



JANINE MAGALHÃES GUEDES

**CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE *BOURBON* E
IDENTIFICAÇÃO DE COLEÇÃO NUCLEAR DO
BANCO DE GERMOPLASMA DE CAFÉ DE MINAS
GERAIS**

LAVRAS – MG

2013

JANINE MAGALHÃES GUEDES

**CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE *BOURBON* E IDENTIFICAÇÃO
DE COLEÇÃO NUCLEAR DO BANCO DE GERMOPLASMA DE CAFÉ
DE MINAS GERAIS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

Orientador

Dr. Samuel Pereira Carvalho

LAVRAS – MG

2012

**Ficha Catalográfica Elaborada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca da UFLA**

Guedes, Janine Magalhães.

Caracterização de acessos de *Bourbon* identificação de coleção nuclear do Banco de Germoplasma de café de Minas Gerais / Janine Magalhães Guedes. – Lavras : UFLA, 2013.

85 p. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2012.

Orientador: Samuel Pereira Carvalho.

Bibliografia.

1. *Coffea arabica*. 2. Melhoramento genético. 3. Divergência genética. 4. Análise multivariada. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 633.7323

JANINE MAGALHÃES GUEDES

**CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE *BOURBON* E IDENTIFICAÇÃO
DE COLEÇÃO NUCLEAR DO BANCO DE GERMOPLASMA DE CAFÉ
DE MINAS GERAIS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 01 de Novembro de 2012.

Dra. Juliana Costa de Rezende

EPAMIG

Dr. Antônio Carlos Baião de Oliveira

EMBRAPA

Dr. Antônio Nazareno Guimarães Mendes

UFLA

Dr. Rubens José Guimarães

UFLA

Dr. Samuel Pereira de Carvalho

Orientador

LAVRAS – MG

2012

A **Deus**,

pelo dom da vida, e por me guiar em todos os momentos SEMPRE...

AGRADEÇO!

Ao meu pai **Janir Guedes de Carvalho** e minha mãe **Elisabete Magalhães Guedes**, por serem meu referencial em tudo que faço e serem meu porto seguro em todas as horas sempre! Ao meu irmão **Juliano Magalhães Guedes**, por ser meu maior exemplo de garra e dedicação e ao meu noivo **Diego Simão da Rocha**, pelo amor e pela paciência nesta etapa da minha vida...

OFEREÇO!

As minhas duas amigas e “irmãs” **Elisângela Fátima Nascimento** (*in memoriam*) e **Vivian Oliveira** pela amizade inigualável, pelas melhores aventuras e pelas melhores risadas...

DEDICO!

AGRADECIMENTOS

A Deus, fonte inesgotável de inspiração e amor e por me iluminar em todos os momentos.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), Pró-Reitoria de Pós-Graduação e ao Departamento de Agricultura, que por meio de seus professores me proporcionaram um ensino de qualidade e a oportunidade da conclusão desse curso.

À Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Minas Gerais - FAPEMIG, pela concessão da bolsa de estudos.

À FAPEMIG e à Secretaria da Ciência e Tecnologia, pela viabilização financeira do trabalho.

À Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, pela concessão dos recursos para a realização deste trabalho.

À pesquisadora Juliana Costa Rezende, não só pela orientação, mas pela amizade e dedicação apresentadas nesta etapa da minha vida.

Ao professor Samuel Pereira Carvalho, pelo apoio e pela amizade estabelecidos nesse tempo de orientação.

Aos membros da banca Antônio Nazareno Guimarães Mendes, Antônio Carlos Baião de Oliveira e Rubens José Guimarães pelo apoio, ensinamentos e pelas valiosas contribuições.

Ao pesquisador e curador do Banco de Germoplasma de Café da Epamig Antônio Alves de Oliveira, meus sinceros agradecimentos, principalmente pela iniciativa da criação do Banco e pela dedicação a este programa.

Às bolsistas Sara e Edylene pelas preciosas avaliações realizadas ao longo desses anos.

Ao pesquisador Felipe Lopes Silva, pela amizade e principalmente pela valiosa ajuda na finalização deste trabalho.

À secretária do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Marli, pela paciência, auxílio e principalmente amizade.

A minha cunhada Talita, pela amizade e por fazer o meu irmão tão feliz.

Aos pesquisadores Vânia Aparecida Silva e César Elias Botelho, e ao professor Virgílio Anastácio Silva pelas contribuições e sugestões no exame de qualificação.

Aos amigos, Thamiris, Alex, Alessandro, Beatriz, Diego, João Marcos (Lactose), Ramiro e Lucas (Oreia), pela amizade e companheirismo.

Não poderia deixar de agradecer as minhas cachorras, Thuthuca e Pretinha, por serem minhas eternas companheiras nas noites de insônia.

Enfim, gostaria de agradecer a todos que de alguma maneira contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho!

OBRIGADA!!!

RESUMO

No Brasil a cafeicultura vem passando por mudanças na sua conjuntura econômica, com os consumidores tornando-se mais exigentes e valorizando tipos especiais de café. Sendo assim, para a sobrevivência da cafeicultura brasileira, é imprescindível que o Brasil siga o caminho da qualidade, e um dos principais fatores a influenciar a qualidade da bebida é a constituição genética. As cultivares da espécie *Coffea arabica* apresentam bebida de qualidade superior, e entre estas cultivares está a cultivar *Bourbon*, que tem apresentado elevado potencial de qualidade de bebida nas regiões de melhor aptidão climática para o cultivo do cafeeiro. Diante do exposto, este trabalho objetivou a caracterização agrônômica e morfológica, juntamente com estudos de divergência genética, dos acessos do grupo *Bourbon* do Banco de Germoplasma de Café de Minas Gerais, para melhor utilizá-los em cruzamentos posteriores. Foram avaliados 37 descritores morfoagronômicos e a distância generalizada de *Mahalanobis* foi usada para quantificar a divergência genética entre os acessos. Como estratégias de agrupamento foram empregadas, o agrupamento de *Tocher*, o método hierárquico *UPGMA* (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages*) e a contribuição relativa das características pelo método de Singh (1981). Foi identificada também uma coleção nuclear dos 126 acessos avaliados. Os acessos mais dissimilares por meio da distância generalizada de *Mahalanobis* foram: MG 0045, MG 0101, MG 0103, MG 0110 e MG 0118. Houve similaridade entre os métodos de agrupamento de *Tocher* e *UPGMA* com a formação de 20 e 30 grupos respectivamente, evidenciando a variabilidade genética entre os acessos. A análise da contribuição relativa de cada característica para a dissimilaridade genética destacou as características altura de plantas (22,19%), cor da folha na fase jovem (15,98%) e vigor vegetativo no ano de 2009 (10,25%) como as que mais contribuíram para a divergência genética entre os acessos. O par de acessos mais dissimilares foi constituído por MG0045 e MG0101, sendo essa combinação considerada promissora em um possível cruzamento para gerar variabilidade genética na descendência. Foi formada uma coleção nuclear composta por 50 acessos, representando a variabilidade genética da população original.

Palavras-chave: Análise multivariada. Melhoramento genético. Divergência genética.

ABSTRACT

In Brazil, the coffee culture has been undergoing changes in its economic conjuncture with consumers becoming more demanding and valuing special types of coffee. Thus, for the Brazilian coffee culture survival, it is indispensable that Brazil follows the path quality, and one of the main factors influencing the beverage quality is the genetic constitution. Cultivars of *Coffea arabica* species presents superior quality beverage, and among these cultivars are *Bourbon*, which has shown high quality beverage potential in the areas of better suitability climate for growing coffee. Given the above, this study had as objective to characterize morphological and agronomic, along with genetic diversity studies, the access group *Bourbon* Germplasm Bank of Coffee - Minas Gerais, for better use them in subsequent crosses. It was evaluate 37 morphoagronomics descriptors and *Mahalanobis* generalized distance was used to quantify the genetic divergence among accessions. As clustering strategies were used *Tocher* clustering, hierarchical method UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages*) and the relative characteristics contribution by method of Singh (1981). Also was identified a nuclear collection of 126 evaluated accesses. The most dissimilar access through *Mahalanobis* generalized distance were MG 0045, MG 0101, MG 0103, MG 0110 and MG 0118. There was similarity between the clustering methods *Tocher* and UPGMA with the formation of 20 and 30 groups respectively, indicating the genetic variability among accessions. The relative contribution analysis of each characteristic to the genetic dissimilarity highlighted, features plant height (22.19%), leaf color in the young stage (15.98%) and vegetative vigor in 2009 (10.25%) as those most contributed to the genetic divergence among accessions. The most dissimilar pair of access was constituted by MG0045 and MG0101, this combination is considered promising in a possible cross to generate genetic diversity in offspring. It was formed a nuclear collection consisting of 50 accessions representing the genetic variability of the original population.

Keywords: Multivariate analysis. Genetic breeding. Genetic divergence.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Acessos relacionados de Bourbon avaliados no Banco de Germoplasma de Minas Gerais	26
Tabela 2	Características avaliadas e respectivas classes segundo a lista oficial de descritores mínimos para a cultura do cafeeiro publicada pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares, Patrocínio, 2012	30
Tabela 3	Esquema de análise da variância de um experimento em blocos casualizados e suas respectivas esperanças dos quadrados médios, Patrocínio, 2012.....	36
Tabela 4	Resumo da análise de variância das 35 características morfoagronômicas avaliadas nos acessos de Bourbon do Banco de Germoplasma de Minas Gerais, Patrocínio, 2012	43
Tabela 5	Características analisadas conforme a Tabela de Descritores e suas respectivas médias e classificação, para os 126 acessos de Bourbon do Banco de Germoplasma de Minas Gerais, Patrocínio, 2012	46
Tabela 6	Parâmetros genéticos estimados para 35 características avaliadas em 126 acessos de Bourbon do Banco de Germoplasma de café de Minas Gerais, Patrocínio, 2012	49
Tabela 7	Medidas de dissimilaridade dos cinco acessos mais dissimilares e dos cinco mais similares, com base na distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), Patrocínio, 2012.....	53
Tabela 8	Correlação entre a matriz de dissimilaridade obtida a partir dos dados quantitativos originais e as matrizes de dissimilaridade obtidas pela estratégia do número de classes pré-definido e divisão equitativa da amplitude (DEA) para codificação desses dados, Patrocínio, 2012	55
Tabela 9	Grupos formados de acordo com o método de Tocher baseado na distância de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), dos 126 acessos de Bourbon avaliados do Banco de Germoplasma de café de Minas Gerais, Patrocínio, 2012	58
Tabela 10	Subgrupos formados de acordo com o método de Tocher baseado na Distância de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), dos 76 acessos do grupo 1 de Bourbon avaliados do Banco Germoplasma de Minas Gerais, Patrocínio, 2012	59
Tabela 11	Contribuição relativa de 11 características morfoagronômicas para a divergência dos 126 acessos de Bourbon, pelo método de Singh (1981), Patrocínio, 2012.....	60

Tabela 12	Estimação do tamanho mínimo da população para a formação de uma coleção nuclear e taxas de erros associadas à recuperação da média e da variância genética originais via coleção nuclear, Patrocínio, 2012	64
Tabela 13	Estimação das taxas de erro associadas à média e a variância em 50 indivíduos para cada característica avaliada, Patrocínio, 2012	65
Tabela 14	Relação dos acessos pertencentes à coleção nuclear de Bourbon do Banco de Germoplasma de Minas Gerais, Patrocínio, 2012	66

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	12
2	REFERENCIAL TEÓRICO	14
2.1	Caracterização morfoagronômica de <i>Coffea arabica</i> L.....	14
2.2	Melhoramento genético e utilização dos Bancos de Germoplasma.....	15
2.3	Divergência genética em <i>Coffea arabica</i> L.....	18
2.3.1	Análise de agrupamento.....	19
2.4	Coleções nucleares	21
3	MATERIAL E MÉTODOS	25
3.1	Descrição da área.....	25
3.2	Caracterização dos acessos	25
3.3	Delineamento experimental	29
3.4	Características avaliadas.....	29
3.5	Análises estatísticas.....	35
3.5.1	Análise de variância univariada e estimativa de parâmetros genéticos.....	35
3.5.2	Análise de divergência genética	37
3.5.2.1	Agrupamento de <i>Tocher</i>	38
3.5.2.2	Método UPGMA (“ <i>Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages</i> ”).....	39
3.5.2.3	Importância relativa das características na divergência genética pela metodologia de Singh (1981).....	39
3.6	Coleção nuclear	40
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	42
4.1	Análise univariada	42
4.2	Parâmetros genéticos.....	47
4.3	Análises de divergência genética por técnicas multivariadas	53
4.4	Definição da estratégia de formação do agrupamento de <i>Tocher</i>	54
4.5	Agrupamento pelo método de <i>Tocher</i>	55
4.6	Importância relativa das características e descarte de variáveis.....	59
4.7	Agrupamento pelo método UPGMA (“ <i>Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages</i> ”).....	62
4.8	Coleção nuclear	63
5	CONCLUSÕES.....	67
	REFERÊNCIAS.....	68
	ANEXOS.....	81

1 INTRODUÇÃO

O agronegócio do café está entre as atividades de maior importância socioeconômica, quando comparado às diferentes atividades ligadas ao comércio agrícola mundial. O Brasil é o maior produtor e o segundo maior consumidor de café do mundo. Seu parque cafeeiro é constituído basicamente pelas espécies *Coffea arabica* L. e *Coffea canephora* Pierre & Froehner, que respondem aproximadamente por 70% e 30% do café produzido respectivamente.

A cafeicultura brasileira passa por mudanças na sua conjuntura econômica, com os consumidores se tornando mais exigentes e valorizando tipos especiais de café. Sendo assim, para a sobrevivência da cafeicultura brasileira, é imprescindível que o Brasil siga o caminho da qualidade. E é nesse sentido que o melhoramento genético tem contribuído de maneira decisiva para o desenvolvimento da cafeicultura, incorporando, por meio de cruzamentos, além de ganhos genéticos para produtividade, características ligadas à qualidade de bebida.

Uma estratégia importante para os programas de melhoramento é uma correta caracterização dos bancos de germoplasma existentes, o que permite o conhecimento da diversidade genética preservada. Porém, na prática a utilização dessa diversidade genética preservada nos bancos é muito baixa, sendo a falta de informações apontada como fator principal do baixo uso, além do fato de muitas coleções serem constituídas de muitos acessos, não devidamente caracterizados, o que dificulta o trabalho dos pesquisadores.

Uma das técnicas utilizadas para caracterizar acessos em um banco de germoplasma é o uso da análise de divergência genética, por meio da análise multivariada. Essa caracterização possibilita a definição de estratégias de trabalho, por proporcionar o conhecimento da variabilidade genética das

populações, e, também, o monitoramento dos bancos de germoplasma, gerando informações úteis para a preservação e o uso dos acessos.

Outra alternativa viável para aumentar o aproveitamento dessa diversidade nos bancos, é a formação de uma coleção nuclear, constituída por uma amostra dos acessos, que pode representar o espectro genético da coleção inteira.

Até o momento tem se observado a realização de estudos de diversidade genética e formação de coleções nucleares com base em grupos isolados de caracteres, sejam quantitativos, multicategóricos, ou moleculares. A reunião de dois ou mais tipos de dados em um único estudo tem sido dificultada, em parte por existirem poucos bancos de germoplasma com uma caracterização detalhada. Outro fator que interfere nesse tipo de estudo é a ausência de uma metodologia de análise eficiente e disponível para a comunidade científica (MARTINS, 2011).

Diante dos fatos, objetivou-se neste trabalho a caracterização agrônômica e morfológica, juntamente com estudos de divergência genética e identificação de uma coleção nuclear dos acessos do grupo *Bourbon* do Banco de Germoplasma de Café de Minas Gerais, para melhor utilizá-los em cruzamentos posteriores.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Caracterização morfoagronômica de *Coffea arabica* L.

A caracterização morfológica e agronômica de espécies vegetais consiste em fornecer uma identidade para cada, por meio do conhecimento de uma série de dados que permitam estudar a sua variabilidade genética (RAMOS; QUEIROZ, 1999).

A caracterização de germoplasma pode ser realizada por diferentes métodos, incluindo desde práticas tradicionais, que envolvem o uso de lista de descritores morfológicos e agronômicos, até aplicações bioquímicas para detectar diferenças entre isoenzimas, proteínas e marcadores moleculares (VICENTE et al., 2005).

Segundo Gomes (2007), a caracterização morfoagronômica tem sido efetuada em coleções de germoplasma para gerar informações sobre a descrição e a classificação do material conservado, na discriminação de caracteres mais importantes e, principalmente, para subsidiar programas de melhoramento genético por identificar indivíduos desejáveis e quantificar a diversidade disponível.

No Brasil, a caracterização morfoagronômica de espécies vegetais tem sido empregada em várias culturas como o cacaueteiro (YAMADA et al., 2002), feijão (CELIM, 2011) e tomate (MARTINS, 2011).

Em relação ao café, alguns trabalhos de caracterização já foram realizados por Leão (2009), que caracterizou 100 acessos de *Coffea* spp. do Banco de Germoplasma da UFV por meio de 21 descritores, Ivoglo et al. (2008), que caracterizou 21 progênies de meios-irmãos de *Coffea Canephora* em relação a 14 descritores morfoagronômicos, Ramalho et al. (2010), caracterizaram 26 acessos de *Coffea arabica* L. da coleção Ativa de Germoplasma da Embrapa

Rondônia por meio de 28 caracteres morfoagronômicos e Ferrão et al. (2011) que caracterizaram 150 indivíduos de café *conilon* por meio de 24 características.

