

ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE *Coffea canephora* DO INCAPER COM BASE EM CARACTERES FENOTÍPICOS¹

João Felipe de Brites Senra²; Rodolfo Ferreira de Mendonça³; Matheus Wandermurem da Silva⁴; Charlene Candida Rangel⁵

¹Trabalho financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES) e pelo Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café – Consórcio Pesquisa Café;

²Pesquisador, DSc, Incaper, Cachoeiro de Itapemirim-ES, joao.senra@incaper.es.gov.br;

³Pós-Doutorando, DScs, CNPq, Cachoeiro de Itapemirim-ES, rodolfofmdonca@gmail.com;

⁴Bolsista Consórcio Pesquisa Café, matheus_wandermurem@hotmail.com;

⁵Pesquisadora, MS, Escola Família Agrícola de Cachoeiro de Itapemirim/MEPES, chacharangel@hotmail.com.

RESUMO: Este trabalho objetivou analisar a variabilidade genética de 50 acessos pertencentes ao banco ativo de germoplasma (BAG) de *Coffea canephora* do Incaper por meio dos métodos de agrupamento otimizado de Tocher Modificado e hierárquico UPGMA com base nas matrizes de distância estatística estimadas pela Distância Euclidiana Média Padronizada de características quantitativas referentes à arquitetura da planta e potencial de produção. A pesquisa ocorreu no BAG de *Coffea canephora* da Fazenda Experimental de Bananal do Norte (FEBN), pertencente ao Centro de Pesquisa Regional Sul do Incaper em Pacotuba, distrito do município de Cachoeiro de Itapemirim. O BAG encontra-se no segundo ano de plantio, num espaçamento de três metros entre linhas e um metro e meio entre plantas com 500 acessos e três plantas cada e é circundado por uma linha de bordadura com genótipos diversos. Foram avaliados 50 acessos sendo que cinco destes são clones que compõem variedades utilizadas pelos produtores capixabas, sendo esses: acesso 1, clone 405 da variedade Marilândia (ES8143); acessos 2 e 3, clones 102 e 108, respectivamente, da variedade Diamante (ES8112); acessos 4 e 5, clones 3 e 12, respectivamente, da variedade Vitória (ES8142). Foram mensuradas 30 características para descrever a arquitetura da planta e 10 para descrever o potencial de produção dos acessos. Com estes dados foram estimadas duas distâncias estatísticas utilizando a metodologia da Distância Euclidiana Média Padronizada (DEMP), gerando duas matrizes de distâncias. Com base nestas matrizes os acessos foram agrupados pelo método de otimização de Tocher Modificado e o método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages*). Todas as análises estatísticas descritas foram realizadas no aplicativo computacional GENES. A matriz de distâncias para arquitetura das plantas estimou que o maior valor foi entre os acessos nove e dez (0.524), e os acessos mais próximos são 20 e 46 (0.127). A matriz de distâncias para potencial de produção estimou que a maior distância foi entre os acessos dez e 29 (0.578) e as menores entre os acessos 32 e 43 (0.069). Os resultados dos agrupamentos de Tocher para as matrizes referentes à arquitetura da planta e potencial de produção formaram cinco grupos. Os dendrogramas dos agrupamentos UPGMA foram submetidos a um corte a 70% do nível de fusão dos grupos. Para arquitetura da planta foram formados 11 grupos nos quais os acessos nove, 25 e 45 formam grupos isolados e o acesso dez agrupou com o acesso 12 e o acesso três. Para potencial de produção foram formados seis grupos, sendo que quatro são grupos isolados compostos por apenas um indivíduo, os acessos um, dez, 16 e 27. Os acessos dois, três, quatro e cinco agruparam com os demais. Para as características potencial produtivo o acesso dez caracteriza-se como um dos mais divergentes, seguido do 16. Conclui-se que existe variabilidade genética no BAG do Incaper com acessos passíveis de seleção para os próximos programas de melhoramento da instituição; os acessos dez e 12 apresentam proximidade fenotípica ao três, o clone 108 da variedade Diamante; os acessos dez e 16 apresentam divergência genética com os demais, destacando-se como fortes candidatos ao processo de seleção; os acessos dez e 16 podem ser utilizados no futuro para cruzamentos controlados com os acessos um a cinco para maximizar a heterose e ampliar a base genética; o método UPGMA apresentou um potencial de discriminação dos acessos maior do que Tocher modificado, mas ambos são necessários para uma melhor compreensão da variabilidade genética.

