0,117	-0,168	-0,051	-0,046	-0,339	-0,335	-0,383	-0,188	-0,114	0,393
P90					0,464	0,155	-0,119	-0,109	-0,027	-0,337	-0,185	-0,653	-0,099	0,276	0,221
P91						0,202	0,024	-0,077	0,187	-0,034	-0,326	-0,449	-0,013	0,078	0,181
P92							0,359	0,408	0,169	0,179	0,142	-0,255	0,111	0,170	0,015
P1000								0,707	0,804	0,265	-0,014	-0,055	0,897	-0,066	0,683
M13									0,702	0,324	-0,108	0,091	0,523	0,086	0,277
M12										0,324	-0,079	-0,009	0,792	-0,095	0,475
GCH											0,234	0,499	0,262	-0,153	0,387
GCO												0,352	0,038	0,175	0,147
IR													-0,007	-0,182	0,149
PGCH														-0,136	0,837
EC															0,183

^{1/} NHP = número de hastes/planta; DMC = diâmetro médio do caule; AMP = altura média de plantas; P89, P90, P91 e P92 = produção média de grãos nos anos de 1989, 1990, 1991 e 1992, respectivamente.