Cumpre-se ressaltar que o valor da variabilidade genética está em sua utilização e somente com a caracterização dos acessos disponíveis é que se pode conhecer suficientemente a diversidade genética preservada. É de fundamental importância, portanto, a realização da caracterização e avaliação dos acessos que compõem as coleções visando conhecer as potencialidades das mesmas, identificando assim a variabilidade entre e dentro as populações (BASTOS et al., 2012).

A cultivar *Bourbon* já foi amplamente cultivada no Brasil, pois sua precocidade de maturação favoreceu o seu cultivo em locais de maior altitude, situação em que, além de ser menos atacada pela ferrugem, apresenta, naturalmente, maior potencial para a produção de cafés de melhor qualidade, com desejável acidez cítrica (SALVADORAN COFFEE COUNCIL, 2012). Atualmente, tem havido o interesse de produtores brasileiros por novos materiais genéticos dessa cultivar, devido ao seu sabor adocicado e ao aroma peculiar que confere à bebida.

A caracterização de *Coffea arabica* L., torna-se ainda mais importante devido ao fato do café apresentar base genética estreita, e sendo em muitos casos, bastante difíceis a discriminação fenotípica e a identificação de um acesso específico dentro de um banco de germoplasma.

2.2 Melhoramento genético e utilização dos Bancos de Germoplasma

Do ponto de vista agrônomo o sucesso de uma lavoura cafeeira começa pela escolha da cultivar adequada, a qual deve possuir características desejáveis, como elevada capacidade produtiva, vigor, porte baixo e que

apresente frutos de boa qualidade (FUNDAÇÃO PROCAFÉ, 2002). Embora as cultivares selecionadas já tenham atingido elevados níveis de produtividade, novos acréscimos poderão advir do desenvolvimento de cultivares com resistência a pragas, doenças, ou com características específicas de adaptação a novas fronteiras agrícolas ou de qualidade do produto, por meio do melhoramento genético. Essas características se encontram em *Coffea arabica* e em espécies silvestres de *Coffea*, o que ressalta a importância de um Banco de Germoplasma (EIRA et al., 2005).

O Banco de Germoplasma representa um acervo de genes oriundos dos recursos genéticos naturais que se constituem na matéria-prima básica para suportar os programas de melhoramento genético das plantas cultivadas. Os recursos genéticos representam o reservatório de variabilidade genética natural, potencial e indispensável para os programas de melhoramento das espécies cultivadas (ALMEIDA; DIAS, 2001). Esses autores enfatizam que os recursos genéticos não são renováveis, daí a necessidade e a importância de conservá-los.

Uma justificativa para a conservação desses recursos genéticos se deve ao fato de que apenas 30% das espécies constituem 95% da nutrição humana oriunda dos vegetais, das quais se exige o máximo de eficiência produtiva para suprir a demanda da população. Porém, caso essas culturas apresentassem problemas com pragas e doenças, a alimentação humana, ou parte dela ficaria seriamente comprometida, se não dispusesse de materiais resistentes, localizados nos bancos de germoplasma, que pudessem ser utilizados no melhoramento genético, visando contornar, ou mesmo solucionar esse problema (WALTER; CAVALCANTI; BIANCHETTI, 2007).

Uma das mais importantes coleções de *Coffea arabica* do país está implantada na Fazenda Experimental de Patrocínio, pertencente à EPAMIG, sendo composta por aproximadamente 1500 acessos, sendo estes, principalmente de *Coffea arabica*, contando com muitas cultivares e mutantes, além de valioso

material coletado na Etiópia e representando formas silvestres espontâneas e subespontâneas de *Coffea arabica*. Além disso, no Banco de Germoplasma de Minas Gerais, outras espécies dos gêneros *Coffea*, tais como *C. canephora*, *C. racemosa* e *C. dewevrei* e Híbridos interespecíficos encontram-se representadas por uma ou mais variedades ou introduções. Esses acessos foram coletados pelo pesquisador Antônio Alves Pereira nas regiões cafeeiras brasileiras e de outros países, em Bancos de Germoplasma nacionais ou internacionais, em centros de origem e em outros locais que disponham de algum exemplar que inclua variabilidade genética de interesse.

No Brasil, existem também outras instituições que conservam germoplasma de café que são: Instituto Agrônomo de Campinas-IAC, Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural – Incaper, Instituto Agrônomo do Paraná – Iapar, Universidade Federal de Viçosa – UFV, Fundação Procafé e Embrapa Rondônia. Outras coleções de café são encontradas em diversas Instituições Brasileiras, porém pouco se conhece sobre o número de representantes e a variabilidade genética nelas conservadas (EIRA; FAZUOLI; GUERREIRO, 2007).

Outra estratégia complementar para a conservação do germoplasma está sendo estudada na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília, por meio da criopreservação das sementes de café. Essa técnica está sendo estudada devido ao fato das coleções em campo apresentarem uma série de problemas como erosão genética, pragas, doenças e um alto custo de manutenção. A criopreservação tem sido adotada como metodologia complementar, e em estudos preliminares, sementes de cultivares de *C.arabica* retiveram 70% da viabilidade inicial mesmo após dois anos de conservação em nitrogênio líquido (EIRA et al., 2005).

2.3 Divergência genética em *Coffea arabica* L.

Sendo a variabilidade genética o ponto de partida de qualquer programa de melhoramento genético de uma espécie, sua manipulação pelos métodos adequados pode levar à obtenção de genótipos superiores com relação às características de interesse. Portanto, para o estabelecimento de programas eficazes de melhoramento é necessário o uso da análise de divergência genética, que tem sido, em muitos casos, avaliada com o objetivo de identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico, de tal forma que, em suas gerações segregantes, se tenha maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI, 2004; FALCONER, 1989).

A divergência genética entre populações pode ser avaliada de várias maneiras. Miranda, Cruz e Costa (1988) destacam duas maneiras básicas: uma de natureza quantitativa e outra de natureza preditiva. Na primeira, citam-se as análises dialélicas, que possibilitam determinar a capacidade geral e específica de combinação e a heterose manifestada nos híbridos. No entanto, a necessidade de avaliações de p genitores e de todas as suas $p(p-1)/2$ combinações híbridas, aliada ao fato de que, em algumas culturas, a polinização manual é onerosa, difícil de ser executada e com pouca probabilidade de êxito na obtenção de semente híbrida, pode inviabilizar o estudo, principalmente quando o valor de p é elevado (CRUZ; CARNEIRO, 2003; CRUZ; REGAZZI, 1997). Contudo, essa dificuldade pode ser minimizada utilizando-se dialelos parciais.

No método preditivo, pode-se utilizar a análise multivariada, por meio das medidas de dissimilaridade envolvendo a distância euclidiana e a distância generalizada de *Mahalanobis*; métodos de agrupamentos envolvendo os métodos hierárquicos, como *UPGMA* e do vizinho mais próximo e o método de otimização de *Tocher*; além de técnicas de dispersão gráfica envolvendo análise

por componentes principais e por variáveis canônicas (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

O estudo da divergência genética tem sido empregado em várias culturas: cebola (BARBIERI et al., 2005), feijão (MACHADO et al., 2002), girassol (AMORIM et al., 2007), melão (VIANA et al., 2006), feijão caupi (MEDEIROS, 2008), mandioca (KVITSCHAL, 2008), jatobá (LAVIOLA et al., 2011).

A otimização de descritores agronômicos e morfológicos, juntamente com as análises multivariadas, tem auxiliado no conhecimento da diversidade genética existente em acessos mantidos em bancos e coleções de germoplasma de cafeeiros, além de apoiar as atividades convencionais do melhoramento genético. Vários trabalhos de divergência genética já foram realizados com a cultura do café (AGUIAR et al., 2004; FONSECA et al., 2006; IVOGLO et al., 2008; RAMALHO et al., 2010; SOUZA, 2006; TEIXEIRA, 2011).

Considerando que cada um desses métodos tem suas vantagens e desvantagens para quantificar a divergência genética, a escolha do método tem sido determinada pela cultura, pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (CRUZ; CARNEIRO, 2003; CRUZ; REGAZZI, 2004).

2.3.1 Análise de agrupamento

A análise de agrupamento procura discriminar geneticamente os indivíduos, permitindo agrupá-los pela análise de um conjunto de características inerentes a cada indivíduo, por algum critério de classificação, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Esses métodos dependem da estimativa prévia de medidas de dissimilaridade como a distância Euclidiana e a distância generalizada de *Mahalanobis* (D^2_{II}), entre

outras. A primeira distância é mais utilizada para a caracterização de germoplasmas mantidos em coleções, em que o banco de dados é instalado sem repetições. A Distância Generalizada de *Mahalanobis* (D_{ii}^2) é preferível, por levar em conta as covariâncias e variâncias residuais, o que não ocorre na distância Euclidiana. Nesse caso as matrizes de distâncias só podem ser estimadas quando os genótipos são avaliados em ensaios experimentais com repetições (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

As medidas de dissimilaridade estimadas entre os genótipos representam o grau de distância genética existente entre eles, porém, o número de genótipos avaliados simultaneamente é elevado, na maioria dos casos, o que dificulta a análise dos resultados e o reconhecimento dos grupos homogêneos pelo exame visual das estimativas de dissimilaridade (CRUZ; REGAZZI, 1997). Essas dificuldades podem ser simplificadas mediante o emprego de métodos multivariados, podendo-se citar a análise de componentes principais, variáveis canônicas e os métodos aglomerativos.

Apesar dos métodos multivariados serem conhecidos há longo tempo, sua utilização em maior escala só se tornou possível com a disponibilidade de recursos computacionais, a qual possibilitou a avaliação simultânea de vários caracteres e permitiu que inúmeras inferências pudessem ser feitas a partir de um conjunto de dados existentes (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Os métodos mais amplamente utilizados na análise da divergência genética são os métodos de agrupamento hierárquicos ou de otimização. Nos métodos hierárquicos, o agrupamento dos genitores é realizado por meio de um processo em que é construído o dendrograma, que permitirá estabelecer a relação entre esses genitores (CRUZ; CARNEIRO, 2003). O método *UPGMA* (“*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages*”) distribui pesos iguais a cada indivíduo do grupo e calcula a similaridade média de um indivíduo

que pretende se juntar aos grupos já existentes, ou seja, é um método de agrupamento com base na média aritmética (MEYER, 2002).

O método de otimização de *Tocher* é o mais empregado pelos melhoristas. A partir da matriz de dissimilaridade, assume-se que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que a distância média entre os grupos. Nesse método é identificado o par de genitores mais similar, que constituirá o grupo inicial e após a formação desse grupo inicial, é avaliada a possibilidade de inclusão dos outros genitores (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Vários autores utilizaram técnicas de agrupamento para estimar a divergência genética como, por exemplo, Sudré et al. (2006), que avaliaram acessos de pimenta e pimentão do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense, através de 13 caracteres multicategóricos, analisados pelo método de *Tocher*, e constataram eficiência na diferenciação desses caracteres. Alves (2002), comparando a formação de grupos de cupuaçuzeiros pelos métodos *UPGMA* e método de otimização de *Tocher*, verificou que os dois métodos apresentam similaridade à semelhança do que foi também encontrado por Kvitschal (2008) em experimento com mandioca de mesa, Sobral (2009) em experimento com feijão caupi e Oliveira e Maluf (2007), em experimento com café *conilon*.

2.4 Coleções nucleares

Nos últimos tempos o mundo tem reconhecido a grande importância da conservação dos recursos genéticos. Várias expedições para coleta de germoplasma têm sido realizadas. Tais expedições têm resultados em coleções-base muito grandes, o que tem dificultado o cumprimento dos objetivos da coleção base, conservação e uso. Normalmente, a utilização da variabilidade

presente nos bancos de germoplasma é muito baixa, sendo a falta de informações apontada como fator principal do baixo uso (NASS, 2001). Uma alternativa para aumentar o uso desses materiais genéticos é a formação de coleções nucleares.

Uma coleção nuclear pode ser definida por um grupo limitado de acessos derivados de uma coleção de germoplasma, escolhido para representar o espectro genético da coleção inteira (BROWN, 1989; FRANKEL; BROWN, 1984). Embora uma coleção nuclear nunca substitua uma coleção de trabalho muito especializada, sua estrutura e dimensão são fatores decisivos para estimular o pesquisador a utilizar o germoplasma com mais frequência do que aquele mantido na tradicional coleção ativa.

Tradicionalmente, as coleções nucleares são estabelecidas com tamanho em torno de 10% dos acessos de toda a coleção original e incluem ($p = 95\%$) aproximadamente 70% da riqueza alélica (alelos comuns e raros) disponível no acervo gênico inicial (BROWN; SPILLANE, 1999), mas na prática as proporções variam de 5% a 20% das subamostras e de 70% a 90% da diversidade (ARAÚJO, 2008).

O estabelecimento de uma coleção nuclear é uma estratégia que prioriza e concentra atividades de caracterização e avaliação, formando uma base de informação mais completa das subamostras, melhorando de forma efetiva a conservação, acessibilidade e o uso de recursos genéticos (CORDEIRO; ABADIE, 2007).

Estratégias de como formar coleções nucleares podem ser encontradas em Balfourier et al. (2007), Cordeiro e Abadie (2007), Hintum et al. (2000), Vasconcelos et al. (2007) e Wang et al. (2007).

Franco et al. (2005) avaliaram diferentes estratégias de determinação do número de indivíduos de cada grupo. Os métodos avaliados por esses autores foram baseados na intensidade de amostragem, no tamanho do grupo e na

diversidade existente entre os acessos, em relação à coleção inicial como um todo. Porém, praticamente, não há estudos relacionando o tamanho da coleção inicial e sua variabilidade com o número de grupos obtidos pela distância entre os acessos.

A montagem da coleção nuclear não implica necessariamente a inclusão de todos os alelos presentes na população, por duas razões: a impossibilidade prática de incluir todos os alelos em uma amostra reduzida e o fato de que nem todos os alelos têm igual valor de uso no futuro (ALLARD, 1992). De forma que a estratégia de amostragem para se obter a coleção nuclear deve maximizar a diversidade da amostra e reduzir a redundância dos genótipos idênticos (OLIVEIRA; MALUF, 2007).

Para a implementação de coleções nucleares, os critérios mais utilizados, com os respectivos percentuais são: origem geográfica (95% das coleções nucleares publicadas), caracteres morfológicos (77%), grupos taxonômicos específicos e intraespecíficos (63%), regiões ecogeográficas (34%) e marcadores genéticos (10%) (BROWN; SPILLANE, 1999).

No Brasil existem as seguintes coleções nucleares, dentre outras:

- a) coleção nuclear de arroz – formada por 550 acessos (5,6% da coleção de germoplasma total), sendo 308 cultivares tradicionais, 94 linhagens/cultivares melhoradas e 148 linhagens/cultivares introduzidas, localizada na Embrapa Arroz e Feijão, no município de Santo Antonio de Goiás – GO (ABADIE et al., 2005);
- b) coleção nuclear de milho – formada por 300 subamostras, usando os critérios morfológicos e de origem geográfica, localizada na Embrapa Milho e Sorgo em Sete Lagoas e na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília-DF (CORDEIRO; ABADIE, 2007);

- c) coleção nuclear de mandioca – formada por 356 acessos de mandioca utilizando caracteres morfológicos e ecogeográficos, localizada na Embrapa Cerrados, em Planaltina-DF (VIEIRA et al., 2007);
- d) coleção nuclear de pupunha – formada por 28 acessos de raças primitivas, três de populações híbridas, cinco de populações não designadas e quatro de populações silvestres, constituindo um total de 10% da coleção inteira, localizada no Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), em Manaus – Amazonas (ARAÚJO, 2008).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Descrição da área

O Banco de Germoplasma de Café do Estado de Minas Gerais, pertence à Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais e foi instalado em 2004 na Fazenda Experimental de Patrocínio, localizada na região do Alto Paranaíba, situada a 18°59'26" de latitude sul e 48°58'9,5" de longitude oeste e altitude local de aproximadamente 1.000 metros. O solo é do tipo Latossolo vermelho-amarelo distrófico. O relevo da área do banco é de topografia plana com ligeira inclinação. O clima do município de Patrocínio é classificado como Clima Mesotérmico Subtropical Temperado, com chuvas de verão, inverno seco e verão quente (Wca), segundo Köppen (1948).

3.2 Caracterização dos acessos

O Banco atualmente conta com aproximadamente 1500 acessos e apresenta uma grande variabilidade genética constituída de fontes de resistência a pragas e doenças do cafeeiro.

No presente trabalho foram selecionados e caracterizados 126 acessos (Tabela 1) de cafeeiros da cultivar *Bourbon* com potencial para uso imediato nos programas de melhoramento genético.

A implantação e a condução do experimento foram feitas de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do cafeeiro, sendo as adubações realizadas de acordo com a 5ª Aproximação das Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais (GUIMARÃES et al., 1999).