PALAVRAS-CHAVE: diversidade, agrupamentos, distância estatística

ANALYSIS OF THE GENETIC VARIABILITY OF THE ACTIVE GERMOPLASMA BANK OF *Coffea canephora* OF INCAPER BASED ON PHENOTYPIC CHARACTERS

ABSTRACT: The objective of this work was to analyze the genetic variability of 50 accessions belonging to the Incaper *Coffea canephora* active germplasm bank (BAG) by means Methods modified Tocher Optimized Grouping and hierarchical UPGMA based on the statistical distance matrices estimated by the Standard Euclidean Average Distance of quantitative characteristics referring to the plant architecture and production potential. The research was carried out in the active germplasm bank (BAG) of *Coffea canephora* of the Experimental Farm of Bananal do Norte (FEBN), belonging to the Southern Regional Research Center of the Incaper in Pacotuba, district of the municipality of Cachoeiro de Itapemirim. The BAG is in the second year of planting, at a spacing of three meters between rows and one and a half meters between plants with 500 accesses and three plants each and is surrounded by a border line with various genotypes. Fifty accessions were evaluated, five of which are clones that make up varieties used by the

capixabas producers: access 1, clone 405 of the Marilândia variety (ES8143); accesses 2 and 3, clones 102 and 108, respectively, of the Diamante variety (ES8112); accesses 4 and 5, clones 3 and 12, respectively, of the variety Vitória (ES8142). We measured 30 characteristics to describe the architecture of the plant and 10 to describe the production potential of the accesses. Based on these data, two statistical distances were estimated using the Standardized Euclidean Mean Distance (DEMP) methodology, generating two matrices of distances. Based on these matrices the accessions were grouped by the method optimization modified Tocher and the method hierarchical UPGMA. All the statistical analyzes described were performed in the GENES software application. The distance matrix for plant architecture estimated that the longest distance was between accesses nine and ten (0.524), and the nearest accesses are 20 and 46, (0.127). The distance matrix for production potential estimated that the greatest distance was between accesses 10 and 29 (0.578), and the lowest between accesses 32 and 43 (0.069). The results of the Tocher groupings for the matrices related to the plant architecture and production potential formed five groups. The dendrograms of the UPGMA clusters were subjected to a cut at 70% of the melting level of the groups. For plant architecture 11 groups were formed in which accesses nine, 25 and 45 formed isolated groups and access ten grouped with access 12 and access three. For production potential, six groups were formed, four of which were formed by only one individual, in the case of accesses one, ten, 16 and 27. Accesses two, three, four and five grouped with the other accesses. For the productive potential characteristics, ten access is characterized as one of the most divergent, followed by 16. It is concluded that there is genetic variability in the Incaper BAG with selectable accesses for the next breeding programs of the institution; the ten and 12 access presents phenotypic proximity to the three, clone 108 of the Diamante variety; the accesses ten and 16 show genetic divergence with the others and stand out as strong candidates for the selection process; the accesses 10 and 16 may be used in the future for controlled crosses with accesses one to five to maximize heterosis and broaden the genetic base; the UPGMA method presented a potential discrimination of accessions greater than the modified Tocher, but both are necessary for a better understanding of the genetic variability.

