

Divergência genética em café conilon

Aymbiré Francisco Almeida da Fonseca⁽¹⁾, Tocio Sedyama⁽²⁾, Cosme Damião Cruz⁽²⁾,
Ney Sussumu Sakaiyama⁽²⁾, Maria Amélia Gava Ferrão⁽³⁾, Romário Gava Ferrão⁽³⁾ e Scheilla Marina Bragança⁽³⁾

⁽¹⁾Embrapa/Instituto Capixaba de Pesquisa Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), Regional Centro Serrano, BR 262, Km 94, CEP 29375-000 Venda Nova do Imigrante, ES. E-mail: aymbire@incaper.es.gov.br ⁽²⁾Universidade Federal de Viçosa, CEP 36571-000 Viçosa, MG. E-mail: t.sedyama@ufv.br, cdcruz@ufv.br, sakiyama@ufv.br ⁽³⁾Incaper, Rua Afonso Sarlo, nº 160, Bento Ferreira, CEP 29052-010 Vitória, ES. E-mail: mferrao@incaper.es.gov.br, romario@incaper.es.gov.br, bragancasm@uol.com.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre 32 clones de café conilon (*Coffea canephora* Pierre ex Frohener) componentes de três variedades clonais melhoradas, com vistas à identificação dos mais dissimilares, para o estabelecimento de programas de cruzamentos dirigidos. A divergência genética foi avaliada por procedimentos multivariados: distância generalizada de Mahalanobis, método de agrupamento de otimização de Tocher e técnica de variáveis canônicas. Sete caracteres foram avaliados em experimento conduzido em Marilândia, ES. Os genótipos ES 92, ES 25 e ES 22 são os mais divergentes, sendo os dois últimos os mais indicados para cruzamento com os demais, tendo em vista aliarem divergência genética a um bom desempenho produtivo.

Termos para indexação: *Coffea canephora*, genitores, hibridação, variação genética, análises multivariadas.

Genetic divergence in conilon coffee

Abstract – The objective of this work was to evaluate the genetic divergence between 32 clones of three clonal varieties of conilon coffee, to identify the most dissimilar for the establishment of programs of directed crosses. Genetic divergence was evaluated by multivariate procedures: generalized Mahalanobis distance, the grouping optimization method of Tocher and the technique of canonical variables. Seven characteristics were evaluated in one trial conducted in Marilândia, ES, Brazil. Genotypes ES 92, ES 25 and ES 22 are the most divergent; the last two are the most appropriate for crossing and to obtain hybrids of improved performance by using genetic divergence for good productive performance.

Index terms: *Coffea canephora*, parents, hybridization, genetic variation, multivariate analysis.

Introdução

A divergência genética, quantificada pela diferença nas frequências alélicas entre um grupo de genitores, tem sido avaliada objetivando a identificação das combinações híbridas de maior efeito heterótico, de tal forma que, em suas gerações segregantes, se tenha maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores, devendo-se, na seleção de genitores para cruzamentos, aliar o bom desempenho com a divergência genética (Falconer, 1981; Cruz et al., 1994a, 1994b; Cruz & Regazzi, 1994; Dias & Kageyama, 1997).

Essas avaliações têm sido realizadas por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose, como nas análises dialélicas, e por meio de processos preditivos (Cruz & Regazzi, 1994); por análises isoenzimáticas (Montagnon et al., 1992); e, ainda, pelo

emprego de marcadores moleculares baseados no DNA (Orozco-Castillo et al., 1994; Lashermes et al., 1996b).

Na utilização das análises dialélicas, é necessária a avaliação de cada genitor em todas as combinações possíveis, o que pode inviabilizar o estudo no caso de muitos genitores. Os métodos preditivos, por dispensarem a obtenção prévia das combinações híbridas, têm merecido considerável ênfase. Esses métodos tomam por base diferenças morfológicas e fisiológicas apresentadas pelos genitores na avaliação da divergência, que é geralmente quantificada por uma medida de dissimilaridade (Cruz & Regazzi, 1994). Por se tratar de uma análise que permite integrar as múltiplas informações, de um conjunto de caracteres, extraídas das unidades experimentais, a estatística multivariada tem sido amplamente utilizada para quantificar a divergência

genética, oferecendo maior oportunidade de escolha de genitores divergentes em programas de melhoramento.