Tabela 1 Acessos relacionados de *Bourbon* avaliados no Banco de Germoplasma de Minas Gerais

Acesso	Designação	Designação material	Acesso	Designação	Designação material
	Banco	coleta		Banco	coleta
1	MG 0004	<i>Bourbon</i> Vermelho	27	MG 0030	<i>Bourbon</i> Amarelo T1
2	MG 0005	<i>Bourbon</i> Vermelho	28	MG 0031	<i>Bourbon</i> Amarelo
3	MG 0006	<i>Bourbon</i> Amarelo	29	MG 0032	<i>Bourbon</i> Amarelo
4	MG 0007	<i>Bourbon</i> Amarelo	30	MG 0033	<i>Bourbon</i> Vermelho
5	MG 0008	<i>Bourbon</i> Amarelo	31	MG 0034	<i>Bourbon</i> Vermelho
6	MG 0009	<i>Bourbon</i> Amarelo	32	MG 0035	<i>Bourbon</i> Vermelho
7	MG 0010	<i>Bourbon</i> Vermelho	33	MG 0036	<i>Bourbon</i> Amarelo
8	MG 0011	<i>Bourbon</i> Vermelho	34	MG 0037	<i>Bourbon</i> Amarelo T8
9	MG 0012	<i>Bourbon</i> Amarelo	35	MG 0038	<i>Bourbon</i> Amarelo T10
10	MG 0013	<i>Bourbon</i> Amarelo	36	MG 0039	<i>Bourbon</i> Amarelo T11
11	MG 0014	<i>Bourbon</i> Vermelho	37	MG 0040	<i>Bourbon</i> Amarelo T12
12	MG 0015	<i>Bourbon</i> Alaranjado	38	MG 0041	<i>Bourbon</i> Amarelo T13
13	MG 0016	<i>Bourbon</i> Vermelho	39	MG 0042	<i>Bourbon</i> Amarelo T14
14	MG 0017	<i>Bourbon</i> Amarelo LCJ 20	40	MG 0043	<i>Bourbon</i> Amarelo T15
15	MG 0018	<i>Bourbon</i> Amarelo LCJ 20	41	MG 0044	<i>Bourbon</i> Amarelo T16
16	MG 0019	<i>Bourbon</i> Amarelo	42	MG 0045	<i>Bourbon</i> Amarelo T17
17	MG 0020	<i>Bourbon</i> Amarelo T7	43	MG 0046	<i>Bourbon</i> Amarelo T18
18	MG 0021	<i>Bourbon</i> Amarelo T7	44	MG 0047	<i>Bourbon</i> Amarelo T19
19	MG 0022	<i>Bourbon</i> Alaranjado T6	45	MG 0048	<i>Bourbon</i> Amarelo T21
20	MG 0023	<i>Bourbon</i> Amarelo T6	46	MG 0049	<i>Bourbon</i> Amarelo T22
21	MG 0024	<i>Bourbon</i> Alaranjado T5-1	47	MG 0050	<i>Bourbon</i> Amarelo T23
22	MG 0025	<i>Bourbon</i> Alaranjado T5-2	48	MG 0051	<i>Bourbon</i> Amarelo T24
23	MG 0026	<i>Bourbon</i> Amarelo T5	49	MG 0052	<i>Bourbon</i> Amarelo T25
24	MG 0027	<i>Bourbon</i> Vermelho T4	50	MG 0053	<i>Bourbon</i> Vermelho Pl 11
25	MG 0028	<i>Bourbon</i> Amarelo T3	51	MG 0054	<i>Bourbon</i> Vermelho Pl 10
26	MG 0029	<i>Bourbon</i> Amarelo T2	52	MG 0055	<i>Bourbon</i> Vermelho Pl 09

Tabela 1, continua

Acesso	Designação	Designação material	Acesso	Designação	Designação material
	Banco	coleta		Banco	coleta
53	MG 0056	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 08	77	MG 0080	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 18
54	MG 0057	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 06	78	MG 0081	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 19
55	MG 0058	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 05	79	MG0082	<i>Bourbon</i> Vermelho PL20
56	MG 0059	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 03	80	MG 0083	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 32
57	MG 0060	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 02	81	MG 0084	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 33
58	MG 0061	<i>Bourbon</i> Vermelho MS2	82	MG 0085	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 40
59	MG 0062	<i>Bourbon</i> Vermelho MS1	83	MG 0086	<i>Bourbon</i> Amarelo MS
60	MG 0063	<i>Bourbon</i> Amarelo	84	MG 0087	<i>Bourbon</i> Amarelo PI 01
61	MG 0064	<i>Bourbon</i> Vermelho	85	MG 0088	<i>Bourbon</i> Amarelo PI 02
62	MG 0065	<i>Bourbon</i> Amarelo	86	MG 0089	<i>Bourbon</i> Amarelo PI 04
63	MG 0066	<i>Bourbon</i> Vermelho	87	MG 0090	<i>Bourbon</i> Amarelo PI 05
64	MG 0067	<i>Bourbon</i> Amarelo T33	88	MG 0091	<i>Bourbon</i> Amarelo PI 06
65	MG 0068	<i>Bourbon</i> Amarelo T32	89	MG 0092	<i>Bourbon</i> Amarelo
66	MG 0069	<i>Bourbon</i> Amarelo T31	90	MG 0093	<i>Bourbon</i> Amarelo
67	MG 0070	<i>Bourbon</i> Amarelo T30	91	MG 0094	<i>Bourbon</i> Vermelho
68	MG 0071	<i>Bourbon</i> Amarelo T29	92	MG 0095	<i>Bourbon</i> Amarelo
69	MG 0072	<i>Bourbon</i> Amarelo T28	93	MG 0096	<i>Bourbon</i> Vermelho
70	MG 0073	<i>Bourbon</i> Amarelo T27	94	MG 0097	<i>Bourbon</i> Amarelo
71	MG 0074	<i>Bourbon</i> Amarelo T26	95	MG 0098	<i>Bourbon</i> Amarelo
72	MG 0075	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 12	96	MG 0099	<i>Bourbon</i> Vermelho VD
73	MG 0076	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 13	97	MG 0100	<i>Bourbon</i>
74	MG 0077	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 14	98	MG 0101	<i>Bourbon</i> Amarelo ou Vermelho
75	MG 0078	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 15	99	MG 0102	<i>Bourbon</i> Vermelho ou Amarelo
76	MG 0079	<i>Bourbon</i> Vermelho PI 16	100	MG 0103	<i>Bourbon</i> Vermelho ou Amarelo

Tabela 1, conclusão

Acesso	Designação	Designação material	Acesso	Designação	Designação material
	Banco	coleta		Banco	coleta
101	MG 0104	<i>Bourbon Amarelo UFV 535</i>	114	MG 0117	<i>Bourbon Limoeiro</i>
102	MG 0105	<i>Bourbon Vermelho</i>	115	MG 0118	<i>Bourbon Trigo</i>
103	MG 0106	<i>Bourbon Amarelo</i>	116	MG 0119	<i>Bourbon Italiano</i>
104	MG 0107	<i>Bourbon Vermelho</i>	117	MG 0120	<i>Bourbon Amarelo</i>
105	MG 0108	<i>Bourbon Amarelo</i>	118	MG 0121	<i>Bourbon Amarelo</i>
106	MG 0109	<i>Bourbon Amarelo IAC JC</i>	119	MG 0122	<i>Bourbon Amarelo</i>
107	MG 0110	<i>Bourbon Amarelo</i>	120	MG 0123	<i>Bourbon Amarelo IAC J10</i>
108	MG 0111	<i>Bourbon Amarelo</i>	121	MG 0124	<i>Bourbon Amarelo IAC J9</i>
109	MG 0112	<i>Bourbon Amarelo</i>	122	MG 0125	<i>Bourbon Amarelo</i>
110	MG 0113	<i>Bourbon Amarelo</i>	123	MG 0126	<i>Bourbon Amarelo ou Vermelho</i>
111	MG 0114	<i>Bourbon Vermelho</i>	124	MG 0127	<i>Carolino</i>
112	MG 0115	<i>Bourbon Vermelho</i>	125	MG 0128	<i>Bourbon Vermelho</i>
113	MG 0116	<i>Bourbon Amarelo</i>	126	MG 0129	<i>Bourbon IAC</i>

3.3 Delineamento experimental

Cada acesso foi composto de 20 plantas, divididas em duas repetições, no delineamento experimental blocos casualizados. O espaçamento utilizado foi 3,5 x 1,0m nas entrelinhas e entre plantas, respectivamente. Para a coleta de dados foram consideradas todas as plantas por parcela.

3.4 Características avaliadas

Os acessos foram avaliados de acordo com os principais descritores de cultivares de café arábica para a caracterização de cultivares registradas ou protegidas, passíveis de comercialização, conforme estabelecido pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC), Tabela 2.

Tabela 2 Características avaliadas e respectivas classes segundo a lista oficial de descritores mínimos para a cultura do cafeeiro publicada pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares, Patrocínio, 2012

I. TABELA DE DESCRITORES DE CAFÉ			
<i>Coffea spp</i>			
<i>(Coffea arábica, Coffea canephora e híbridos interespecíficos)</i>			
Característica	Identificação da característica	Código de cada descrição	Cultivar de referência
1. Planta: formato	Cilíndrico	1	Catuaí, Mundo Novo
	Cônico	2	Vila Lobos
	Cilíndrico-cônico	3	Acaiá
	Cônico invertido	4	
2. Planta: altura	Muito baixa	1	Vila Lobos
	Baixa	3	IAPAR 59
	Média	5	Catuaí, Rubi, Topázio
	Alta	7	Acaiá
	Muito alta	9	Mundo Novo
3. Planta: Diâmetro de copa	Muito pequeno	1	Vila Lobos
	Pequeno	3	IAPAR 59
	Médio	5	Catuaí, Rubi, Topázio
	Grande	7	Acaiá
4. Haste (principal e lateral): comprimento do internódio	Muito grande	9	Mundo Novo
	Curto	3	IAPAR 59
	Médio	5	Catuaí, Rubi, Topázio
5. Ramo plagiotrópico: posição em relação aos ramos ortotrópicos	Longo	7	Mundo Novo
	Ereta	1	
	Semiereta	2	
6. Folha: comprimento	Horizontal	3	Catuaí, Mundo Novo
	Semipendente	4	
	Curto	3	<i>Bourbon</i>
	Médio	5	Mundo Novo
7. Folha: largura	Longo	7	Obatã
	Estreita	3	<i>Bourbon</i>
	Média	5	Mundo Novo
8. Folha: forma	Larga	7	Obatã
	Elíptica	1	
	Ovalada	2	
9. Folha: cor na fase jovem	Lanceolada	3	
	Verde	1	Catuaí
	Bronze	2	Rubi, Topázio
	Verde e bronze	3	
	Púrpura	4	

Tabela 2, continua

10. Folha: cor na fase adulta	Verde clara	1	Obatã
	Verde escura	2	
	Púrpura	3	
11. Folha: ondulação das bordas	Ausente	1	Laurina
	Presente	9	Mundo Novo
12. Folha: intensidade da ondulação das bordas	Fraca	3	Mundo Novo, Catuaí
	Média	5	
	Forte	7	
13. Folha: profundidade da nervura secundária	Baixa	3	
	Média	5	
	Alta	7	
14. Folha: domácia	Ausente	1	
	Parcialmente desenvolvida	2	
	Bem desenvolvida	3	
15. Folha: pubescência na domácia	Ausente	1	
	Presente	9	
16. Inflorescência: quantidade por axila foliar	Baixa	3	Típica
	Média	5	<i>Bourbon</i>
	Alta	7	Catuaí, Rubi, Topázio
17. Flor: quantidade por inflorescência	Baixa	3	Típica
	Média	5	<i>Bourbon</i>
	Alta	7	Catuaí, Rubi, Topázio
18. Flor: pólen	Fértil	1	
	Estéril	2	
19. Flor: compatibilidad e	Autocompatível	1	
	Parcialmente compatível	2	
	Autoincompatível	3	
20. Fruto: tamanho	Muito pequeno	1	<i>Mokka</i>
	Pequeno	3	<i>Bourbon</i> Amarelo
	Médio	5	Mundo Novo
	Grande	7	Acaiá
	Muito grande	9	Maragogipe
21. Fruto: formato	Redondo	1	<i>Mokka</i>
	Elíptico	2	Mundo Novo
	Oblongo	3	

Tabela 2, continua

22. Fruto: cor (fase madura)	Amarela	1	<i>Bourbon</i> , Topázio
	Vermelho-alaranjada	2	Mundo Novo, Rubi
	Vermelho-média	3	
	Vermelho-escuro	4	
23. Fruto: sépala	Ausente	1	<i>Bourbon</i> Amarelo
	Presente	2	
24. Fruto: grau de aderência ao ramo	Baixo	3	
	Médio	5	Mundo Novo
	Alto	7	
25. Semente: comprimento	Curto	3	Catuaí
	Médio	5	Mundo Novo
	Longo	7	Acaiá
26. Semente: largura	Estreita	3	Acaiá
	Média	5	Mundo Novo
	Larga	7	Catuaí
27. Semente: espessura	Fina	3	<i>Mokka</i> , Ibairi
	Média	5	Mundo Novo
	Grossa	7	Maragogipe
28. Semente: cor do endosperma	Amarela	1	
	Verde	2	
29. Semente: tonalidade da película de cobertura	Clara	1	
	Escura	2	
30. Semente: grau de aderência da película	Fraco	3	
	Médio	5	
	Forte	7	
31. Ciclo até maturação (mais de 50% dos frutos maduros)	Muito precoce	1	
	Precoce	3	<i>Bourbon</i>
	Médio	5	Mundo Novo, Rubi
	Tardio	7	Catuaí
	Muito tardio	9	
32. Ciclo até primeira produção após plantio	Precoce	3	Catuaí, Rubi, Topázio
	Médio	5	<i>Bourbon</i>
	Tardio	7	Mundo Novo

Tabela 2, conclusão

II. INFORMAÇÕES ADICIONAIS			
33. Ramo: intensidade da ramificação plagiotrópica	Baixa	3	Acaiá
	Média	5	Mundo Novo
	Alta	7	Catuaí, Rubi, Topázio
34. Ramo ortotrópico: flexibilidade	Baixa	3	
	Média	5	Mundo Novo
	Alta	7	
35. Semente: peso de 100 sementes (11% de umidade)	Baixo	3	Ibairi
	Médio	5	Catuaí
	Alto	7	Acaiá

Fonte: adaptado de Brasil (2000)

Observações:

- a) as características: flor – pólen (número 18); flor – compatibilidade (número 19), não foram avaliadas;
- b) a avaliação das características altura (número 2) e diâmetro de copa (número 3) não foram feitos conforme as notas estabelecidas na tabela de descritores, mas sim foram mensurados com régua graduada (m);
- c) a avaliação da característica peso de 100 sementes, com 11% de umidade (número 37), também não foi feita conforme as notas estabelecidas na tabela de descritores, mas sim foi avaliado seu peso com o uso de uma balança (g).

Além da listagem oficial para descritores de café mostrados acima, foram também avaliadas, nos anos 2009 e 2010, as seguintes características:

- a) produção média de grãos: estimada a partir da colheita de cada parcela, cuja produção de “café da roça” foi medida em litros;

- b) uniformidade média de maturação: foram atribuídas notas de uniformidade de maturação às parcelas, em ambos os anos, numa escala de 1 a 3, sendo: nota 1 uniforme, nota 2 medianamente uniforme e nota 3 desuniforme;
- c) vigor vegetativo: foram atribuídas notas em escala arbitrária de 1 a 10, sendo a nota 1 correspondente às piores plantas, com reduzido vigor vegetativo e acentuado sintoma de depauperamento, e a nota 10, atribuída às plantas com excelente vigor, mais enfolhadas e com acentuado crescimento vegetativo dos ramos produtivos, conforme sugerido por Carvalho, Mônaco e Fazuoli (1979);
- d) produção em escala de notas: foi utilizada uma escala arbitrária de 1 a 10 atribuídas a cada planta da parcela, em que 1 corresponde a cafeeiros sem produção nenhuma e 10 a cafeeiros muito produtivos.

Assim, foram avaliados os seguintes caracteres: formato da planta (FOR), altura da planta – cm (ALT), diâmetro da copa - cm (DIA), comprimento do internódio (HAS), posição do ramo plagiotrópico em relação aos ramos ortotrópicos (POS), comprimento da folha (FOC), largura da folha (FOL), cor da folha na fase jovem (FOJ), cor da folha na fase adulta (FOA), intensidade da ondulação nas bordas (ONI), profundidade da nervura secundária (PNS), domácia (DOM), pubescência da domácia (PDO), quantidade de inflorescência por axila foliar (IQAF), quantidade de flor por inflorescência (FQI), tamanho do fruto (FRT), cor do fruto (FRC), grau de aderência do ramo (GAR), comprimento da semente (SEC), largura da semente (SEL), espessura da semente (SEE), grau de aderência da película (GAP), peso de 100 sementes (g) (P100), intensidade da ramificação plagiotrópica (IRP), flexibilidade do ramo ortotrópico (FXO), produção em litros no ano de 2009 (PL09), produção em litros no ano de 2010 (PL10), vigor vegetativo no ano de 2009 (VI09), vigor

vegetativo no ano de 2010 (VI10), produção em nota no ano de 2009 (PN09), produção em nota no ano de 2010 (PN10), ciclo até a maturação de 2009 (EP09), ciclo até a maturação de 2010 (EP10).

3.5 Análises estatísticas

Realizaram-se as análises de variância das características avaliadas seguidas de estimação de parâmetros genéticos.

A análise de divergência genética entre os acessos foi feita com base em matrizes de distância genética. Para facilitar as comparações e interpretações foram utilizadas técnicas de agrupamento. Avaliou-se a importância relativa das características para a divergência genética, com o propósito de descartar aquelas irrelevantes para o agrupamento.