KEY WORDS: diversity, cluster, statistical distance

INTRODUÇÃO

A cafeicultura é uma das principais atividades do agronegócio brasileiro e o estado do Espírito Santo possui grande destaque neste cenário. O estado ocupa menos de 0,5% do território brasileiro e destaca-se como o segundo maior produtor nacional com 12,8 milhões de sacas, sendo 4,5 milhões de sacas de café arábica (*Coffea arabica* L.) e 8,3 milhões de sacas de café conilon/robusta (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner), caracterizando o estado como o maior produtor de café conilon do país (CONAB, 2018). Entre as 124 espécies pertencentes ao grupo do gênero *Coffea* apenas *Coffea arabica* L. e *Coffea canephora* apresentam importância econômica (DAVIS et al., 2011, 2012). A espécie *C. canephora* é originária das florestas tropicais das terras baixas da África, que se estendem da Guiné até Uganda (SOLÓRZANO et al., 2017). Berthaud (1986) foi o primeiro autor a descrever a diversidade genética do gênero *Coffea*, identificando dois grupos genéticos distintos com base em seus respectivos centros de diversidade: o grupo Guineano, formado por genótipos da África Ocidental (Guiné e Costa do Marfim), e o grupo Congolês, formado por genótipos da África Central. Para o melhoramento de plantas é importante conhecer e quantificar as fontes de variabilidade genética, pois estas determinarão a viabilidade do processo de seleção. A variabilidade genética observada em *C. canephora* deve-se a sua grande distribuição geográfica, ao processo de domesticação e à alogamia natural da espécie (BABOVA et al., 2016). No Brasil as principais coleções de germoplasma desta encontram-se em instituições governamentais que desenvolvem programas de melhoramento genético como o Instituto Agronômico de Campinas (IAC), a Universidade Federal de Viçosa (UFV), a Embrapa Rondônia e o Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper) (SOUZA et al., 2013). O melhorista deve conhecer adequadamente o germoplasma disponível, o desempenho individual dos diferentes acessos, a capacidade de combinação e a variabilidade genética existente (STRECK et al., 2017) por meio da distância estatística estimada por técnicas multivariadas. A estimativa da distância é uma forma de prever a variabilidade genética. Exemplos da eficiência da utilização de técnicas multivariadas foram obtidas nas culturas como algodão (MENEZES et al., 2008), aveia (VIEIRA; CARVALHO; OLIVEIRA, 2005), feijão (CEOLIN et al., 2007), milho (COIMBRA et al., 2010), trigo (BERTAN et al., 2009) e arroz (AREIAS et al., 2006; BENITEZ et al., 2011; VANNIARAJAN; VINOD; PEREIRA, 2012). Portanto, em virtude da importância do conhecimento da variabilidade genética do banco ativo de germoplasma (BAG) de *Coffea canephora* do Incaper, este trabalho objetiva analisar a variabilidade genética de 50 acessos pertencentes ao BAG por meio dos métodos de agrupamento otimizado de Tocher Modificado e hierárquico UPGMA com base nas matrizes de distância estatística estimadas pela Distância Euclidiana Média Padronizada de características quantitativas referentes à arquitetura da planta e potencial de produção.

MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa ocorreu no banco ativo de germoplasma (BAG) de *Coffea canephora* da Fazenda Experimental de Bananal do Norte (FEBN), pertencente ao Centro de Pesquisa do Regional Sul do Incaper em Pacotuba, distrito do município de Cachoeiro de Itapemirim. O BAG encontra-se no segundo ano de plantio, num espaçamento de três metros entre linhas

e um metro e meio entre plantas com 500 acessos e três plantas cada e é circundado por uma linha de bordadura com genótipos diversos. O manejo da adubação segue a recomendação do manual de adubação e calagem para o estado do Espírito Santo (PREZOTTI et al., 2007). Os tratos culturais e fitossanitários foram realizados de acordo com a exigência da cultura seguindo as atuais recomendações para o café conilon descritas por Ferrão et al. (2017). Foram avaliados 50 acessos sendo que cinco destes são clones que compõem variedades utilizadas pelos produtores capixabas sendo esses: acesso 1, clone 405 da variedade Marilândia (ES8143); acessos 2 e 3, clones 102 e 108, respectivamente, da variedade Diamante (ES8112); acessos 4 e 5, clones 3 e 12, respectivamente, da variedade Vitória (ES8142). Foram avaliadas as seguintes características quantitativas: (1) Número de ramos ortotrópicos (NR); (2) Ramos ortotrópicos lançados por planta (ROL) (und); (3) Matéria fresca ROL (MFROL) (g); (4) Matéria seca ROL (MSROL) (g); (5) Comprimento do menor ramo ortotrópico (MERO) (cm); (6) Comprimento do maior ramo ortotrópico (MARO) (cm); (7) Diâmetro da base do caule (DBC) (mm); (8) Número de nós no MERO (NMERO) (und); (9) Número de nós no MARO (NMARO) (und); (10) Número de ramos plagiotrópicos na planta (NRP) (und); Comprimento do ramo plagiotrópico inferior (11) (CRPI) (cm), médio (12) (CRPM) (cm) e superior (13) (CRPS) (cm) representativos da planta respectivamente no terço inferior, médio e superior da planta; Número de nós nos ramos plagiotrópicos inferior (14) (NRPI) (und), médio (15) (NRPM) (und) e superior (16) (NRPS) (und); Número de folhas lançadas nos ramos plagiotrópicos inferior (17) (NFPI) (und), médio (NFPM) (18) (und) e superior (19) (NFPS) (und); (20) Diâmetro maior da projeção da copa no sentido paralelo à linha de plantio (DC) (cm); (21) Comprimento médio dos entrenós MERO (CEMERO) (cm); (22) Comprimento médio dos entrenós MARO (CEMARO) (cm); Comprimento médio dos entrenós do ramo plagiotrópicos inferior (23) (CERPI) (cm), médio (24) (CERPM) (cm) e superior (25) (CERPS) (cm); Número de rosetas no ramo plagiotrópicos inferior (26) (NROPI) (und), médio (27) (NROPM) (und) e superior (28) (NROPS) (und); Número de grãos no ramo ortotrópico maior (29) (NGMARO) (und) e menor (30) (NGMERO) (und); Número de grãos no ramo plagiotrópicos inferior (31) (NGRPI) (und), médio (32) (NGRPM) (und) e superior (33) (NGRPS) (und); Porcentagem de grãos (34) verdes, (35) maduros e (36) secos, com base em amostragens dos frutos colhidos por acesso; (37) Porcentagem de grãos boa, com base em uma amostragem de 100 grãos maduros colhidos por acesso; (38) Produção média de cada acesso em kg de café colhido por planta; (39) Número de plantas vivas, variando de uma a três plantas por acesso; e (40) intervalo de tempo, em dias, entre a florada e a colheita.