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

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

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

A utilização da distância euclidiana, quando estimada a partir de variáveis originais, apresenta o inconveniente de ser influenciada pela escala, pelo número de variáveis e pela correlação entre elas (Manly, 1986). A utilização da distância euclidiana média e padronização dos dados originais para a eliminação desses dois primeiros inconvenientes foi indicada por Cruz et al. (1994c), persistindo a pressuposição de independência entre as variáveis.

Por considerar a correlação entre as variáveis estudadas, por meio da matriz de dispersão, a distância generalizada de Mahalanobis é recomendada para dados provenientes de delineamentos experimentais, especialmente quando existe correlação entre os caracteres, possibilitando decisões mais consistentes (Cruz & Regazzi, 1994).

O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética, por meio de procedimentos multivariados, entre 32 clones de café conilon componentes de três variedades clonais melhoradas, com vistas à identificação dos mais dissimilares, para o estabelecimento de programas de cruzamentos dirigidos.

Material e Métodos

Foi avaliada a divergência genética entre os 32 clones componentes das primeiras variedades de café conilon

(*Coffea canephora* Pierre ex Frohener) melhoradas do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper): EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131 (Bragança et al., 1993), formadas de 9, 14 e 9 clones, respectivamente. A divergência genética foi avaliada pelas técnicas multivariadas: análise de agrupamento e variáveis canônicas, apresentadas por Cruz & Regazzi (1994).

Para realização destas análises, utilizou-se dados referentes a sete variáveis – número médio de hastes ortotrópicas por planta, diâmetro médio das copas, altura média das plantas e produção de grãos por planta nas quatro primeiras colheitas realizadas entre os anos de 1989 e 1992 – de um experimento de café implantado em março de 1987 na Fazenda Experimental localizada no Município de Marilândia, ES. O delineamento foi em blocos ao acaso, com quatro repetições, e cada parcela constituída de seis plantas, no espaçamento de 3x1 m.

Na análise de agrupamento, os clones foram reunidos em vários grupos, com base nas medidas das características mensuradas, de tal forma que houvesse homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Inicialmente estimou-se uma medida de dissimilaridade entre os materiais a serem agrupados. Em seguida, adotou-se uma técnica de agrupamento na formação dos grupos. Como medida de dissimilaridade, utilizou-se a distância generalizada de Mahalanobis e, para delimitação dos grupos, utilizou-se a técnica de otimização proposta por Tocher, citado por Rao (1952).

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

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES, desenvolvido por Cruz (1997).

Resultados e Discussão

As medidas de dissimilaridade genética, estimadas pela distância generalizada de Mahalanobis (D_{ii}^2), entre os pares de genótipos componentes das três variedades estudadas (Tabela 1), mostram os genótipos ES 02 e ES 25 como os mais dissimilares, e os genótipos ES 07 e ES 08 como os mais similares. O genótipo ES 25 destacou-se como um dos mais dissimilares do

Tabela 1. Medidas de dissimilaridade entre pares de genótipos de *Coffea canephora*, das variedades EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131, em relação a sete características (número médio de hastes ortotrópicas por planta, diâmetro médio das copas, altura média das plantas, produção de grãos na primeira, segunda, terceira e quarta colheitas), com base na distância generalizada de Mahalanobis⁽¹⁾.