Todas as análises foram realizadas utilizando o aplicativo computacional em genética e estatística “Programa GENES” (CRUZ, 2006).

3.5.1 Análise de variância univariada e estimativa de parâmetros genéticos

A análise de variância foi realizada com base nas médias das parcelas, considerando as características avaliadas, visando avaliar a existência de variabilidade genética significativa entre os acessos. Foi utilizado o seguinte modelo estatístico:

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

Em que:

Y_{ij} : observação obtida na parcela com i -ésimo genótipos no j -ésimo bloco;

μ : média geral da característica;

G_i : efeito do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, 3, \dots, 126$);

β_j : efeito do j-ésimo bloco ($j = 1,2$); e
 ε_{ij} : efeito do erro aleatório.

Considerou-se que os acessos que foram avaliados representavam uma amostra da variabilidade de *Coffea arabica*. Assim o efeito do genótipo foi considerado como aleatório. O esquema da análise de variância, com as esperanças dos quadrados médios [E(QM)], segundo Cruz e Regazzi (2004), é apresentado na Tabela 3.

Tabela 3 Esquema de análise da variância de um experimento em blocos casualizados e suas respectivas esperanças dos quadrados médios, Patrocínio, 2012

FV	GL	QM	E(QM)
Bloco	b-1	QMB	$\sigma^2 + g \sigma_b^2$
Tratamentos (acessos)	g-1	QMT	$\sigma^2 + g \sigma_g^2$
Resíduo	(b-1)(g-1)	QMR	σ^2

Em que:

σ_b^2 : variância entre os blocos;

σ_g^2 : variância genética entre os acessos;

b: blocos;

g: genótipos.

Os estimadores dos componentes de variância foram definidos por:

$$\sigma_g^2 = \frac{QMT - QMR}{R}$$

$$\sigma^2 = QMR$$

A hipótese $H_0: \sigma_g^2 = 0$ é avaliada por meio da estatística F, dada por:

$$F = \frac{QMT}{QMR}$$

Os parâmetros genéticos de herdabilidade no sentido amplo h_a^2 ao nível de parcela, coeficiente de variação ambiental (CVe), coeficiente de variação genética (CVg) e coeficiente de variação relativa (CVr) foram estimados via os estimadores:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\frac{\sigma_e^2}{r} + \sigma_g^2}$$

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

$$CV_g = \frac{\sigma_g^2}{\mu}$$

$$CV_r = (CV_g / CV_e)$$

3.5.2 Análise de divergência genética

Duas estratégias foram adotadas para a obtenção da matriz de dissimilaridade entre os acessos. A primeira estratégia foi a conversão dos dados quantitativos em multicategóricos, para a obtenção de uma única matriz de dissimilaridade envolvendo todas as características avaliadas indiferente de suas

naturezas, quantitativas ou multicategóricas. A segunda estratégia foi a soma aritmética de duas matrizes de dissimilaridade obtidas, uma para as características quantitativas, utilizando para isso as distâncias de *Mahalanobis*, e outra para as características multicategóricas, utilizando o complemento aritmético do índice de coincidência simples.

Para a conversão dos dados quantitativos em multicategóricos utilizou-se a estratégia da divisão equitativa da amplitude (DEA) em números de classes pré-definidos (K). As médias de cada acesso, para cada característica quantitativa foram agrupadas em 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 e 10 classes, sendo os limites de cada classe estabelecidos a partir da divisão equitativa da amplitude.

As conversões dos dados quantitativos em multicategóricos foram realizadas com o auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2006).

Após a conversão, foram obtidas nove matrizes de dissimilaridade, utilizando-se como medida de dissimilaridade o complemento aritmético do índice de coincidência simples, uma para cada análise realizada para a conversão de dados em 2 a 10 classes. Foi obtida também a matriz de dissimilaridade via distâncias genéticas de *Mahalanobis*, utilizando os dados quantitativos sem conversão e foram correlacionadas com as nove matrizes de dissimilaridade, pelo teste Z de Mantel.

Para facilitar as avaliações e comparações, as distâncias genéticas foram agrupadas com o auxílio dos métodos de *Tocher* e UPGMA.

3.5.2.1 Agrupamento de *Tocher*

O método de *Tocher* tem por base a matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de genótipos mais similares, que formarão o grupo inicial. A partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos,

adotando-se o critério de que a distância média dentro dos grupos deve ser menor que a distância entre os grupos.

3.5.2.2 Método *UPGMA* (“*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages*”)

Segundo Cruz (2006), no método de *UPGMA* os acessos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido um dendograma. Nesse caso não há a preocupação com o número ótimo de grupos, uma vez que o interesse maior está nas ramificações, sendo que as delimitações podem ser estabelecidas por um exame visual.

No método *UPGMA*, para este trabalho, atribuiu-se, para o cálculo dos valores médios sempre o mesmo peso aos dois elementos que estão sendo integrados. Como cada membro adicionado ao agrupamento tem o mesmo peso, isso traz como efeito que os últimos elementos a se integrarem têm maior influência que os primeiros (IVOGLO et al., 2008).

3.5.2.3 Importância relativa das características na divergência genética pela metodologia de Singh (1981)

A importância relativa dos caracteres auxilia no descarte de variáveis, possibilitando uma melhor escolha de variáveis a serem consideradas numa avaliação de divergência genética entre populações ou genótipos. Portanto, conhecendo o grau de importância das variáveis, pode-se caracterizar uma coleção com uma boa precisão (aproximadamente 90%), porém com um menor número de descritores, diminuindo mão de obra, tempo e custos (CRUZ; REGAZZI, 2004).

A importância relativa das características foi calculada utilizando o método proposto por Singh (1981), que se baseia na partição do total das estimativas das distâncias D_{2ii} , considerando todos os possíveis pares de indivíduos, para a parte devida a cada característica.

3.6 Coleção nuclear

A estrutura e dimensão de uma coleção nuclear são fatores decisivos para estimular o pesquisador a utilizar o germoplasma com mais frequência do que aquele mantido na tradicional coleção ativa.

Utilizou-se como tamanho inicial da coleção nuclear o número de 12 acessos de *Bourbon*, perfazendo cerca de 10% da população original como descrito por Brown (1989). A partir do tamanho inicial estabelecido foram acrescentados acessos, de um em um, fazendo com que as coleções nucleares variassem de 12 a 125 acessos. Visando obter a taxa de erro da média e da variância fenotípica de cada coleção nuclear estabelecida, com relação à média e à variância fenotípica da população original formada dos 126 acessos, foram realizadas 100 simulações aleatórias sucessivas de acessos para o estabelecimento da coleção nuclear. Esse procedimento foi realizado para cada característica avaliada.

Após a definição do número de acessos necessários para compor a coleção nuclear para cada característica, baseado na taxa de erro da média e da variância fenotípica em relação à população original de 126 acessos, foi definido o tamanho da coleção nuclear baseada em todas as características avaliadas.

Quanto à seleção dos acessos componentes das coleções nucleares, utilizou-se a técnica de agrupamento de *Tocher* com critério de aglomeração inverso proposto por Vasconcelos et al. (2007). Esse método consiste na formação de um único grupo, a partir de um agrupamento de subamostras com

maior dissimilaridade, que corresponde a coleção nuclear. Essa estratégia tem sido empregada com sucesso no estabelecimento de coleções nucleares (OLIVEIRA, 2007; VASCONCELOS et al., 2007).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise univariada

Foram avaliadas em campo 41 características, porém seis características não foram analisadas estatisticamente devido ao fato que todos os acessos receberam a mesma nota. As características foram: folha – forma; folha – ondulação das bordas; fruto – formato; fruto – sépala; semente – cor do endosperma; semente – tonalidade da película de cobertura.

Na Tabela 4 são apresentados os resumos das análises de variância das 35 características relativas aos acessos de *Bourbon* do Banco de Germoplasma de Minas Gerais.

Os resultados demonstraram a existência de diferenças significativas entre as médias dos acessos para as seguintes características: formato da planta, altura da planta (cm), diâmetro de copa (cm), largura da folha, cor da folha na fase jovem, produção em litros em 2009, produção em litros em 2010, vigor vegetativo em 2009, produção em nota em 2009, ciclo de maturação e flexibilidade do ramo ortotrópico, ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F. Esses resultados evidenciam a existência de variabilidade genética e, com isso, a possibilidade de se usar essas características em programas de melhoramento genético, a partir dos acessos que forneceram tais diferenças.

Alguns trabalhos obtiveram resultados semelhantes aos observados nesse estudo. Fonseca (1999), estudando 80 genótipos de *C. canephora*, observou a ocorrência de diferenças significativas ($P < 0,01$), entre os clones da cultivar *Conilon* de *Coffea canephora* para todas as características avaliadas. Ferreira (2003), estimando parâmetros genéticos de 40 genótipos de *C. canephora*, detectou diferenças significativas ($P < 0,01$) para 13 das 14 características avaliadas.

Tabela 4 Resumo da análise de variância das 35 características morfoagronômicas avaliadas nos acessos de *Bourbon* do Banco de Germoplasma de Minas Gerais, Patrocínio, 2012

Quadrados médios						
	GL	FOR	ALT	DIA	HAS	POS
Acessos	125	0,5664*	0,0448*	0,0685*	0,6622	0,0897
Blocos	1	0,5303	0,0367	0,0006	9,3690	0,0039
Resíduo	125	0,3480	0,1067	0,0459	0,6069	0,0840
Média		2,3002	2,0602	1,6123	4,0709	2,7981
Quadrados médios						
	GL	FOC	FOL	FOJ	FOA	ONI
Acessos	125	0,4119	0,2395*	0,8217*	0,0043	1,0815
Blocos	1	0,1077	0,0230	0,2552	0,0254	6,4358
Resíduo	125	0,3490	0,1489	0,2165	0,0043	1,6290
Média		3,4023	3,2423	1,6878	1,9912	4,7523
Quadrados médios						
	GL	PNS	DOM	PDO	IQAF	FQI
Acessos	125	0,6752	0,1955	0,2093	1,5737	1,4833
Blocos	1	0,4492	2,8266	0,6675	5,7301	0,1428
Resíduo	125	0,5508	0,1581	0,2147	1,4101	1,4548
Média		4,2834	3,4013	1,0787	5,2612	4,8635
Quadrados médios						
	GL	FRT	FRC	GAR	SEC	SEL
Acessos	125	0,3194	1,1877	1,1678	1,3126	1,4699
Blocos	1	0,2539	0,4801	0,1428	0,3968	16,2539
Resíduo	125	0,2859	1,6221	0,9748	1,2608	1,2608
Média		3,1247	1,8245	3,5675	4,1945	4,2538
Quadrados médios						
	GL	SEE	GAP	P100	IRP	FXO
Acessos	125	1,3252	1,8482	4,7564	1,0911	1,4647*
Blocos	1	1,0158	4,1428	2,7448	3,1807	1,4370
Resíduo	125	1,2398	2,0948	5,5400	1,1305	0,9619
Média		4,2734	5,5047	12,6589	4,8847	4,6323
Quadrados médios						
	GL	PL09	PL10	V109	VI10	PN09
Acessos	125	227,4913	299,5188*	1,5042*	0,5188	0,6439*
Blocos	1	209,5714	155,5714	0,6727	1,1562	0,0854
Resíduo	125	111,9474	204,3954	0,6465	0,5753	0,4195
Média		39,4243	32,4765	4,2987	5,6045	6,6034

Tabela 4, conclusão

	GL	Quadrados médios				
		PN10	UN09	UN10	EP09	EP10
Acessos	125	0,6533	0,0562	0,0367	0,1606	0,2062*
Blocos	1	3,9883	1,5526	1,3216	9,5122	1,5635
Resíduo	125	0,6653	0,5753	0,0364	0,1291	1,5555
Média		2,9656	2,1134	2,1123	1,7421	1,5334

Formato da planta (FOR), altura da planta – cm (ALT), diâmetro da copa - cm (DIA), comprimento do internódio (HAS), posição do ramo plagiotrópico em relação aos ramos ortotrópicos (POS), comprimento da folha (FOC), largura da folha (FOL), cor da folha na fase jovem (FOJ), cor da folha na fase adulta (FOA), intensidade da ondulação nas bordas (ONI), profundidade da nervura secundária (PNS), domácia (DOM), pubescência da domácia (PDO), quantidade de inflorescência por axila foliar (IQAF), quantidade de flor por inflorescência (FQI), tamanho do fruto (FRT), cor do fruto (FRC), grau de aderência do ramo (GAR), comprimento da semente (SEC), largura da semente (SEL), espessura da semente (SEE), grau de aderência da película (GAP), peso de 100 sementes (g) (P100), intensidade da ramificação plagiotrópica (IRP), flexibilidade do ramo ortotrópico (FXO), produção em litros no ano de 2009 (PL09), produção em litros no ano de 2010 (PL10), vigor vegetativo no ano de 2009 (VI09), vigor vegetativo no ano de 2010 (VI10), produção em nota no ano de 2009 (PN09), produção em nota no ano de 2010 (PN10), uniformidade média de maturação no ano de 2009 (UN09), uniformidade média de maturação no ano de 2010 (UNI10), ciclo até a maturação de 2009 (EP09), ciclo até a maturação de 2010 (EP10). *significativo a 5% de probabilidade pelo teste F

A média das onze características significativas relativas aos 126 acessos se encontra na Tabela 1A (Anexo A). Em relação à característica formato da planta, 48,41% dos acessos foram caracterizados com o formato cônico e 40,5% com o formato cilíndrico cônico. Sobre a altura das plantas, observa-se que dos 126 acessos, 25 tiveram altura menor que dois metros enquanto 121 apresentaram altura superior. Esse resultado evidencia o porte mais alto dos acessos de *Bourbon*, corroborando com resultados obtidos por Aguiar et al. (2004) que classificaram cultivares de *Bourbon* como plantas altas.

Para a característica diâmetro de copa, todos os acessos obtiveram média inferior a dois metros, com média geral de 1,61 metros. Rocha, Carvalho e Fazuoli (1980) e Souza et al. (2009) encontraram diâmetro de 1,11 metros e 1,18 metros respectivamente em experimentos com a cultivar *Bourbon*.

Em relação as dez características avaliadas referentes às folhas, oito foram bastante homogêneas e, portanto, pouco eficientes na diferenciação dos acessos de *Bourbon*. Apenas duas características se mostraram significativas, que foram: cor da folha na fase jovem e largura da folha. A média da nota para largura da folha foi de 3,24, classificando os acessos como folha estreita, de acordo com Tabela de Descritores Mínimos, sendo que 93% dos acessos obtiveram nota inferior a quatro, corroborando com os resultados encontrados por Furlani Júnior et al. (2007). Para a característica cor da folha na fase jovem, observou-se a ocorrência de três cores diferentes: verde, bronze e verde-bronze, porém a média dos acessos classificou-os como bronze, corroborando a classificação em folhas jovens de Aguiar et al. (2004) para a cultivar *Bourbon*.

As cultivares de *Coffea arabica* apresentam, sem exceção, apenas uma haste de média flexibilidade (AGUIAR et al., 2004) o que foi evidenciado neste trabalho, com 85% dos acessos caracterizados com uma flexibilidade média.

Existe grande variação na produtividade de diferentes genótipos do grupo *Bourbon*, verificado por vários autores (CARVALHO et al., 1973; FAZUOLI et al., 2005). Neste trabalho a produção média em litros de “café da roça” por parcela foi de 39,42 litros em 2009 e 32,47 litros em 2010.

A média do vigor vegetativo no ano de 2009 foi de 4,29, contrariando os resultados obtidos em outros trabalhos (CARVALHO et al., 2011; FAZUOLLI et al., 2005; FERREIRA, 2010) que obtiveram notas maiores em experimentos com *Bourbon*.

Esse resultado pode ser explicado pelo fato de ter ocorrido deficiência hídrica na maioria dos meses de 2008, principalmente nas fases de floração, formação dos chumbinhos e expansão dos frutos (MEIRELLES et al., 2011). O ciclo até a primeira produção após plantio foi considerado médio, corroborando os resultados encontrados por Aguiar et al. (2004) e Instituto Agrônomo de Campinas - IAC (2012).

Na Tabela 5, encontram-se as características avaliadas e suas respectivas classificações de acordo com a Tabela de Descritores. Embora pareça redundante utilizar descritores agrônômicos e morfológicos para estudar a variabilidade em bancos de germoplasma, resultados satisfatórios foram obtidos a partir dessa avaliação em café em outras culturas como cacau (BEKELE et al., 2006), feijão (GONÇALVES et al., 2007) e mandioca (DEMEY et al., 2003).