As características numeradas entre parênteses de 1 a 30 foram utilizadas para descrever a arquitetura da planta e a 31 a 40 para descrever o potencial de produção dos acessos. Com estes dados foram estimadas duas distâncias estatísticas utilizando a metodologia da Distância Euclidiana Média Padronizada (DEMP), gerando duas matrizes de distância. Com base nestas matrizes os acessos foram agrupados pelo método de otimização de Tocher Modificado (VASCONCELOS et al., 2007) e o método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages*). Todas as análises estatísticas descritas foram realizadas no aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A DEMP trabalha com dados padronizados e adimensionais nos quais as observações variam de 0 a 1 possibilitando que as contribuições das variáveis sejam equivalentes numa análise de agrupamento. Desta forma, espera-se que as distâncias entre os indivíduos não sejam influenciadas pela magnitude das unidades características e que todas tenham o mesmo poder discriminatório. A matriz de distâncias para arquitetura das plantas estimou que a maior distância foi entre os acessos nove e dez (0.524), e os acessos mais próximos são 20 e 46 (0.127). A matriz de distâncias para potencial de produção estimou que a maior distância foi entre os acessos dez e 29 (0.578), e as menores entre 32 e 43 (0.069). Os resultados dos agrupamentos otimizados de Tocher para as matrizes referentes à arquitetura da planta e potencial de produção formaram cinco grupos, conforme as Tabelas 1 e 2.

Tabela 1. Resultado do agrupamento otimizado de Tocher Modificado baseado na distância euclidiana média padronizada dos dados referentes à arquitetura da planta

Grupos	Indivíduos
1	20, 46, 34, 16, 36, 33, 48, 43, 35, 6, 39, 31, 18, 11, 7, 1 , 22, 37, 14, 21, 29, 13, 19, 38, 8, 17, 49, 26, 2 , 28, 32, 5 , 44, 47, 40, 12, 30, 41
2	4 , 23, 3 , 42, 15
3	27, 45, 50, 9
4	24, 25
5	10

* Os números destacados em negrito são referentes aos acessos 1, clone 405 da variedade Marilândia (ES8143); 2 e 3, clones 102 e 108, respectivamente, da variedade Diamante (ES8112); 4 e 5, clones 3 e 12, respectivamente, da variedade Vitória (ES8142)

Tabela 2. Resultado do agrupamento otimizado de Tocher Modificado baseado na distância euclidiana média padronizada dos dados referentes ao potencial de produção

Grupos	Indivíduos
1	32, 43, 45, 23, 4 , 21, 30, 41, 20, 13, 5 , 24, 33, 7, 3 , 19, 25, 31, 8, 35, 47, 38, 9, 14, 26, 37, 18, 22, 28, 6, 40, 12, 2 , 15, 42, 44, 34, 11, 49, 36, 48
2	17, 46, 39, 27
3	29, 50
4	10, 16
5	1