Traç ⁽²⁾	Clone	Distância																															
		2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	
1	ES 01	10,593	11,200	34,402	8,045	10,170	22,684	29,427	40,972	10,825	27,984	16,840	6,921	10,439	9,966	27,535	16,143	43,561	13,570	41,287	87,041	23,922	4,233	17,617	17,129	19,692	34,566	32,658	55,552	23,941	15,921	20,810	
2	ES 02	9,906	38,619	12,240	14,082	32,278	32,419	49,664	10,587	28,669	25,504	10,515	16,008	12,640	25,705	14,086	42,825	12,113	49,305	87,742	20,207	4,808	15,536	22,824	17,675	34,469	47,034	61,310	22,411	17,253	17,656		
3	ES 05	12,259	5,856	8,029	22,101	16,868	29,595	9,584	20,365	26,316	7,365	6,305	17,878	11,933	17,124	30,982	5,501	28,548	70,652	19,544	7,966	10,546	10,799	12,801	23,762	26,539	42,222	20,592	21,375	22,812			
4	ES 37	17,980	18,799	17,694	14,481	15,218	26,277	16,744	37,651	20,946	10,552	31,996	12,391	32,098	17,021	21,879	11,175	45,523	24,964	28,019	20,156	17,804	16,678	16,683	12,725	39,265	26,478	39,789	36,604				
5	ES 07	0,674	11,908	11,509	31,020	8,247	22,881	14,228	8,167	6,844	7,923	22,061	6,742	26,281	8,909	26,835	69,566	23,307	6,170	13,397	11,806	13,347	25,832	23,297	35,412	19,746	6,309	10,370					
6	ES 08	11,704	12,665	31,589	8,583	22,519	17,330	7,706	8,599	7,499	25,760	5,371	25,637	12,438	26,218	70,268	23,004	7,194	12,638	10,769	14,582	23,738	25,057	38,129	17,568	6,167	9,903						
7	ES 09	10,878	11,351	26,317	13,550	14,432	20,172	9,118	10,402	22,557	18,512	6,936	25,542	7,625	31,076	16,522	19,413	28,045	26,633	14,477	13,690	7,398	28,402	18,670	17,506	16,466							
8	ES 10	17,921	23,705	18,226	21,106	28,454	11,550	24,605	29,840	27,891	19,776	27,218	19,346	38,443	25,451	23,079	34,352	20,640	28,380	20,853	22,289	30,567	39,302	24,298	29,485								
9	ES 22	46,275	10,608	40,307	33,728	16,522	34,061	21,116	48,479	10,831	39,677	3,502	13,413	13,481	37,207	44,139	36,958	27,369	7,231	11,132	33,538	28,467	50,760	47,648									
10	ES 11	21,125	17,760	6,175	9,020	12,061	31,411	11,738	39,125	20,303	43,361	87,458	25,197	3,429	6,319	5,188	19,119	30,683	38,002	74,916	28,705	17,490	19,697										
11	ES 12	27,376	17,092	7,595	19,840	22,034	32,429	13,355	36,003	13,512	27,978	4,419	17,569	21,923	17,608	19,502	3,449	18,979	61,371	22,795	39,902	35,610											
12	ES 13	24,338	12,652	10,075	35,007	18,501	28,915	27,499	37,716	64,564	32,790	13,751	29,496	30,074	21,437	40,263	24,184	56,545	39,939	13,968	15,906												
13	ES 14	7,212	8,655	19,589	10,754	30,649	14,017	29,608	77,512	15,444	3,799	3,814	8,342	10,399	20,277	26,943	60,878	11,021	18,721	17,699													
14	ES 15	10,289	12,423	17,106	16,905	14,257	16,264	46,875	11,398	6,403	9,887	9,434	13,627	12,469	44,901	19,159	20,935	20,140															
15	ES 16	26,631	4,830	21,269	18,599	28,124	64,626	17,224	5,526	14,434	21,850	10,067	23,960	23,545	50,392	12,959	6,552	4,994															
16	ES 18	31,242	19,249	10,426	17,677	50,575	19,656	23,754	21,266	34,162	6,615	23,544	13,825	36,405	17,529	38,482	30,205																
17	ES 19	28,828	15,968	37,127	86,270	30,453	9,706	11,485	21,895	11,942	34,740	32,815	51,540																				
18	ES 20	34,705	4,631	19,639	16,955	32,521	32,542	39,424	13,849	11,604	8,661	35,878																					
19	ES 23	34,582	82,421	30,131	13,922	17,877	28,096	10,101	38,236	27,511	31,778	19,891	17,499	17,044																			
20	ES 24	19,653	17,208	36,171	35,596	35,891	18,571	8,691	5,612	30,036	19,807	41,881	35,638																				
21	ES 25	32,960	75,080	87,616	80,255	57,692	24,827	32,775	56,006	62,163	86,656	78,510																					
22	ES 30	15,623	24,223	25,206	17,759	4,360	25,058	54,507	14,448	37,062	32,221																						
23	ES 28	9,039	11,048	13,373	24,841	31,497	60,198	19,120	12,873	14,325																							
24	ES 26	9,808	10,022	27,064	31,415	74,399	15,888	24,074	19,122																								
25	ES 27	26,572	23,350	35,875	74,498	31,456	29,337	33,511																									
26	ES 31	21,955	13,205	42,777	8,190	19,694	10,991																										
27	ES 34	20,380	51,471	16,944	42,943	37,982																											
28	ES 36	33,231	23,725	35,678	29,806																												
29	ES 92	46,015	41,751	44,365																													
30	ES 38	25,221	16,917																														
31	ES 39	3,331																															