Tabela 5 Características analisadas conforme a Tabela de Descritores e suas respectivas médias e classificação, para os 126 acessos de *Bourbon* do Banco de Germoplasma de Minas Gerais, Patrocínio, 2012

Característica	Média	Classificação
Formato de folha	2,30	Cônico
Comprimento do internódio das hastes	4,07	Curto
Posição plagiotrópico em relação ao ortotrópico	2,79	Horizontal
Comprimento da folha	3,40	Curta
Largura da folha	3,24	Estreita
Cor da folha na fase jovem	1,68	Bronze
Cor da folha na fase adulta	1,99	Verde escuro
Folha forma	1,00	Elíptica
Folha ondulação nas bordas	9,00	Presente
Intensidade de ondulação da folha	4,75	Média
Profundidade da nervura secundária	4,28	Média
Domácia	3,40	Bem desenvolvida
Pubescência da domácia	1,07	Ausente
Quantidade de inflorescência por axila foliar	5,26	Média
Quantidade de flor por inflorescência	4,86	Média
Fruto tamanho	3,12	Pequeno
Fruto cor	1,82	Vermelho-alaranjado
Fruto formato	2,00	Elíptico
Fruto sépala	1,00	Ausente
Fruto grau de aderência do ramo	3,56	Baixo
Semente comprimento	4,19	Médio
Semente largura	4,25	Média
Semente espessura	4,27	Média
Semente cor do endosperma	2,00	Verde
Semente tonalidade da película	1,00	Clara
Grau de aderência da película	5,50	Médio
Intensidade da ramificação plagiotrópica	4,88	Média
Flexibilidade do ramo ortotrópico	4,63	Média

4.2 Parâmetros genéticos

Os resultados referentes às estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres avaliados estão representados na Tabela 6. Por meio da estimativa da variância genética (σ_g^2) entre os acessos, verifica-se que as características produção em litros 2009 e produção em litros 2010, se destacaram, pois obtiveram valores de 57,77 e 47,56 respectivamente. Estimativas de variância genética, positivas e diferentes de zero, indicam a existência de variabilidade entre os acessos, sendo assim possível a seleção de acessos superiores para essas características.

Resultados semelhantes foram encontrados por Petek et al. (2006) que encontraram 68,8 para variância genética em progênies de *Coffea arabica* e Rodrigues et al. (2012) que encontraram 20,41 em clones de café *Conilon*. Rezende et al. (2011) também descreveram baixos valores referentes à variância genética para produtividade em progênies obtidas do cruzamento de Híbridos de Timor com Catuaí.

Outro parâmetro de importância é a herdabilidade. Para se obter sucesso com a seleção, é interessante que a herdabilidade do caráter em questão seja alta, ou seja, quanto maior o nível de expressão da variabilidade genética em relação ao ambiente, maiores serão os ganhos estimados para a geração seguinte (MIRANDA; CRUZ; COSTA, 1988). Segundo Bueno, Mendes e Carvalho (2006), valores iguais ou superiores a 50%, para herdabilidade são considerados altos.

Vale ressaltar que a herdabilidade pode variar sob diferentes condições que dependem do local, do genótipo, das condições experimentais e das interações genótipos por ambientes (FALCONER, 1989).

Considerando a herdabilidade no sentido amplo (h^2), verificou-se que quatro características obtiveram bons coeficientes de herdabilidade que foram:

altura de plantas (cm), cor da folha na fase jovem, produção em litros no ano de 2009 e vigor vegetativo no ano de 2009. Essa constatação indica a predominância dos componentes genéticos em detrimento dos ambientais, refletindo situação bastante favorável à seleção para essas quatro características.

A maior herdabilidade foi para altura de plantas, indicando que 76,2% da variância fenotípica são devido à causa genética. Resultados semelhantes foram encontrados por Ivoglo et al. (2008), que encontraram herdabilidade de 79,26% para altura de plantas em um experimento de divergência genética em *Coffea canephora*. Severino et al. (2000) encontraram 95,78% em um experimento com linhagens de Catimor e Silva et al. (2011), encontraram 76,6% para o caráter altura de plantas em um experimento com clones de café *conilon*.

Para a característica cor da folha na fase jovem, a herdabilidade foi estimada em 73,65%, corroborando resultados encontrados por Severino et al. (2000) que encontraram 63,03% em um experimento com *Coffea arabica*.

Tabela 6 Parâmetros genéticos estimados para 35 características avaliadas em 126 acessos de *Bourbon* do Banco de Germoplasma de café de Minas Gerais, Patrocínio, 2012

Estimativa	FOR	ALT	DIA	HAS	POS	FOC	FOL
σ_f^2	0,11	0,02	0,03	0,33	0,04	0,21	0,12
σ_g^2	0,28	0,02	0,01	0,03	0,04	0,03	0,05
\bar{h}_a^2	38,60	76,2	32,8	8,34	6,41	15,3	37,80
CV g (%)	14,20	6,34	6,60	4,08	1,92	5,10	6,56
CV e (%)	25,30	5,01	13,3	19,11	10,40	17,24	11,90
CVr	0,56	1,26	0,49	0,21	0,18	0,30	0,55
Estimativa	FOJ	FOA	ONI	PNS	DOM	PDO	IQAF
σ_f^2	0,41	0,00	0,54	0,34	0,09	0,10	0,77
σ_g^2	0,30	0,01	0,00	0,62	0,19	0,00	0,08
\bar{h}_a^2	73,65	0,00	0,00	18,42	19,17	0,00	10,34
CV g (%)	32,67	0,00	0,00	5,82	4,03	0,00	5,43
CV e (%)	27,60	3,30	26,86	17,32	11,72	43,19	22,57
CVr	1,18	0,00	0,00	0,34	0,34	0,00	0,24
Estimativa	FQI	FRT	FRC	GAR	SEC	SEL	SEE
σ_f^2	0,74	0,16	0,59	0,58	0,66	0,74	0,66
σ_g^2	0,01	0,02	0,00	0,09	0,26	0,17	0,04
\bar{h}_a^2	1,91	10,50	0,00	16,53	3,95	23,94	6,44
CV g (%)	2,45	4,14	0,00	8,72	3,83	9,86	4,84
CV e (%)	24,79	17,10	70,14	27,7	26,74	24,86	26,08
CVr	0,09	0,24	0,00	0,31	0,14	0,39	0,18
Estimativa	GAP	P100	IRP	FXO	PL09	PL10	VI09
σ_f^2	0,92	3,38	0,55	0,73	113,7	149,76	0,75
σ_g^2	0,00	0,00	0,00	0,25	57,77	47,56	0,43

Tabela 6, conclusão

σ_a^2	0,00	0,00	0,00	34,33	50,79	31,75	57,01
CV g (%)	0,00	0,00	0,00	10,82	19,28	21,24	15,24
CV e (%)	26,31	18,60	21,77	21,16	26,84	44,02	18,71
CVr	0,00	0,00	0,00	0,51	0,72	0,48	0,81
Estimativa	VI10	PN09	PN10	UN09	UN10	EP09	EP10
σ_f^2	0,26	0,32	0,33	0,03	0,02	0,08	0,10
σ_g^2	0,00	0,11	0,00	0,00	0,00	0,16	0,02
σ_a^2	0,00	34,86	0,00	9,79	0,93	19,62	24,58
Estimativa	VI10	PN09	PN10	UN09	UN10	EP09	EP10
CV g (%)	0,00	5,07	0,00	2,49	0,62	7,19	10,38
CV e (%)	13,52	9,81	27,50	10,67	9,06	20,60	25,72
CVr	0,00	0,52	0,00	0,23	0,07	0,35	0,40

σ_g^2 : variância genotípica; σ_f^2 : variância fenotípica; σ_a^2 : herdabilidade individual no sentido amplo; CV g(%): coeficiente de variação genética; CV e(%): coeficiente de variação ambiental; coeficiente de variação relativa CVr = (CVg/ CVe). Formato da planta (FOR), altura da planta – cm (ALT), diâmetro da copa - cm (DIA), comprimento do internódio (HAS), posição do ramo plagiotrópico em relação aos ramos ortotrópicos (POS), comprimento da folha (FOC), largura da folha (FOL), cor da folha na fase jovem (FOJ), cor da folha na fase adulta (FOA), intensidade da ondulação nas bordas (ONI), profundidade da nervura secundária (PNS), domácia (DOM), pubescência da domácia (PDO), quantidade de inflorescência por axila foliar (IQAF), quantidade de flor por inflorescência (FQI), tamanho do fruto (FRT), cor do fruto (FRC), grau de aderência do ramo (GAR), comprimento da semente (SEC), largura da semente (SEL), espessura da semente (SEE), grau de aderência da película (GAP), peso de 100 sementes (g) (P100), intensidade da ramificação plagiotrópica (IRP), flexibilidade do ramo ortotrópico (FXO), produção em litros no ano de 2009 (PL09), produção em litros no ano de 2010 (PL10), vigor vegetativo no ano de 2009 (VI09), vigor vegetativo no ano de 2010 (VI10), produção em nota no ano de 2009 (PN09), produção em nota no ano de 2010 (PN10), uniformidade média de maturação no ano de 2009 (UN09), uniformidade média de maturação no ano de 2010 (UNI10), ciclo até a maturação de 2009 (EP09), ciclo até a maturação de 2010 (EP10).

Em relação à herdabilidade para produção, o valor encontrado foi 50,79% no ano de 2009. Esse valor é de extremo interesse, por se tratar de uma variável que é controlada por muitos genes e sofre grande influência do ambiente, sendo que qualquer ganho nessa característica deve ser considerado importante. Na literatura são encontrados valores muito diferentes para essa característica. Valores inferiores a 50% foram encontrados por Botelho et al. (2010), Oliveira (2011), Petek et al. (2006) e Srinivasan, Vishershwra e Susvamanya (1979) e valores superiores foram encontrados por Bonomo et al. (2004), Fazuolli et al. (2000), Pereira et al. (2011), Rezende et al. (2011) e Rodrigues et al. (2012).

No presente trabalho, para o caráter vigor vegetativo a herdabilidade em questão foi 57,01%. Severino et al. (2000), encontraram 89,64% para esse caráter e Rezende et al. (2011) encontraram 86,59%, ambos em experimentos com *Coffea arabica*.

Segundo Ferrão et al. (2008), além da herdabilidade o coeficiente de variação genética é um parâmetro importante que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente na população em diferentes caracteres, possibilitando comparar os níveis de variabilidade genética presente em diferentes genótipos, ambientes e caracteres. É um indicador da grandeza relativa das mudanças de um caráter, que podem ser obtidas por meio da seleção.

Neste estudo os maiores coeficientes de variação genética foram observados nas variáveis: produção em litros no ano de 2009 (19,28%), produção em litros no ano de 2010 (21,24%) e vigor vegetativo no ano de 2009 (15,24%). Esse resultado evidencia que as maiores mudanças e ganhos devem ocorrer a partir da seleção dessas variáveis. Bonomo et al. (2004) encontraram resultados semelhantes, que variaram de 10,81 a 31,73%, em um experimento de cruzamento de Híbridos de Timor com Catuaí Vermelho e Catuaí Amarelo.

Pereira et al. (2011) encontraram CV g (%) de 11,72% para produtividade de grãos, Rezende et al. (2011) encontraram 13,16% para o caráter produtividade de grãos em experimento com *Coffea arabica* e Rodrigues et al. (2012) encontraram um coeficiente de variação genético variando de 18,49% a 46,70% para produtividade de grãos em um experimento de avaliação de parâmetros genéticos em clones de *Coffea canephora*.

A medida mais utilizada como indicativo de precisão experimental é o coeficiente de variação experimental (CVe), que, neste trabalho variou de 5,01% para altura de plantas a 70% para cor do fruto, indicando uma influência menor do ambiente sobre a primeira característica e maior sobre a segunda. Resultados semelhantes para altura de plantas foram encontrados por Leão (2009) e Sandy et al. (2007).

Para produtividade de grãos em litros, o coeficiente de variação ambiental para produtividade em litros variou de 26,84% a 44,02%. Mistro et al. (2007) e Resende et al. (2001) encontraram 21,53% e 41,69% respectivamente para produtividade de grãos em experimentos com cultivares de *Bourbon*.

Coefficientes de variação ambiental elevados, entre 20% a 77%, para esse caráter foram observados em experimentos de progênies e clones de café, por Bonomo et al. (2004), Ferrão (2004) e Ferreira (2003). Altos coeficientes de variação são verificados em experimentos de avaliação de progênies de café, em anos individuais, variando entre 20% e 40%, e menores na análise de combinações de anos (FONSECA, 1999; MENDES, 1994; SERA, 1980).

A ocorrência de CV elevado pode ser devido, principalmente, ao longo ciclo da cultura, respostas diferenciadas dos materiais a altas temperaturas, secas, incidência de doenças e pragas e podas.

Quando o coeficiente de variação relativa (CVg/CVe) é próximo ou superior a 1,0 indica uma situação favorável à seleção (VENCOVSKY, 1987). Neste estudo os coeficientes de variação relativa que apresentaram valores

favoráveis foram referentes à altura de plantas (1,26) e cor da folha na fase jovem (1,18).

4.3 Análises de divergência genética por técnicas multivariadas

A divergência genética estimada pela distância generalizada de *Mahalanobis* é considerada muito confiável e precisa, pois, por esse método, é considerada a matriz de covariâncias residuais, além da matriz de covariâncias fenotípicas, e as correlações entre as variáveis estudadas (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Na Tabela 7 são apresentadas algumas medidas de dissimilaridade dos cinco acessos mais similares e dissimilares utilizando-se a distância generalizada de *Mahalanobis*, calculada através da soma das matrizes dos dados quantitativos e qualitativos.

Tabela 7 Medidas de dissimilaridade dos cinco acessos mais dissimilares e dos cinco mais similares, com base na distância generalizada de *Mahalanobis* (D^2_{iv}), Patrocínio, 2012

Acessos similares	Distância genética	Acessos dissimilares	Distância genética
MG0032 – MG0049	6,84	MG0103 – MG0045	20,57
MG0087 – MG0076	6,85	MG00118 – MG0110	20,02
MG0034 – MG0010	6,87	MG0102 – MG0006	19,89
MG0052 – MG0079	6,89	MG0101 - MG0119	19,88
MG0063 – MG0031	6,94	MG0039 – MG0126	18,86

Os acessos MG0103 e MG0045 foram considerados os mais dissimilares entre si, com uma distância genética de 20,57, com base na distância generalizada de *Mahalanobis*, e os acessos MG0032 e MG0049 foram os mais similares, em razão de ter exibido a menor distância média entre os pares de distâncias estimadas (6,84).

Entre os mais similares, destacaram-se os acessos MG0073, MG0049, MG0012, MG0048 e MG0031, pois foram os acessos que apresentaram as menores distâncias médias entre os pares de distância nos quais faziam parte (dados não apresentados).

Os acessos MG0045, MG0101, MG0103, MG0110 e MG0118 destacaram-se como as mais dissimilares entre os 126 acessos de *Bourbon*, pois foram os acessos que apresentaram maiores distâncias médias entre os pares de distância nos quais faziam parte com as seguintes distâncias de *Mahalanobis* médias: 14,88; 14,65; 14,60; 14,44 e 14,31 (dados não apresentados). Vale ressaltar que o acesso MG0045 foi o mais dissimilar entre todos além de ter apresentado a distância de magnitude mais elevada, verificada com o acesso MG0103.

Ferrão (2004), estudando a dissimilaridade genética entre clones de café *Coffea canéfora* em dois locais, encontrou ($D^2_{ii'}$) máximo de 211,70 e ($D^2_{ii'}$) mínimo de 1,28. Fonseca (1999), estudando clones componentes de três variedades clonais do INCAPER, estimou distâncias ($D^2_{ii'}$) de magnitudes variando de 0,67 a 87,74.

4.4 Definição da estratégia de formação do agrupamento de *Tocher*

A partir da conversão dos dados quantitativos em multicategóricos foram estimadas as matrizes de dissimilaridade. As estimativas dos coeficientes de correlação simples entre essas matrizes e a matriz de dissimilaridade obtidas a partir dos dados originais, utilizando a estratégia do número de classes pré-definidas e a divisão equitativa da amplitude (DEA), são apresentados na Tabela 8. Segundo Rohlf (2000), a correlação entre duas matrizes só é consistente apenas a partir de valores cofenéticos acima de 0,7 pelo teste Z de Mentel.

Tabela 8 Correlação entre a matriz de dissimilaridade obtida a partir dos dados quantitativos originais e as matrizes de dissimilaridade obtidas pela estratégia do número de classes pré-definido e divisão equitativa da amplitude (DEA) para codificação desses dados, Patrocínio, 2012

Estratégia	Número de classes	Correlação		
DEA	2	0,3212	**	++
	3	0,2813	**	++
	4	0,2619	**	++
	5	0,1934	**	++
	6	0,1314	**	++
	7	0,1616	**	++
	8	0,1940	**	++
	9	0,1736	**	++
	10	0,1708	**	++

**Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t; ++ Significativo a 1% de probabilidade pelo teste Z de Mantel baseado em 1000 simulações

As correlações entre a matriz dos dados quantitativos originais e as matrizes de dissimilaridade obtidas pela estratégia do número de classes pré-definido e divisão equitativa da amplitude (DEA), não foram consistentes, sendo por esse motivo utilizado a SOMA de matrizes dos dados quantitativos, estimado pela distancia generalizada de *Mahalanobis* e multicatégoricos, estimada pelo índice de coincidência simples.

4.5 Agrupamento pelo método de *Tocher*

Um dos meios de se estudar a divergência genética é através da análise de agrupamento. Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos. No método de otimização proposto por *Tocher*, é adotado o critério de manter a distância média intragrupos sempre inferior a qualquer distância intergrupos (RAO, 1952).

O agrupamento pelo método de *Tocher*, utilizando-se como medida de dissimilaridade genética a Distância Generalizada de *Mahalanobis* (Tabela 9), caracterizou a formação de 20 grupos de acessos, sendo o primeiro deles subdividido em 20 subgrupos (Tabela 10), de forma a facilitar a interpretação dos resultados.