* Os números destacados em negrito são referentes aos acessos 1, clone 405 da variedade Marilândia (ES8143); 2 e 3, clones 102 e 108, respectivamente, da variedade Diamante (ES8112); 4 e 5, clones 3 e 12, respectivamente, da variedade Vitória (ES8142)

Os dendrogramas UPGMA para arquitetura da planta e potencial produtivo são demonstrados nas Figuras 1 e 2, respectivamente. Ambos foram submetidos a um corte a 70% do nível de fusão dos grupos. Esse nível de corte foi adotado por ser considerado o mais conservador para o trabalho em questão sem formar poucos grupos que iriam ofuscar alguns grupos ou dividir de forma desnecessária os pequenos subgrupos presentes. No dendrograma 1 verifica-se a formação de 11 grupos nos quais os acessos nove, 25 e 45 formam grupos isolados e o acesso dez agrupou com o acesso 12 e o acesso três, o clone 108 da variedade Diamante, demonstrando a proximidade destes acessos a um clone muito aceito pelos cafeicultores capixabas. Desta forma os acessos dez e 12 apresentam um fenótipo aceito pelos programas de melhoramento do Incaper e por não estar presente em nenhuma variedade este são fortes candidatos a formar futuras variedades. Os demais acessos um, dois, quatro e cinco foram divididos em grupos diferentes. No dendrograma 2 foram formados seis grupos, sendo que quatro são grupos formados por apenas um indivíduo, no caso os acessos um, dez, 16 e 27. Os acessos dois, três, quatro e cinco agruparam com os demais acessos. Para as características potencial produtivo o acesso dez caracteriza-se novamente com um dos mais divergentes, seguido do 16.

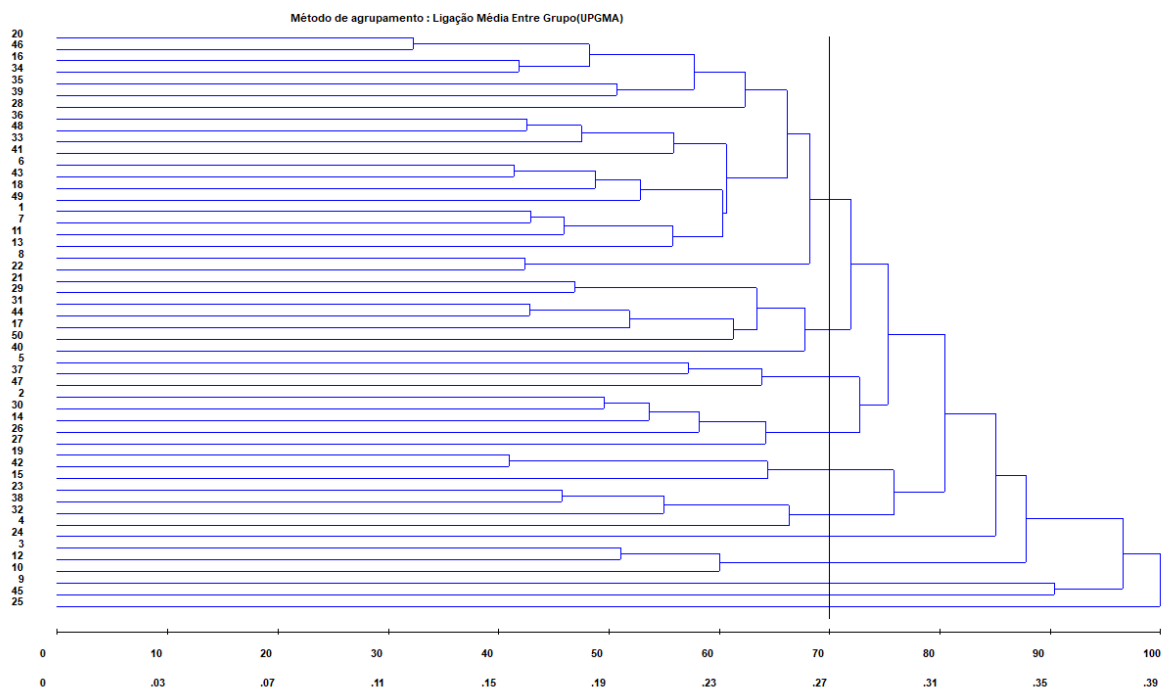


Fig.1. Dendrograma obtido pelo método UPGMA baseado na distância euclidiana média padronizada dos dados referentes à arquitetura da planta.