⁽¹⁾Distância generalizada de Mahalanobis (D²); D² máximo: 87,742 (tratamentos 2 e 21); D² mínimo: 0,674 (tratamentos 5 e 6). ⁽²⁾Treatamentos 1 a 9: variedade EMCAPA 8111; tratamentos 10 a 23: variedade EMCAPA 8121; tratamentos 24 a 32: variedade EMCAPA 8131.

grupo, estando envolvido em 21 das 31 maiores distâncias registradas.

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

As maiores distâncias foram detectadas entre pares de genótipos componentes de diferentes variedades. Por sua vez, as menores distâncias entre genótipos não foram, necessariamente, observadas entre genótipos de uma mesma variedade, caracterizando, assim, que nem sempre os cruzamentos de maior interesse encontram-se entre germoplasmas de variedades distintas. Resultado similar foi encontrado por Dias et al. (1997), que constataram a existência de divergência entre clones de populações cacaueiras baianas, sugerindo a viabilidade de seleção e hibridação nestas populações, contrariando o paradigma de uniformidade. Infere-se portanto que cruzamentos entre clones de grupos distintos não oferecem garantia de obtenção de heterose, apesar de, na maioria dos casos, serem estes os cruzamentos de maior interesse (Cruz et al., 1994a, 1994b; Dias et al., 1997).

A hibridação entre genótipos bem adaptados às condições locais é de grande importância. Vello et al. (1972) verificaram maior produção em muitas combinações híbridas entre clones locais de cacaueiros baianos, com aparente menor diversidade genética, do que entre híbridos oriundos de cruzamentos entre estes e clones introduzidos de outros países.

O agrupamento pelo método de Tocher, utilizando-se como medida de dissimilaridade genética a distância generalizada de Mahalanobis (Tabela 2), caracteriza a formação de três grupos de genótipos, sendo o primeiro deles subdividido em 10 subgrupos, de forma a facilitar a interpretação dos resultados.

O genótipo ES 92 foi um dos mais divergentes, constituindo o grupo III, seguido pelos genótipos ES 22 e ES 25, ambos no grupo II. Os genótipos ES 37, ES 10, ES 38 e ES 13 mostraram-se os mais divergentes dentro do grupo I, formando, cada um deles, um subgrupo.

Em qualquer dos grupos ou subgrupos formados por mais de um genótipo, observa-se que dele participam materiais de pelo menos duas das três variedades. Este fato demonstra que, embora cada variedade seja composta de clones morfologicamente semelhantes, não são,

necessariamente, os mais próximos do ponto de vista genético.

Neste trabalho, à semelhança do verificado por Dias et al. (1997) em diferentes acessos de cacau, não foi possível o estabelecimento de uma relação entre as distâncias obtidas, bem como dos grupos estabelecidos, com o local de coleta dos materiais genéticos. Isto se deve, presumivelmente, ao expressivo intercâmbio de sementes, muito freqüente entre os produtores dos diferentes municípios da região.

No estudo da divergência genética por meio da dispersão gráfica dos escores, foram utilizadas as quatro primeiras variáveis canônicas.