A maior parte dos acessos ficaram alocados no grupo 1, sendo este grupo constituído por 60,32% do total dos acessos avaliados. Os acessos MG0122, MG0106, MG0018, MG0100, MG0109, MG0055, MG0102, MG0121, MG0126, MG0101 e MG0045 foram os mais divergentes entre eles, permanecendo em grupos isolados. Foi verificado que essa dissimilaridade tem relação com o local que os acessos foram coletados para a implantação do Banco.

Vale ressaltar que os acessos MG0045 e MG0101 que estavam entre os mais dissimilares pela distância generalizada de *Mahalanobis*, permaneceram em grupos isolados (Tabela 9), além de terem produção média e vigor vegetativo elevado (Tabela 1A, Anexo A), o que deve ser levado em consideração para a escolha dos melhores acessos para possíveis cruzamentos.

Para facilitar a visualização dos resultados foi realizado um novo agrupamento apenas para os acessos que ficaram alocados no grupo 1. O grupo 1 foi dividido em 20 subgrupos, sendo considerados os mais divergentes dentro desse grupo os acessos: MG0063, MG0078, MG0050, MG0036, MG0037, MG0028, MG0125, que constituíram subgrupos isolados.

O número de grupos formados pelo método de *Tocher* demonstra a ampla variabilidade entre os acessos estudados. Araújo (2008), trabalhando com clones de cupuaçuzeiros, Ferrão (2004) e Fonseca (1999), com clones de *C.canephora* variedade *Conilon*, Shimoya et al. (2002), com acessos de capim-elefante, Sobral (2009) com feijão caupi e Ivoglo et al. (2008) com café robusta, obtiveram resultados semelhantes aos aqui citados.

A formação desses grupos representa valiosa informação na escolha de genitores dentro dos programas de melhoramento, pois as novas populações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas distâncias e no potencial por si só dos genitores. Entretanto, além de dissimilares, é necessário que os genitores associem média elevada de produção e variabilidade para os caracteres que estão sendo melhorados (ALMEIDA; DIAS, 2001).

Tabela 9 Grupos formados de acordo com o método de *Tocher* baseado na distância de *Mahalanobis* ($D^2_{H^*}$), dos 126 acessos de *Bourbon* avaliados do Banco de Germoplasma de café de Minas Gerais, Patrocínio, 2012

Grupos	Acessos						
1	MG0004	MG0019	MG0032	MG0042	MG0052	MG0063	MG0075
	MG0010	MG0022	MG0033	MG0043	MG0053	MG0064	MG0076
	MG0012	MG0024	MG0034	MG0044	MG0054	MG0068	MG0077
	MG0013	MG0025	MG0035	MG0046	MG0056	MG0070	MG0078
	MG0014	MG0027	MG0036	MG0047	MG0057	MG0071	MG0079
	MG0015	MG0028	MG0037	MG0048	MG0059	MG0072	MG0081
	MG0016	MG0029	MG0038	MG0049	MG0060	MG0073	MG0082
	MG0017	MG0031	MG0040	MG0051	MG0061	MG0074	MG0083
	MG0127	MG0128	MG0125	MG0090	MG0111	MG0112	MG0113
	MG0115	MG0116	MG0123	MG0124	MG0084	MG0085	MG0086
	MG0087	MG0088	MG0093	MG0096	MG0098	MG0114	
2	MG0092	MG0094	MG0080	MG0108	MG0104	MG0066	MG0009
	MG0021	MG0020					
3	MG0110	MG0118	MG0119	MG0117	MG0006	MG0103	
4	MG0050	MG0062	MG0069				
5	MG0007	MG0058	MG0030	MG0065	MG0095	MG0067	
6	MG0097	MG0120	MG0005	MG0039	MG0026	MG0041	MG0011
7	MG0089	MG0129	MG0107				
8	MG0091	MG0099					
9	MG0023	MG0105	MG0008				
10	MG0122						
11	MG0106						
12	MG0018						
13	MG0100						
14	MG0109						
15	MG0055						
16	MG0102						
17	MG0121						
18	MG0126						
19	MG0101						
20	MG0045						

Tabela 10 Subgrupos formados de acordo com o método de *Tocher* baseado na Distância de *Mahalanobis* (D_{ii}^2), dos 76 acessos do grupo 1 de *Bourbon* avaliados do Banco Germoplasma de Minas Gerais, Patrocínio, 2012

Grupos	Acessos						
1	MG0004	MG0024	MG0046	MG0082	MG0013	MG0031	MG0059
	MG0010	MG0028	MG0048	MG0083	MG0014	MG0032	MG0060
	MG0012	MG0029	MG0049	MG0086	MG0015	MG0033	MG0072
	MG0111	MG0098	MG0022	MG0035	MG0073		
2	MG0038	MG0047	MG0051	MG0052	MG0053	MG0054	MG0057
	MG0071	MG0074	MG0075	MG0076	MG0079	MG0087	
3	MG0061	MG0068	MG0077	MG0084	MG0090		
4	MG0017	MG0035					
5	MG00113	MG0114	MG0123	MG0124	MG0127	MG0128	
6	MG0056	MG0064					
7	MG0096	MG0116					
8	MG00116	MG0040	MG0081				
9	MG0012	MG0115					
10	MG0025	MG0027					
11	MG0085	MG0093					
12	MG0019	MG0043					
13	MG0070	MG0088					
14	MG0063						
15	MG0078						
16	MG0050						
17	MG0036						
18	MG0037						
19	MG0028						
20	MG0125						

4.6 Importância relativa das características e descarte de variáveis

Para Cruz e Carneiro (2003), as características dispensáveis em estudos de divergência genética compreendem as que são relativamente não variantes entre os indivíduos estudados, apresentam instabilidade com a mudança das

condições experimentais ou são redundantes, por estarem correlacionadas com outras características.

Neste presente trabalho, a importância relativa das características foi calculada utilizando o método proposto por Singh (1981), que se baseia na partição do total das estimativas das distâncias (D_{ii}^2), considerando todos os possíveis pares de indivíduos, para a parte devida a cada característica.

Alguns autores relatam a viabilidade de descarte de variáveis pela utilização de análises multivariadas, destacando-se entre eles Sudré et al. (2006) em pimenta e pimentão, Abreu et al. (2004) em feijão de vagem, Ivoglo et al. (2008) e Pereira Neto (2004) em café *conilon*, Oliveira et al. (2004) em alface, Bento et al. (2007) em pimenta e Moreira et al. (2012) em tomate.

Utilizando o critério proposto por Singh (1981), as características que contribuíram para a divergência genética entre as progênies foram registrados na Tabela 11.

Tabela 11 Contribuição relativa de 11 características morfoagronômicas para a divergência dos 126 acessos de *Bourbon*, pelo método de Singh (1981), Patrocínio, 2012

Característica	S. j	Valor em %
Formato da planta	12891,36	6,35
Altura de Plantas (cm)	45051,33	22,19
Diâmetro da copa (cm)	12142,75	5,98
Largura da folha	13616,91	6,71
Cor da folha na fase jovem	32442,45	15,98
Flexibilidade do ramo ortotrópico	13506,69	6,65
Produção em litros 2009	19288,27	9,50
Produção em litros 2010	11526,74	5,68
Vigor vegetativo no ano de 2009	20804,78	10,25
Produção em nota no ano de 2009	10259,13	5,05
Ciclo até a maturação 2010	11415,46	5,62

S, J.; valor estimado da estatística de Singh (1981)

De acordo com os resultados obtidos as características que proporcionaram maiores contribuições relativas foram altura de plantas (22,19%), cor da folha na fase jovem (15,98%) e vigor vegetativo no ano de 2009 (10,25%). A característica que apresentou menor contribuição foi produção em nota no ano de 2009 (5,05%).

Quando se descartou a característica de menor importância relativa (produção em nota no ano de 2009) pelo método de Singh (1981), conforme Cruz e Regazzi (1997), o número de agrupamentos, estabelecidos pelo método de otimização de *Tocher*, passou de 20 para 19 e as posições dos acessos também foram modificadas. Isso indica que apesar dessa característica explicar uma fração pequena da variância total, ela não pode ser descartada.

Em trabalhos realizados com feijão (FERRÃO, 1997), café *conilon* (FONSECA, 1999) e capim-elefante (SHIMOYA et al., 2002) não foram descartadas características de menor importância por algumas das seguintes justificativas: serem importantes na seleção; apresentarem baixa correlação com outros caracteres relacionados com a produtividade, além do fato de a eliminação da característica provocar mudança no agrupamento de genótipos estabelecidos pelo método de otimização de *Tocher*.

Marim et al. (2009), estudando a variabilidade genética em um germoplasma de tomateiro também verificaram que o descarte da característica de menor importância alterou o agrupamento de *Tocher* original, corroborando também Rego et al. (2003) que ao descartarem a característica com a menor contribuição em um experimento com pimenta também encontraram modificações no novo agrupamento de *Tocher* em relação ao agrupamento original.

4.7 Agrupamento pelo método UPGMA (“Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages”)

A fim de obter um grau de confiabilidade mais elevado no agrupamento dos acessos pela dissimilaridade genética, foi também aplicado o método de UPGMA, cujo dendrograma ou diagrama em forma de árvore encontra-se no Anexo B.

A dissimilaridade entre acessos estabelecida pelo método de agrupamento UPGMA constitui uma informação, que associada ao método de otimização de *Tocher*, confere maior segurança em discriminar os diferentes acessos quanto à divergência genética.

O diagrama de UPGMA apresentou elevado grau de ramificação em função da ampla diversidade observada entre os acessos de *Bourbon* da coleção de germoplasma estudada.

Essa metodologia apresentou resultados similares aos observados pelo método de *Tocher*, principalmente quando se estabeleceu o limite mínimo de 73% de similaridade entre os acessos, para que os mesmos fossem incluídos em um mesmo grupo, fato este também observado por outros autores (BARELLI et al., 2006; ELIAS et al., 2007; IVOGLO et al., 2008; SILVA et al., 2005; ZUIM et al., 2009).

Esse método de agrupamento permitiu a formação de 30 grupos, sendo o grupo I composto de 57 acessos, os quais formaram um mesmo grupo no agrupamento de *Tocher*. Alves (2002), em um experimento de caracterização de cupuaçuzeiro encontrou semelhança entre o agrupamento de *Tocher* e o UPGMA. Da mesma forma, Ivoglo et al. (2008) em um experimento de divergência genética de café robusta encontrou a mesma divisão de grupos para os dois agrupamento e Sobral (2009) trabalhando com caracterização de feijão caupi também encontrou semelhança entre os grupos formados.

Os acessos que apresentaram as cinco menores médias estimadas pela distância generalizada de *Mahalanobis* (Tabela 7) permaneceram em um mesmo grupo, tanto no agrupamento de *Tocher* quanto no *UPGMA*. Isso evidencia a grande similaridade encontrada entre esses acessos.

Vale ressaltar que alguns acessos que permaneceram isolados no agrupamento de *Tocher*, também formaram grupos isolados no *UPGMA*, que foram: MG0045, MG0055, MG0102, MG0101, MG0126, MG0100 e MG0106.

Além disso, os acessos MG0045 e MG0103 foram os que apresentaram maiores estimativas médias da distância generalizada de *Mahalanobis*, sendo por isso considerados os acessos mais divergentes entre os acessos de *Bourbon* avaliados.

De modo geral, esses resultados indicam a possibilidade de utilização desses acessos em possíveis cruzamentos futuros, reunindo em um único genótipo alelos favoráveis expressos nos dois genitores.

4.8 Coleção nuclear

A montagem de uma coleção nuclear, independente da espécie, é basicamente um exercício de amostragem que tenta assegurar a presença de um maior número de alelos da coleção inicial para utilização pelos melhoristas da espécie.

O tamanho inicial da coleção nuclear foi estabelecido em torno de 10% do número total de acessos contido na população original, considerando cada característica separada, conforme proposto por Brown (1989), que estimou que uma amostragem de 10% retém cerca de 70% dos alelos presentes na coleção base.

Assim 12 acessos foi o número inicial estabelecido. Após o estabelecimento do número inicial, foram acrescentados acessos, de um em um

por meio de 100 amostragens aleatórias sucessivas para cada nova coleção nuclear estabelecida, fazendo com que as coleções nucleares variassem de 12 a 125 acessos, para cada característica em separado.

Por meio das 100 amostragens aleatórias sucessivas, para cada nova coleção nuclear estabelecida em cada características avaliada, foi possível estimar as taxas de erros associadas à recuperação da média e da variância genética da população original via coleção nuclear (Tabela 12).

Verificou-se que o número de indivíduos para formar a nova coleção nuclear variou-se de 50 a 90, sendo a primeira para a característica formato da planta, com recuperação da média da população original (taxa de erro de 0%) e não recuperação da variância genética da população original (taxa de erro de 99%). Para a característica produção em litros no ano 2010, foram necessários 90 indivíduos para comporem a coleção nuclear para que houvesse a recuperação da média da população original (taxa de erro de 0%) e da variância genética da população original com taxa de erro de 40%.

Tabela 12 Estimação do tamanho mínimo da população para a formação de uma coleção nuclear e taxas de erros associadas à recuperação da média e da variância genética originais via coleção nuclear, Patrocínio, 2012

Característica	Indivíduos	Taxa de erro da média	Taxa de erro da variância
Formato da planta	50	0 %	99%
Altura da planta (cm)	80	0 %	99%
Diâmetro da copa (cm)	81	0 %	99%
Largura da folha	79	0 %	99%
Cor da folha na fase jovem	75	0 %	99%
Flexibilidade ramo ortotrópico	82	0 %	99%
Produção em litros 2009	74	0 %	17%
Produção em litros 2010	90	0 %	40%
Vigor vegetativo no ano de 2009	81	0 %	99%
Produção em nota no ano de 2009	61	0 %	99%
Ciclo até a maturação em 2010	82	0 %	99%

Contudo, ao analisar que as taxas de erro associadas à recuperação da variância genética foram altíssimas, para a maioria das características avaliadas, foi estabelecido que 50 indivíduos seriam necessários para a formação da coleção nuclear. As novas taxas de erro associados à média e à variância genética se encontram na Tabela 13, ou seja, 39% da coleção inicial haverá uma boa recuperação da média da população original.

Tabela 13 Estimação das taxas de erro associadas à média e a variância em 50 indivíduos para cada característica avaliada, Patrocínio, 2012

Característica	Taxa de erro associada à média	Taxa de erro associada à variância
Altura da planta (cm)	12%	99%
Diâmetro da copa (cm)	0%	99%
Largura da folha	14%	99%
Cor da folha na fase jovem	8%	99%
Flexibilidade ramo ortotrópico	11%	99%
Produção em litros 2009	7%	14%
Produção em litros 2010	3%	35%
Vigor vegetativo no ano de 2009	8%	99%
Produção em nota no ano de 2009	6%	99%
Ciclo até a maturação em 2010	25%	99%

Utilizando a matriz de dissimilaridade genética, e por meio da técnica de agrupamento de *Tocher* invertido, que agrupa os indivíduos de maior dissimilaridade, foram definidos os 50 acessos para comporem a coleção nuclear de *Bourbon* do Banco de Germoplasma da EPAMIG (Tabela 14).

Vasconcelos et al. (2007), em um experimento de estratégias de amostragem e estabelecimento de coleções nucleares utilizaram o método de *Tocher* com critério de agrupamento inverso e concluíram que coleções de germoplasma iniciais com diferentes tamanhos possuem distintas intensidades de amostragem mínimas, para gerar coleções nucleares adequadas em suas representatividades, e que o método de *Tocher*, com critério de agrupamento

inverso, é eficiente na obtenção de coleção nuclear representativa da coleção inicial.

Tabela 14 Relação dos acessos pertencentes à coleção nuclear de Bourbon do Banco de Germoplasma de Minas Gerais, Patrocínio, 2012

Acessos selecionados para compor a Coleção Nuclear				
MG0005	MG0036	MG0065	MG0094	MG0111
MG006	MG0037	MG0066	MG0095	MG0115
MG008	MG0039	MG0067	MG0100	MG0117
MG0014	MG0042	MG0069	MG0101	MG0118
MG0016	MG0044	MG0070	MG0102	MG0119
MG0025	MG0045	MG0071	MG0103	MG0121
MG0026	MG0053	MG0074	MG104	MG0123
MG0027	MG0055	MG0081	MG0106	MG0125
MG0033	MG0061	MG0088	MG0108	MG0126
MG0034	MG0062	MG0092	MG0110	MG0129

5 CONCLUSÕES

- a) existe grande variabilidade genética entre os 126 acessos de *Bourbon* avaliados no Banco de Germoplasma de Minas Gerais;
- b) houve similaridade em relação aos métodos de agrupamentos utilizados;
- c) os acessos MG0045 e MG00103 foram os mais indicados para integrar futuros cruzamentos visando explorar a variabilidade genética presente no germoplasma de *Bourbon* do Banco de Germoplasma de Minas Gerais;
- d) verificou-se que uma coleção nuclear composta de 50 acessos representa a variabilidade contida nos 126 acessos originais.

REFERÊNCIAS

ABADIE, T. et al. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 2, p. 129-136, fev. 2005.

ABREU, F. B. et al. Divergência genética entre acessos de feijão de vagem de hábito de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 3, p. 567-573, 2004.

AGUIAR, A. T. E. et al. Diversidade química do cafeeiro da espécie *Coffea canephora*. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 4, p. 577-582, 2004.

ALLARD, R. W. Predicted methods for germoplasm identification. In: STALKER, H. T. (Ed.). **Plant breeding in the 1990**. Wallingford: Oxon, 1992. p. 119-146.