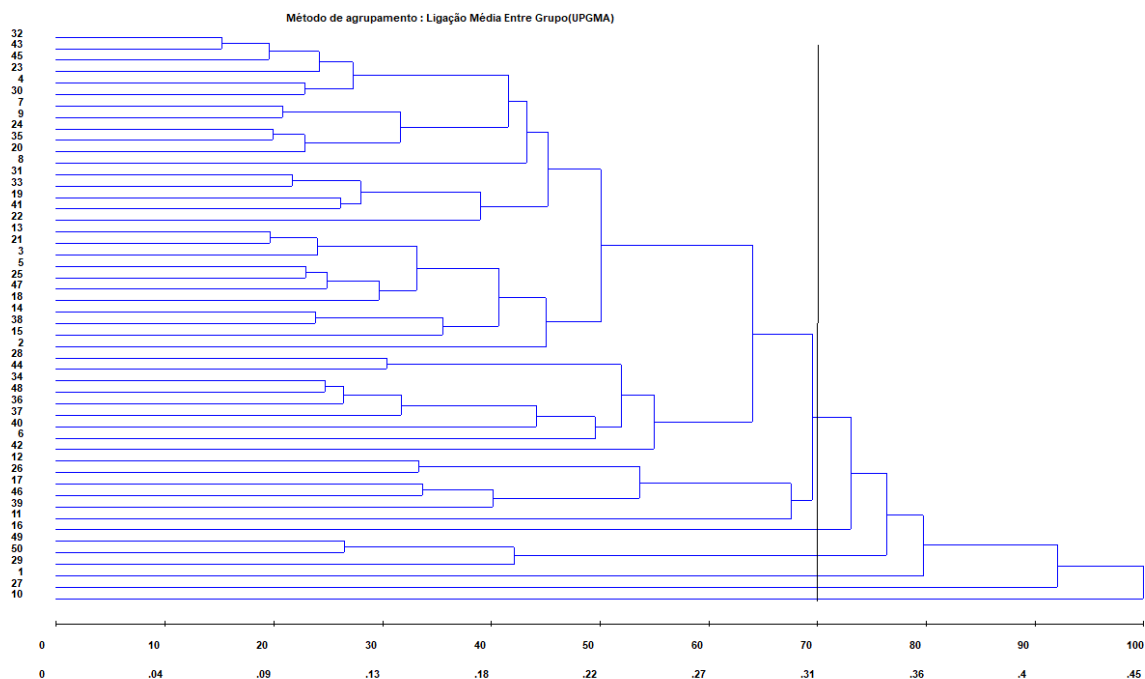


Fig. 1. Dendrograma obtido pelo método UPGMA baseado na distância euclidiana média padronizada dos dados referentes ao potencial de produção.

CONCLUSÕES

1. Existe variabilidade genética no BAG do Incaper com acessos passíveis de seleção para os próximos programas de melhoramento da instituição;
2. Os acessos dez e 12 do BAG apresentam proximidade fenotípica ao três, o clone 108 da variedade Diamante;
3. Os acessos dez e 16 apresentam divergência genética com os demais, destacando-se como fortes candidatas ao processo de seleção devido ao potencial produtivo divergente;
4. Os acessos 10 e 16 podem ser utilizados no futuro para cruzamentos controlados com os acessos um a cinco para maximizar a heterose e ampliar a base genética;
5. O método UPGMA apresentou um potencial de discriminação dos acessos maior do que Tocher modificado, mas ambos são necessários para uma melhor compreensão da variabilidade genética.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem a concessão de bolsas e apoio financeiro ao Incaper, FAPES e o Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café – Consórcio Pesquisa Café e o CNPq.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AREIAS, R. G. B.; PAIVA, D. M. de.; SOUZA, S. R.; FERNANDES, M. S. Similaridade genética de variedades crioulas de arroz, em função da morfologia, marcadores RAPD e acúmulo de proteína nos grãos. *Bragantia*, v. 65, n. 1, p. 19- 28, 2006.
- BABOVA, O.; OCCHIPINTI, A.; MAFFEI, M. E. Chemical partitioning and antioxidant capacity of green coffee (*Coffea arabica* and *Coffea canephora*) of different geographical origin. *Phytochemistry*, n. 123, p.33-39, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2016.01.016>. Acesso em: 03 de Jul. de 2019.
- BENITEZ, L. C.; RODRIGUES, I. C. S.; ARGEL, L. W. P.; RIBEIRO, M. V.; BRAGA, E. J. B. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. *Revista Ciência Agronômica*, v. 42, n. 2, p. 409- 416, 2011.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; VALÉRIO, I. P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 44, n. 2, p. 155-163, 2009.
- BERTHAUD, J. Les ressources génetiques pour l'amélioration des caféiers africains diploïdes. Evaluation de la richesse génétique des populations sylvestres et de ses mécanismes organisateurs. Conséquences pour l'application. Université de Paris, 1986.