Nas duas primeiras variáveis canônicas, distingue-se apenas o distanciamento dos genótipos ES 92 e ES 25, evidenciando a precisão do método na discriminação desses genótipos como os mais dissimilares do grupo, conforme caracterizado na análise de agrupamento de Tocher (Figura 1). Contudo, mesmo na análise complementar (Figura 2, primeira e terceira variáveis canônicas), não se obtém uma visualização perfeita do segundo grupo mais dissimilar, segundo o método de Tocher.

Somente depois da complementação com a quarta variável canônica (Figura 3), acumulando assim 83,89% da variação total, é que se pode distinguir com relativa facilidade o distanciamento dos genótipos ES 22 e ES 25. É também possível, neste caso, a distinção dos genótipos ES 37 (tratamento 4), ES 10 (tratamento 8) e ES 38 (tra-

Tabela 2. Agrupamento, pelo método de Tocher, de 32 genótipos de *Coffea canephora* componentes das variedades EMCAPA 8111, EMCAPA 8121 e EMCAPA 8131, com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis, estimada a partir de sete caracteres⁽¹⁾.

Grupo	Subgrupo	Tratamento/Genótipo
I	IA	5(ES 07), 6(ES 08), 17(ES 19), 31(ES 39), 32(ES 21), 15(ES 16), 23(ES 28), 13(ES 14)
	IB	11(ES 12), 27(ES 34), 22(ES 30), 14(ES 15)
	IC	18(ES 20), 20(ES 24), 28(ES 36), 07(ES 09)
	ID	10(ES 11), 25(ES 27), 24(ES 26), 03(ES 05)
	IE	16(ES 18), 26(ES 31), 19(ES 23)
	IF	1(ES 01), 02(ES 02)
	IG	12(ES 13)
	IH	30(ES 38)
	II	08(ES 10)
	IJ	04(ES 37)
II		9(ES 22), 21(ES 25)
III		29(ES 92)

⁽¹⁾Número médio de hastes ortotrópicas por planta, diâmetro médio das copas, altura média das plantas e produção de grãos na primeira, segunda, terceira e quarta safras.

tamento 30), apontados pelo método de Tocher como os mais divergentes dentro do grupo I, formando, cada um deles, diferentes subgrupos.

Estes resultados gráficos, associados aos de agrupamento, são de grande importância no planejamento de programas direcionados à obtenção de híbridos heteróticos, pois subsidiam a indicação de genitores de grupos ou de subgrupos distintos a serem incluídos nos cruzamentos.

Dias & Kageyama (1997) verificaram, em cacau, que a distância genética dos genitores, dada pela distância generalizada de Mahalanobis, mostrou-se linearmente associada à performance média dos híbridos, para certos caracteres. Resultados semelhantes foram encontrados por autores citados por Cruz et al. (1991). Outros, contudo, não verificaram existência de relações significativas entre divergência genética e heterose, para diferentes caracteres (Cruz et al., 1994a).

Quando o objetivo é explorar o máximo efeito heterótico em cruzamentos dirigidos apenas entre os

pares mais divergentes, o ES 25 destacou-se como aquele com o qual se registra a grande maioria entre as maiores distâncias, sendo, neste caso, o mais indicado para os cruzamentos correspondentes, podendo-se explorar ainda o potencial existente nos cruzamentos entre os demais pares mais dissimilares.

A utilização dos métodos empregados torna possível a discriminação dos genótipos ES 92, ES 25 e ES 22 como os mais divergentes do grupo em consideração. Entretanto, tendo em vista a menor produtividade do ES 92 em relação aos demais, e considerando ainda a pequena dissimilaridade genética observada entre o ES 25 e ES 22, pode-se indicar a realização de cruzamentos dos demais genótipos apenas com ES 25, uma vez que este apresenta as maiores distâncias em relação à maioria dos genótipos mais produtivos.