ALMEIDA, C. M. V. C.; DIAS, L. A. S. Recursos genéticos. In: DIAS, L. A. S. (Ed.). **Melhoramento genético do cacauzeiro**. Viçosa, MG: FUNAPE, 2001. p. 163-216.

ALVES, R. M. **Caracterização genética de populações de cupuaçuzeiro *Theobroma grandiflorum* (Willd. Ex. Spreng.) Schum. por marcadores microsatélites e descritores botânico-agronômicos**. 2002. 146 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2002.

AMORIM, E. P. et al. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1637-1644, nov./dez. 2007.

ARAÚJO, M. C. **Uma coleção nuclear de pupunha na Amazônia**. 2008. 94 p. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) - Universidade Federal do Amazonas, Manaus, 2008.

BALFOURIER, F. et al. A worldwide bread wheat core collection arrayed in a 384-well plate. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 114, n. 7, p. 1265-1275, 2007.

BARBIERI, R. L. et al. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 2, p. 303-308, mar./abr. 2005.

BARELLI, M. A. A. et al. Genetic diversity among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions based on RAPD markers. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 49, p. 131-132, 2006.

BASTOS, C. N. et al. **Conservação, caracterização, avaliação e utilização de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.) silvestre da Amazônia.** Disponível em: <ftp.mct.gov.br/prog/ppg7/projetos/proj915.pdf>. Acesso em: 10 dez. 2012.

BEKELE, F. L. et al. Patterns of morphological variation in a sample of cacao (*Theobroma cacao* L.) germplasm from the International Cacao Gene bank. Trinidad. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 53, n. 12, p. 933-948, Aug. 2006.

BENTO, C. S. et al. Descritores qualitativos e multicategóricos na estimativa da variabilidade fenotípica entre acessos de pimentas. **Scientia Agraria**, Piracicaba, v. 8, n. 2, p. 149-156, 2007.

BONOMO, P. et al. Seleção antecipada de progênies de café descendentes de 'Híbrido de Timor' X 'Catuaí Amarelo' e 'Catuaí Vermelho'. **Acta Scientiarum, Agronomy**, Maringá, v. 26, n. 1, p. 91-96, set. 2004.

BOTELHO, C. E. et al. Seleção de progênies F₄ de cafeeiros obtidas pelo cruzamento de Icatu com Catimor. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 57, n. 3, p. 274-281, 2010.

BRASIL. Secretaria de Apoio Rural e Cooperativismo. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. Portaria nº 2, de 17 de novembro de 2000. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, n. 223, p. 6-7, 2000.

BROWN, A. H. D. The case for core collections. In: BROWN, A. H. D. et al. (Ed.). **The use of plant genetic resources**. New York: Cambridge University, 1989. p. 136-156.

BROWN, A. H. D.; SPILLANE, C. Implementing core collections principles procedures, progress, problems and promise. In: JOHNSON, R. C.; HODGKIN, T. (Ed.). **Core collections for today and tomorrow**. Rome: IPGRI, 1999. p. 1-9.

BUENO, L. C. de S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. de. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2006. 319 p.

CARVALHO, A. et al. Melhoramento do cafeeiro: produtividade e outras características de vários cultivares em Monte Alegre do Sul. **Bragantia**, Campinas, v. 32, p. 245-260, 1973.

CARVALHO, A.; MÔNACO, L. C.; FAZUOLI, L. C. Melhoramento do café: estudos de progênies e híbridos de café Catuaí. **Bragantia**, Campinas, v. 38, n. 22, p. 202-216, 1979.

CARVALHO, A. M. et al. Seleção de genótipos de cafeeiro Bourbon em diferentes localidades. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DE CAFÉS DO BRASIL, 7., 2011, Araxá. **Anais...** Araxá: SBC, 2011. 1 CD-ROM.

CELIM, E. F. **Caracterização morfoagronômica do Banco Ativo de Germoplasma de feijão da UFV**. 2011. 43 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2011.

CORDEIRO, A. C.; ABADIE, T. Coleções nucleares. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais e biotecnologia**. Brasília: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 575-604.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: biometria**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 382 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 1997. 390 p.

_____. _____. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. 480 p.

DEMEY, J. R. et al. Relación entre caracterizaciones molecular y morfológica en una colección de yuca. **Interciencia**, Catanduva, v. 28, n. 12, p. 684-689, dez. 2003.

EIRA, M. T. S. et al. **Banco de sementes de café em criopreservação: experiência inédita no Brasil**. Brasília: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005. 5 p. (Circular Técnica, 42).

EIRA, M. T. S.; FAZUOLI, L. C.; GUERREIRO, O. Bancos de Germoplasma de café no Brasil: base do melhoramento para produtividade e qualidade. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 5., 2007, Águas de Lindóia. **Anais...** Brasília: EMBRAPA Café, 2007. 1 CD-ROM.

ELIAS, H. T. et al. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1443-1449, out. 2007.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman, 1989. 438 p.

FAZUOLLI, L. C. et al. Avaliação das cultivares Mundo Novo, Bourbon Amarelo e Bourbon Vermelho de *Coffea arabica* L. em Campinas, SP. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 4, p. 533-546, 2005.

_____. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies do café Icatu. In: SIMPÓSIO DE PESQUISAS DOS CAFÉS DE BRASIL, 1., 2000, Poços de Caldas. **Resumos Expandidos...** Belo Horizonte: MINASPLAN, 2000. p. 494-499.

FERREIRA, A. **Índice de seleção e análise de fatores na predição de ganhos genéticos em *Coffea canephora* var. Conilon.** 2003. 132 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2003.

FERREIRA, A. D. **Seleção de cafeeiros Bourbon para produção de cafés especiais.** 2010. 96 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

FERRÃO, M. A. G. **Tolerância do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) ao frio: análise dialélica genética e correlação entre caracteres.** 1997. 123 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1997.

FERRÃO, M. A. G. et al. Caracterização morfoagronômica de café conilon. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA CAFEIEIRA, 7., 2011, Araxá. **Anais...** Araxá: SBC, 2011. 1 CD-ROM.

FERRÃO, R. G. **Biometria aplicada ao melhoramento genético do café conilon.** 2004. 256 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2004.

FERRÃO, R. G. et al. Parâmetros genéticos em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 1, p. 61-69, jan. 2008.

FONSECA, A. F. A. da. **Análises biométricas em café Conilon (*Coffea canephora* Pierre)**. 1999. 121 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1999.

FONSECA, A. F. A. da et al. Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 4, p. 599-605, abr. 2006.

FRANCO, J. et al. A sampling strategy for conserving genetic diversity when forming core subsets. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 3, p. 1035-1044, May 2005.

FRANKEL, O. H.; BROWN, A. H. D. Plant genetic resources today: a critical appraisal. In: HOLDEN, J. H. W.; WILLIAMS, J. T. (Ed.). **Crop genetic resources: conservation & evaluation**. London: Allen & Unwin, 1984. p. 249-257.

FUNDAÇÃO PROCAFÉ. **Novas variedades de café: mais produtivas e resistentes**. Varginha, 2002. 14 p. Folheto.

FURLANI JÚNIOR, E. et al. Avaliação de cultivares de café arábica em região marginal. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 29, n. 2, p. 197-203, 2007.

GOMES, C. N. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 8, p. 1121-1130, ago. 2007.

GONÇALVES, C. A. C. et al. Genetic divergence off the common bean group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, Lund, v. 144, n. 1, p. 1-9, Mar. 2007.

GUIMARÃES, P. T. G. et al. **Recomendação para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais: 5ª aproximação**. Viçosa, MG: CFSEMG, 1999. 359 p.

HINTUM, T. J. L. et al. **Core collections of plant genetic resources**. Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 2000. 48 p.

INSTITUTO AGRONÔMICO DE CAMPINAS. **Os cultivares do café**.

Disponível em:

<<http://www.iac.sp.gov.br/areasdepesquisa/cafe/centrocafe4.php>>. Acesso em: 29 set. 2012.

IVOGLIO, M. G. et al. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 4, p. 823-831, 2008.

KÖPPEN, W. **Climatologia**: con un estudio de los climas de la tierra. Mexico: Fondo de Cultura Econômica, 1948. 478 p.

KVITSCHAL, M. V. et al. **Caracterização e divergência genética de germoplasma de mandioca-de-mesa da região urbana de Maringá**. 2008. 140 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2008.

LAVIOLA, B. G. et al. Morpho-agronomic characterization of the germplasm bank of *Jatropha* Young Stage. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 27, n. 3, p. 371-379, 2011.

LEÃO, A. P. **Caracterização morfoagronômica de acessos de *Coffea arabica* L.** 2009. 63 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2009.

MACHADO, C. de F. et al. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 251-258, mar./abr. 2002.

MARIM, B. G. et al. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1283-1290, out. 2009.

MARTINS, F. A. **Integração de dados morfoagronômicos moleculares e fitopatológicos para estabelecimento de coleção nuclear**. 2011. 106 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2011.

MEDEIROS, A. M. Estimativa da divergência genética entre genótipos de feijão caupi a partir de análises multivariadas. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 12., 2008, Salvador. **Resumos...** Salvador: SBG, 2008. p. 192.

MEIRELLES, E. J. L. et al. Balanço hídrico dos anos agrícolas 2008/2009 e 2009/2010 para áreas cafeeiras no município de Patrocínio, MG. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 7., 2011, Araxá. **Anais...** Araxá: SBC, 2011. 1 CD-ROM.

MENDES, A. N. G. **Avaliação de metodologias empregadas na seleção de progênies do cafeeiro (*Coffea arabica* L.) no estado de Minas Gerais**. 1994. 167 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, 1994.

MEYER, A. S. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análises de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes**. 2002. 106 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2002.

MIRANDA, J. E. C.; CRUZ, C. D.; COSTA, C. P. Predição de comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum* L) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 11, p. 929-937, 1988.

MISTRO, J. C. et al. Estimates of genetics parametes in Arabic Coffee deriver off Timor hibrid. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 7, n. 18, p. 141-147, Sept. 2007.

MOREIRA, G. R. et al. Divergência genética entre acessos de tomateiro infestados por diferentes populações da traça-do-tomateiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 4, p. 893-898, 2012.

NASS, L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L. et al. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 30-55.

OLIVEIRA, A. C. B. de. Seleção de cafeeiros arábica portadores do gene SH3 de resistência à ferrugem. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 7., 2011, Araxá. **Anais...** Araxá: SBC, 2011. 1 CD-ROM.

OLIVEIRA, A. C. B. de et al. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 26, n. 2, p. 211-217, 2004.

OLIVEIRA, A. C. B. de; MALUF, M. P. Diversidade em *Coffea* sp. **O Agrônomo**, Campinas, v. 59, n. 1, p. 22-24, ago. 2007.

PEREIRA, T. B. et al. Avaliação de progênies F3 de café arábica. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 7., 2011, Araxá. **Anais...** Araxá: SBC, 2011. 1 CD-ROM.

PEREIRA NETO, L. G. **Germinação de sementes de soja armazenadas em bancos de germoplasma**. 2004. 76 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

PETEK, M. R. et al. Seleção de progênies de *Coffea arabica* com resistência simultânea à mancha aureolada e à ferrugem alaranjada. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 1, p. 65-73, 2006.

RAMALHO, A. R. et al. Coleção ativa de Germoplasma de *Coffea arabica*. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, Brasília, n. 67, p. 1-14, 2010.

RAMOS, S. R. R.; QUEIROZ, M. A. Caracterização morfológica: experiência do BAG de cucurbitáceas da Embrapa Semi-Árido com acessos de abóbora e moranga. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, n. 1, p. 9-12, 1999.

RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Willey, 1952. 390 p.

REGO, E. R. do. Genetic diversity analysis of peppers: a comparison of discarding variable methods. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 3, n. 1, p. 19-26, 2003.

RESENDE, M. D. V. et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.

REZENDE, R. M. et al. Seleção de progênies de *Coffea arabica* visando resistência a *Meloidogyne exigua*. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DE CAFÉS DO BRASIL, 7., 2011, Araxá. **Anais...** Araxá: SBC, 2011. 1 CD-ROM.

ROCHA, T. R.; CARVALHO, A.; FAZUOLI, L. C. Melhoramento do cafeeiro: observações sobre progênies cultivar "Mundo Novo" de *Coffea arabica* na estação experimental de Mococa. **Bragantia**, Campinas, v. 39, n. 15, p. 148-160, 1980.

RODRIGUES, W. N. et al. Estimativa de parâmetros genéticos em clones de café conilon. **Coffee Science**, Lavras, v. 7, n. 2, p. 177-182, abr./jun. 2012.

ROHLF, F. J. **NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system**. New York: Exeter, 2000. 38 p.

SALVADORAN COFFEE COUNCIL. **Exploring distinctive characteristics & virtues of coffee varieties: the bourbon & pacamara case**. Disponível em: <<http://www.atlascoffee.com/pacamara.pdf>>. Acesso em: 19 set. 2012.

SANDY, E. C. et al. Avaliação do crescimento e desenvolvimento de cafeeiros *coffea arabica* L. var Bourbon em duas regiões de Minas Gerais. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DE CAFÉS DO BRASIL, 5., 2007, Águas de Lindóia. **Anais...** Águas de Lindóia: SBC, 2007. 1 CD-ROM.

SERA, T. **Estimação dos componentes da variância e do coeficiente de determinação genotípica da produção de grãos de café**. 1980. 62 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1980.

SEVERINO, L. S. et al. Seleção de progênies de Catimor (*Coffea arabica* L.) em Martins Soares. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA CAFÉS DO BRASIL, 1., 2000, Poços de Caldas. **Resumos Expandidos...** Poços de Caldas: EMBRAPA; MINASPLAN, 2000. p. 522-526.

SHIMOYA, A. et al. Divergência genética de acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 971-980, jul. 2002.

SILVA, F. L. et al. Divergência genética entre clones de café robusta. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DE CAFÉS DO BRASIL, 7., 2011, Araxá. **Anais...** Araxá: SBC, 2011. 1 CD-ROM.

SILVA, M. P. et al. Diversidade genética e identificação de híbridos por marcadores RAPD em feijão-de-vagem. **Acta Scientiarum, Agronomy**, Maringá, v. 27, n. 3, p. 531-539, set. 2005.

SINGH, D. The relative importance of characteres affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New Delhi, v. 41, p. 237-245, 1981.

SOBRAL, P. V. C. **Caracterização morfoagronômica e divergência genética entre acessos africanos de feijão-caupi**. 2009. 132 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2009.

SOUZA, F. F. **Divergência genética em clones de café conilon (*Coffea canephora* Pierre.) coletados em Rondônia.** Porto Velho: EMBRAPA, 2006. 3 p. Comunicado técnico.

SOUZA, F. F. et al. Avaliação preliminar de genótipos de café arábica em Rondônia. In: SIMPÓSIO DOS CAFÉS DO BRASIL, 6., 2009, Caxambu. **Anais...** Caxambu: SBC, 2009. 1 CD-ROM.

SRINIVASAN, C. S.; VISHERSHWRA, S.; SUSVAMANYA, H. Genotype environmental interaction and heritability yield in *Coffea Arabica* L. **Journal of Coffe Research**, Ghaziabad, v. 9, p. 69-73, 1979.

SUDRÉ, C. P. et al. Variáveis multicatóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 1, p. 88-93, 2006.

TEIXEIRA, M. M. **Influência dos diferentes processos de pós colheita na agregação do café conilon.** 2011. 89 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, 2011.

VASCONCELOS, E. S. et al. Estratégias de amostragem e estabelecimento de coleções nucleares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 4, p. 507-514, abr. 2007.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento do milho.** Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

VIANA, A. P. et al. Genetic diversity in yellow passion fruit populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 6, n. 4, p. 87-94, Mar. 2006.

VICENTE, M. C. de et al. Genetic characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. In: THE ROLE OF BIOTECHNOLOGY, 1., 2005, Turin. **Proceedings...** Turin: RB, 2005. p. 121-128.

VIEIRA, E. A. et al. **Variabilidade genética do Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca do Cerrado acessada por meio de descritores morfológicos.** Planaltina: EMBRAPA Cerrados, 2007. 28 p. (Boletim Técnico, 179).

WALTER, B. M. T.; CAVALCANTI, T. B. C.; BIANCHETTI, L. B. Princípios sobre coleta de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais.** Brasília: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 193-229.

WANG, H. Y. et al. EST-SST DNA polymorphisms indurum wheat (*Triticum durum* L.) collections. **Journal of Applied Genetics**, Poznan, v. 4, n. 1, p. 35-42, 2007.

YAMADA, M. M. et al. Diversidade genética de acessos decacaueiro da série CEPEC por meio de marcadores RAPD. **Agrotropica**, Cruzeiro, v. 14, n. 3, p. 137-140, 2002.

ZUIN, G. C. et al. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, n. 1, p. 21-30, 2009.