- CEOLIN, A. C. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; GONELA, A.; SCAPIM, C. A. Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. *Hereditas*, v. 144, p. 1-9. 2007.
- COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D. MELO, A, V. de. ECKERT, F. R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. *Revista Ciência Agronômica*, v. 41, n. 1, p. 159-166, 2010.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO [CONAB]. Acompanhamento da safra brasileira de café – Safra 2018. *Acompanhamento da Safra Brasileira*, v.5, n.2, p.1-70, 2018.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*, v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- DAVIS A.P.; GOLE, T.W.; BAENA, S. AND MOAT, J. The impact of climate change on indigenous Arabica coffee (*Coffea arabica*): predicting future trends and identifying priorities. *PLoS One* 7: e47981. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0047981>. 2012. Acesso em: 03 de Jul. de 2019.
- DAVIS A.P.; TOSH J.; RUCH, N. AND FAY, M.F. Growing coffee: *Psilanthus* (Rubiaceae) subsumed on the basis of molecular and morphological data implications for the size, morphology, distribution and evolutionary history of *Coffea*. *Bot.J. Linn. Soc.* 167: 357-377. 2011. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1111/j.1095-8339.2011.01177.x>. Acesso em: 03 de Jul. de 2019.
- FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, M. A. G.; De Muner, L. H. *Café Conilon*, segunda edição atualizada e ampliada. Vitória, ES. Incaper, 2017. 784p. ISBN 978-85-89274-26-5.
- MENEZES, I. P. P.; HOFFMANN, L. V.; ALVES, M. F.; MORELLO, C. L.; BARROSO, P. A.V. Distância genética entre linhagens avançadas de germoplasma de algodão com uso de marcadores de RAPD e microsatélites. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 43, n. 10, p. 1339-1347, 2008.
- PREZOTTI L. C.; GOMES. J. A.; DADALTO. G. G.; OLIVEIRA. J. A. de. *Manual de recomendação de calagem e adubação para o estado do Espírito Santo - 5ª aproximação*. Vitória, ES. SEEA/INCAPER/CEDAGRO. 2007. 305p.
- SOLÓRZANO, R.G.L.; BELLIS, F.; LEROY, T.; PLAZA, L.; GUERRERO, H.; SUBIA, C.; CALDERÓN, D.; FERNÁNDEZ, F.; GARZÓN, I.; LOPEZ, D.; VERA, D. Revealing the Diversity of Introduced *Coffea canephora* Germplasm in Ecuador: Towards a National Strategy to Improve Robusta. *The Scientific World Journal*, vol. 2017, Article ID 1248954, 12 p. 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1155/2017/1248954>. Acesso em: 03 de Jul. de 2019.
- SOUZA, F.F.; CAIXETA, E. T.; FERRÃO, L. F. V.; PENA, G. F.; SAKIYAMA, N. S.; ZAMBOLIM, E. M.; ZAMBOLIM, L.; CRUZ, C. C. Molecular diversity in *Coffea canephora* germplasm conserved and cultivated in Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 13: 221-227 2013.
- STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; FACCHINELLO, P. H.K.; OLIVEIRA, A. C. Phenotypic variability in genotypes of irrigated rice via multivariate analysis. *Revista Ciência Agronômica*, v. 48, n. 1, p. 101-109, jan-mar, 2017.
- VANNIARAJAN, C.; VINOD, K. K.; PEREIRA, A. Molecular evaluation of genetic diversity and association studies in rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Genetics*, v. 91, n. 1, p. 9-19, 2012.
- VASCONCELOS, E. D.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. *Pesq. Agropec. Bras.*, v.42, p. 10, 2007.
- VIEIRA, E. A.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C. Comparação entre medidas e distância genealógica, morfológica e molecular em aveia em experimentos com e sem a aplicação de fungicida. *Bragantia*, v. 64, n. 1, p. 51-60, 2005.