Na formação de híbridos na espécie *C. canephora*, deve-se estar atento para o fato de que o sistema

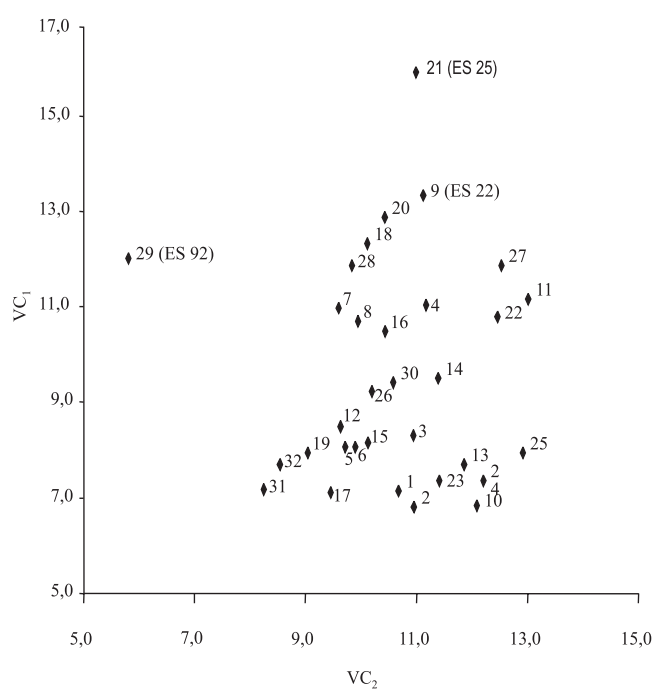


Figura 1. Dispersão gráfica de 32 genótipos de *Coffea canephora* provenientes das variedades EMCAPA 8111 (tratamentos 1 a 9), EMCAPA 8121 (tratamentos 10 a 23) e EMCAPA 8131 (tratamentos 24 a 32), em relação à primeira (VC_1) e à segunda (VC_2) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres (número médio de hastes ortotrópicas por planta, diâmetro médio das copas, altura média das plantas e produção de grãos na primeira, segunda, terceira e quarta safras).

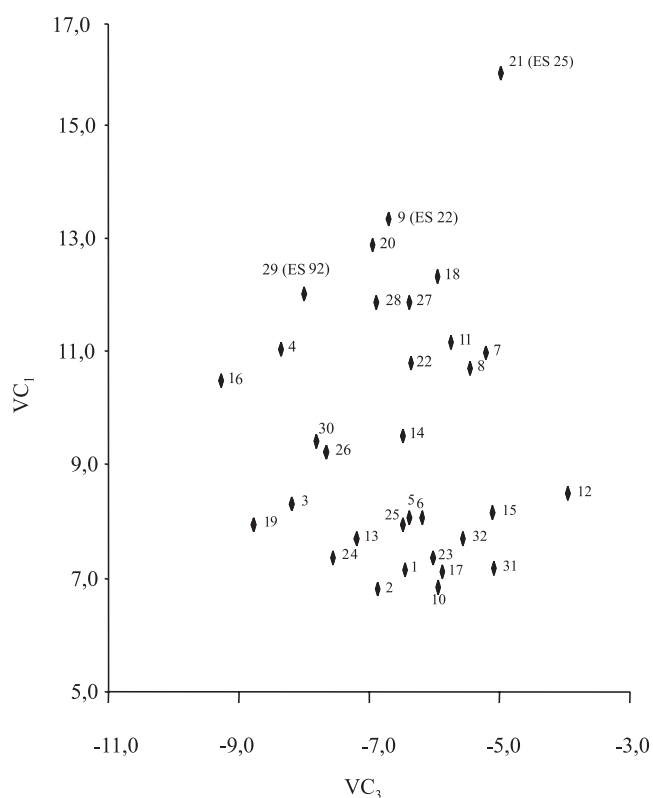


Figura 2. Dispersão gráfica de 32 genótipos de *Coffea canephora* provenientes das variedades EMCAPA 8111 (tratamentos 1 a 9), EMCAPA 8121 (tratamentos 10 a 23) e EMCAPA 8131 (tratamentos 24 a 32), em relação à primeira (VC_1) e à terceira (VC_3) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres (número médio de hastes ortotrópicas por planta, diâmetro médio das copas, altura média das plantas e produção de grãos na primeira, segunda, terceira e quarta safras).

gametofítico de auto-incompatibilidade (Lashermes et al., 1996a) requer certas particularidades. Nenhum genótipo, incluindo híbridos F_1 obtidos de cada par selecionado, poderá ser cultivado isoladamente. Assim, será necessária a utilização de um ou mais genótipos como polinizadores ou, por outro lado, poder-se-á utilizar a mistura dos F_1 obtidos nos vários cruzamentos, de tal forma que um seja o polinizador do outro, constituindo-se, dessa forma, numa variedade sintética.