ANEXOS

ANEXO A

Tabela 1A Médias relativas as onze características significativas dos 126 acessos de *Bourbon* avaliados do Banco Ativo de Germoplasma de Minas Gerais

Acesso	FOR	ALT	DIA	FOL	FOJ	FLO	PL09	PL10	VI09	PN09	EP10
4	2.88	1.96	1.60	3.00	1.00	6.08	23.00	16.00	3.70	4.99	1.50
5	2.55	2.04	1.61	3.10	1.65	4.60	21.50	24.00	4.65	5.35	1.50
6	1.95	1.62	1.54	3.10	1.05	6.30	49.50	36.00	6.15	6.80	1.00
7	2.40	2.02	1.65	3.20	1.05	4.90	37.00	41.50	4.40	6.70	1.50
8	2.30	1.79	1.33	3.40	1.00	5.90	18.50	31.50	4.20	4.10	1.40
9	2.18	2.08	1.82	3.11	2.13	4.41	36.00	42.50	5.80	6.00	1.85
10	2.90	1.99	1.65	3.00	1.00	6.05	28.00	27.50	4.35	5.95	1.10
11	2.02	2.11	1.74	3.10	1.95	4.29	37.50	53.00	5.53	6.26	1.82
12	2.50	1.93	1.64	3.00	1.00	6.00	44.00	33.00	3.55	6.15	1.75
13	2.73	2.17	1.76	3.00	1.00	4.17	36.50	39.00	4.87	6.33	1.95
14	2.68	2.14	1.89	3.00	1.00	4.94	55.50	50.00	5.87	7.89	1.30
15	2.17	2.10	1.81	3.00	1.00	4.89	32.50	50.00	5.22	7.17	1.65
16	2.20	2.15	1.85	3.00	2.55	5.00	56.50	48.00	5.65	7.65	1.30
17	2.35	2.07	1.83	3.10	1.00	4.80	39.50	48.50	4.55	6.80	1.25
18	1.50	2.15	1.81	3.60	1.10	5.84	34.00	47.00	4.64	6.94	1.30
19	2.05	1.99	1.51	3.00	1.11	4.72	26.50	28.50	4.04	5.85	1.67
20	1.40	2.03	1.73	3.10	2.15	5.80	39.50	33.00	5.25	6.60	1.22
21	2.50	2.17	1.69	3.11	2.15	4.96	32.00	45.50	4.86	6.90	1.45
22	2.50	2.19	1.75	3.00	1.95	6.20	45.00	45.00	5.50	7.35	1.26
23	2.20	2.11	1.70	3.40	2.10	4.95	33.50	41.50	4.90	6.65	2.00
24	1.75	2.16	1.59	3.00	1.45	4.80	34.50	43.00	4.90	6.30	1.50
25	1.10	2.31	1.72	3.00	1.95	4.30	41.50	50.50	5.95	6.65	1.84
26	1.50	2.30	1.78	3.10	2.20	3.70	39.50	82.00	6.85	7.65	1.50
27	2.05	2.02	1.71	3.00	1.45	5.50	49.00	50.50	5.75	6.80	1.84
28	1.84	2.13	1.68	3.00	1.00	5.81	42.00	28.50	5.81	6.51	1.85
29	1.25	2.17	1.66	3.00	1.00	6.00	52.50	20.50	4.45	6.60	1.69
30	1.65	2.16	1.79	3.20	1.10	4.65	55.00	40.00	3.95	6.76	1.15
31	2.05	2.21	1.79	3.00	1.00	4.50	44.50	43.00	4.40	6.30	1.40
32	2.57	2.08	1.74	3.00	1.00	4.71	40.50	51.50	4.35	5.95	1.17
33	1.89	2.22	1.86	3.00	1.00	4.20	37.00	42.00	5.02	6.12	1.18

Tabela 1A, continua

Acesso	FOR	ALT	DIA	FOL	FOJ	FLO	PL09	PL10	VI09	PN09	EP10
34	1.84	2.04	1.61	3.00	1.00	5.90	25.00	25.00	3.35	5.95	1.11
35	2.05	2.11	1.85	3.10	1.00	4.20	36.50	55.00	5.70	6.40	1.33
36	2.53	2.07	1.75	3.00	2.45	3.75	22.50	33.50	4.98	6.43	1.20
37	2.28	2.14	1.66	3.00	2.33	5.23	21.00	35.00	4.45	6.06	1.44
38	1.70	2.11	1.69	3.00	2.29	5.18	42.50	35.50	4.36	6.70	1.00
39	1.60	2.22	1.74	3.72	1.11	5.72	17.50	40.50	4.97	5.66	1.50
40	1.60	2.14	1.75	3.00	2.65	5.00	41.00	34.50	3.90	6.55	1.10
41	1.96	2.12	1.77	3.10	1.11	4.04	46.00	32.00	4.86	6.77	1.55
42	1.95	2.26	1.60	3.00	1.13	3.22	23.00	43.00	5.66	6.30	1.30
43	2.62	2.06	1.54	3.00	2.27	5.26	32.50	29.00	4.47	6.35	1.22
44	1.00	2.02	1.54	3.00	3.00	3.00	24.00	21.50	3.45	5.97	1.72
45	2.00	2.15	3.04	3.00	1.50	6.00	43.50	20.50	3.90	6.60	1.70
46	1.40	2.15	1.69	3.00	2.50	4.80	43.00	45.50	4.30	6.35	1.45
47	2.00	2.05	1.57	3.00	1.50	5.25	31.50	22.50	3.83	6.52	2.00
48	1.40	2.10	1.56	3.00	1.50	4.40	40.00	32.50	3.80	6.45	1.50
49	1.00	2.11	1.72	3.00	1.00	6.00	35.00	53.00	4.35	6.90	1.55
50	2.50	1.94	1.56	4.20	2.70	6.50	45.00	30.00	3.69	6.84	1.45
51	2.00	2.07	1.68	3.00	2.84	3.56	50.50	35.00	3.89	6.80	1.84
52	2.00	2.08	1.73	3.00	2.00	4.40	43.00	46.50	4.95	6.65	1.19
53	2.45	1.88	1.58	3.00	2.00	4.70	27.00	45.00	5.47	6.26	1.65
54	2.28	1.92	1.47	3.00	1.50	4.31	29.50	31.00	3.75	6.35	1.00
55	2.88	2.04	1.45	3.50	1.88	3.25	62.50	33.00	4.64	6.47	1.90
56	1.95	2.01	1.59	3.00	2.14	4.78	39.00	36.50	4.95	5.95	1.34
57	2.00	2.02	1.73	3.00	1.50	4.89	40.50	44.00	4.79	6.46	1.96
58	1.45	2.06	1.62	3.20	2.60	5.30	32.50	45.00	4.85	6.35	1.46
59	2.50	2.03	1.63	3.00	3.00	7.00	34.00	28.50	3.55	7.10	1.55
60	3.00	2.05	1.47	3.00	1.50	6.00	33.00	20.00	3.30	6.70	1.17
61	3.00	2.02	1.52	3.13	1.00	4.25	49.00	7.00	2.84	7.15	1.55
62	2.50	2.05	1.65	3.22	2.56	4.11	63.00	39.50	4.22	6.66	1.45
63	2.80	2.08	1.42	3.00	2.10	4.60	33.50	18.50	3.05	6.85	1.77
64	2.70	2.15	1.64	3.00	2.80	5.40	53.00	39.50	6.40	7.40	1.34
65	2.12	2.21	1.68	3.13	2.03	4.90	44.00	52.50	4.85	7.11	1.55
66	2.70	2.13	1.75	3.11	2.05	3.76	61.50	49.00	5.75	7.35	1.40
67	3.00	2.09	1.40	3.13	1.80	3.95	54.00	14.00	3.20	7.25	2.05

Tabela 1A, continua

Acesso	FOR	ALT	DIA	FOL	FOJ	FLO	PL09	PL10	VI09	PN09	EP10
68	2.80	2.11	1.48	3.13	1.50	3.75	34.00	31.50	3.65	7.00	1.19
69	1.75	2.15	1.61	4.00	1.50	4.03	33.00	18.00	3.73	6.93	1.45
70	3.00	2.12	1.54	3.00	2.50	5.30	46.50	8.00	3.31	6.82	1.11
71	1.30	2.16	1.54	3.00	1.50	3.40	31.50	33.00	4.27	6.53	1.78
72	2.90	2.17	1.50	3.00	1.50	5.40	43.50	35.00	4.23	6.41	1.22
73	2.50	2.13	1.57	3.00	1.00	4.50	38.00	33.50	4.15	6.45	1.44
74	2.80	2.22	1.71	3.00	1.50	5.00	55.50	23.00	3.71	7.84	1.32
75	2.45	1.97	1.55	3.00	2.00	3.11	37.00	10.50	4.17	6.95	1.75
76	2.11	2.01	1.54	3.00	2.00	3.78	35.50	14.00	3.56	6.17	1.00
77	2.40	2.05	1.57	3.13	1.50	3.75	49.50	20.00	3.15	7.80	1.45
78	2.46	2.11	1.62	3.00	2.20	3.60	48.50	25.50	4.10	6.75	1.28
79	2.63	2.09	1.73	3.00	2.00	4.54	52.00	34.50	4.70	6.65	1.60
80	2.70	2.18	1.65	3.10	2.15	3.80	33.00	33.50	4.05	6.30	1.22
81	2.38	2.13	1.67	3.00	1.50	5.00	82.00	16.50	4.74	7.52	1.88
82	2.28	1.99	1.51	3.00	2.50	5.78	34.50	18.00	3.22	6.80	1.50
83	2.78	2.20	1.59	3.00	3.00	4.00	47.00	44.50	5.47	6.36	1.50
84	2.50	2.07	1.50	3.13	2.00	4.25	46.00	29.00	3.74	7.50	1.55
85	2.13	2.16	1.66	3.00	2.44	4.50	38.50	31.00	4.07	6.75	1.90
86	1.50	1.98	1.44	3.00	3.00	6.00	36.50	27.00	3.20	5.90	1.45
87	2.56	2.06	1.48	3.00	2.00	3.78	34.00	21.50	3.50	6.89	2.20
88	3.00	2.09	1.49	3.80	1.50	4.10	50.50	9.50	3.05	6.80	1.05
89	1.70	2.07	1.47	4.00	2.50	5.00	42.00	14.00	2.55	6.90	2.05
90	2.60	2.11	1.42	3.13	1.50	4.25	41.00	25.00	3.75	6.55	1.65
91	2.90	2.18	1.75	3.70	1.50	4.00	49.50	30.00	3.85	7.20	2.11
92	2.70	2.29	1.50	3.33	1.55	3.65	40.00	26.00	3.16	7.23	1.10
93	2.78	2.12	1.65	3.00	2.56	3.67	41.50	24.50	3.48	6.84	2.00
94	2.70	1.99	1.33	3.33	1.15	3.65	20.50	28.50	4.04	5.67	1.00
95	3.05	2.30	1.48	3.13	1.05	3.55	48.50	34.00	3.80	7.00	1.44
96	2.85	1.99	1.54	3.15	1.00	4.77	28.50	30.50	3.35	5.85	1.00
97	2.75	2.11	1.48	3.55	1.20	4.43	32.50	32.00	4.03	7.22	1.50
98	2.50	2.15	1.69	3.00	1.00	4.60	55.50	22.50	2.75	7.45	1.05
99	2.80	2.11	1.61	3.70	2.40	3.30	49.00	45.50	4.55	7.15	1.95
100	1.30	2.18	1.55	3.30	1.90	5.20	31.50	30.00	3.30	6.95	1.15
101	3.11	1.54	1.33	3.50	3.00	4.84	31.50	36.00	4.97	5.95	1.70
102	2.50	1.61	1.29	3.46	2.08	5.20	26.50	25.50	4.14	6.46	1.55

Tabela 1A, conclusão

Acesso	FOR	ALT	DIA	FOL	FOJ	FLO	PL09	PL10	VI09	PN09	EP10
103	2.72	1.60	1.27	3.89	2.33	5.00	41.50	39.00	4.85	6.80	1.61
104	2.80	2.13	1.55	3.40	2.50	3.80	32.00	28.00	3.90	6.00	1.40
105	2.29	1.96	1.47	3.22	1.45	5.18	29.00	26.00	3.50	5.95	2.00
106	2.82	2.06	1.53	3.24	1.13	4.06	28.50	57.50	5.20	6.70	1.36
107	2.34	2.00	1.63	3.67	1.67	3.78	29.00	41.00	4.80	6.68	2.05
108	2.70	1.93	1.39	3.60	2.00	4.03	29.00	40.00	4.35	6.00	1.46
109	3.11	2.20	1.67	3.67	1.67	3.22	43.00	39.00	4.52	7.07	2.15
110	1.80	1.66	1.57	4.20	1.00	4.00	62.50	35.00	5.30	7.30	1.00
111	3.00	2.21	1.49	3.00	1.00	4.00	43.50	18.50	3.39	6.11	2.00
112	2.78	2.13	1.41	3.22	1.00	3.67	29.00	30.00	3.47	6.20	1.30
113	3.00	2.08	1.65	3.67	1.11	4.11	39.00	23.00	3.79	6.85	2.00
114	3.00	2.13	1.56	3.67	1.00	3.44	41.50	22.50	3.83	6.89	1.50
115	2.78	1.92	1.68	3.74	1.00	3.11	28.50	24.00	3.35	6.37	1.55
116	3.05	2.04	1.55	3.85	1.00	3.51	46.50	11.00	3.05	7.19	1.00
117	2.30	1.81	1.59	4.00	1.00	4.40	57.50	28.00	4.75	6.80	1.70
118	2.80	1.54	1.43	4.70	1.00	5.40	43.50	33.50	5.30	6.30	1.50
119	2.50	1.75	1.45	3.38	1.00	5.18	49.00	34.50	4.99	7.32	1.95
120	1.89	2.17	1.54	3.45	2.38	5.04	36.50	25.00	3.36	6.26	1.50
121	2.78	2.32	1.55	3.75	1.20	3.98	48.50	22.00	4.40	7.17	1.70
122	2.85	2.04	1.55	3.80	1.30	4.50	39.00	21.00	3.55	6.50	1.39
123	2.80	2.07	1.51	3.40	1.00	4.40	30.00	17.00	2.65	6.35	2.00
124	2.12	2.04	1.58	3.31	1.00	5.02	37.00	19.00	3.99	6.07	2.00
125	2.38	2.06	1.53	3.63	1.00	4.38	24.00	16.50	3.38	6.63	1.95
126	1.00	1.59	1.20	3.00	2.90	6.20	31.50	21.50	4.70	5.45	1.95
127	2.30	2.11	1.59	4.10	1.00	5.20	48.00	45.00	5.00	6.45	2.00
128	3.00	2.00	1.42	3.40	1.00	4.70	41.00	29.50	3.60	6.65	1.85
129	3.00	2.12	1.45	4.00	3.00	3.75	33.50	18.50	3.45	6.91	2.22

ANEXO B

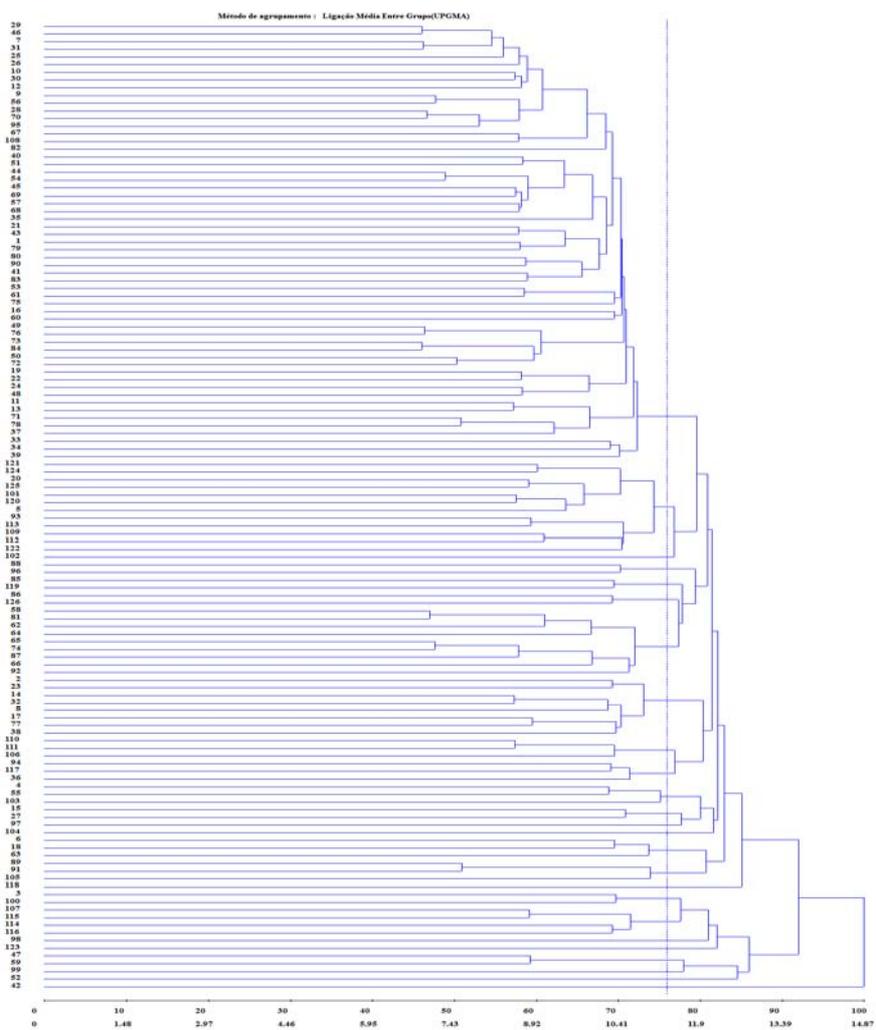


Figura 1 Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 126 acessos obtidos pela técnica *UPGMA* utilizando a distância generalizada de *Mahalanobis* como medida de dissimilaridade