Embora Charrier & Berthaud (1985) afirmem ser possível a obtenção de híbridos nesta espécie, com produtividade semelhante àquelas obtidas pelos melhores clones, Charmetant et al. (1990) alertam para a necessidade de cruzamentos controlados em campos biclonais, para obtenção de híbridos que promovam a manifestação de genótipos superiores nas gerações seguintes. Segundo estes autores, a produtividade na maioria da descendência de plantas oriundas de campos triclonais

não chegou a 50% da alcançada pelos clones comerciais utilizados como referência, o que os autores atribuem, em parte, a combinações híbridas de menor valor que podem ocorrer em função do sincronismo das floradas.

A relação entre o maior e o menor valor observado de distância generalizada de Mahalanobis foi da ordem de 130,18, caracterizando, assim, a existência de expressiva divergência entre certos materiais estudados, possibilitando boa oportunidade de ganho heterótico e manifestação de genótipos superiores nas gerações segregantes. Acredita-se, contudo, que novas introduções de germoplasma possam contribuir substancialmente em trabalhos de hibridação.

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

Conclusões

1. Os genótipos ES 92, ES 25 e ES 22 são os mais divergentes entre os 32 genótipos que compõem as três variedades estudadas.
2. Os genótipos ES 22 e, especialmente, ES 25 são os mais indicados para trabalhos de cruzamentos com os demais.
3. Cada um dos genótipos identificados como os mais divergentes do grupo faz parte de uma variedade diferente.
4. A dispersão gráfica obtida a partir das variáveis canônicas é eficaz na identificação dos genótipos, ou grupos de genótipos mais divergentes.

Referências

- BRAGANÇA, S.M.; CARVALHO, C.H.S. de; FONSECA, A.F.A. da; FERRÃO, R.C.; SILVEIRA, J.S.M. **EMCAPA 8111, EMCAPA 8121, EMCAPA 8131**: primeiras variedades de café Conilon lançadas para o Espírito Santo. Vitória: EMCAPA, 1993. 2p. (Comunicado técnico, 68).
- CHARMETANT, P.; LEROY, T.; BONTEMS, S.; DELSOL, E. Évaluation d'hybrides de *Coffea canephora* produits en champs semenciers en Côte D'Ivoire. **Café, Cacao, Thé**, v.34, p.257-264, 1990.

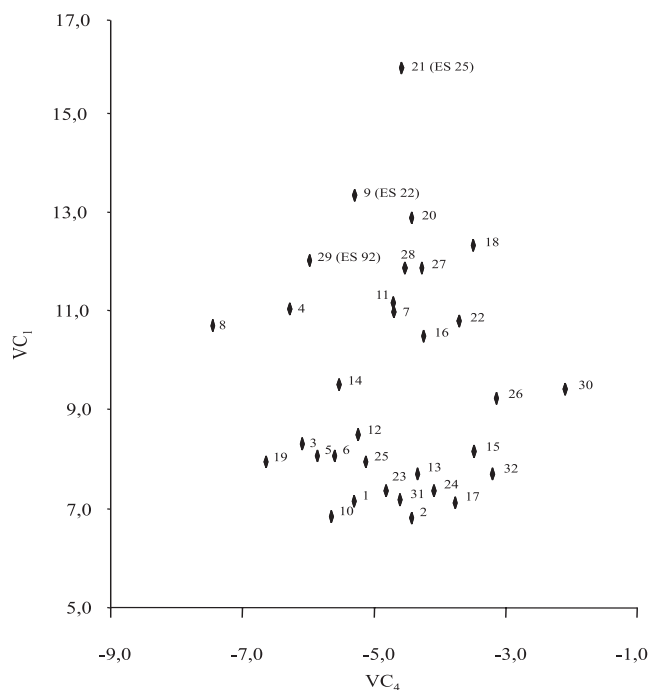


Figura 3. Dispersão gráfica de 32 genótipos de *Coffea canephora* provenientes das variedades EMCAPA 8111 (tratamentos 1 a 9), EMCAPA 8121 (tratamentos 10 a 23) e EMCAPA 8131 (tratamentos 24 a 32), em relação à primeira (VC_1) e à quarta (VC_4) variáveis canônicas obtidas com base em sete caracteres (número médio de hastes ortotrópicas por planta, diâmetro médio das copas, altura média das plantas e produção de grãos na primeira, segunda, terceira e quarta colheitas).

- CHARRIER, A.; BERTHAUD, J. Botanical classification of coffee. In: CLIFFORD, M.N.; WILLSON, K.C. (Ed.). **Coffee: botany, biochemistry and production of beans and beverage**. London: Croom Helms, 1985. p.167-195.
- CRUZ, C.D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 1997. 442p.
- CRUZ, C.D.; CARVALHO, S.P.; VENCOVSKY, R. Estudo sobre divergência genética. I. Fatores que afetam a predição do comportamento de híbridos. **Revista Ceres**, v.41, p.178-182, 1994a.
- CRUZ, C.D.; CARVALHO, S.P.; VENCOVSKY, R. Estudo sobre divergência genética. II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência dos progenitores. **Revista Ceres**, v.41, p.183-190, 1994b.
- CRUZ, C.D.; PEREIRA, A.V.; VENCOVSKY, R. A proposal for analysis of genetic divergence among germplasm bank accessions. **Revista Brasileira de Genética**, v.14, p.991-999, 1991.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390p.
- CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R.; CARVALHO, S.P. Estudo sobre divergência genética. III. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, v.41, p.191-201, 1994c.
- DIAS, L.A. dos S.; KAGEYAMA, P.Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacao (*Theobroma cacao* L.). **Brazilian Journal of Genetics**, v.20, p.63-70, 1997.
- DIAS, L.A. dos S.; KAGEYAMA, P.Y.; CASTRO, G.C.T. Divergência fenética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). **Agrotropica**, v.9, p.29-40, 1997.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1981. 279p.
- LASHERMES, P.; COUTURON, E.; MOREAU, N.; PAILLARD, M.; LOUARN, J. Inheritance and genetic mapping of self-incompatibility in *Coffea canephora* Pierre. **Theoretical and Applied Genetics**, v.93, p.458-462, 1996a.
- LASHERMES, P.; TROUSLOT, P.; ANTHONY, F.; COMBES, M.C.; CHARRIER, A. Genetic diversity for RAPD markers between cultivated and wild accessions of *Coffea arabica*. **Euphytica**, v.87, p.59-64, 1996b.
- LEROY, T.; CHARMETANT, P.; YAPO, A. Application de la sélection récurrente réciproque au caféier *Coffea canephora* Pierre: premiers résultats du programme réalisé en Côte d'Ivoire. **Café, Cacao, Thé**, v.35, p.95-103, 1991.
- LEROY, T.; MONTAGNON, C.; CILAS, C.; YAPO, A.; CHARMETANT, P.; ESKES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. III. Genetic gains and results of first cycle intergroup crosses. **Euphytica**, v.95, p.347-354, 1997.
- MANLY, B.F.J. **Multivariate statistical methods: a primer**. London: Chapman & Hall, 1986. 159p.
- MARDIA, K.V.; KENT, J.T.; BIBBY, J.M. **Multivariate analysis**. London: Academic Press, 1979. 518p.
- MONTAGNON, C.; LEROY, T.; YAPO, A. Diversité génotypique et phénotypique de quelques groupes de caféiers (*Coffea canephora* Pierre) en collection. **Café, Cacao, Thé**, v.36, p.187-197, 1992.
- OROZCO-CASTILLO, C.; CHALMERS, K.J.; WAUGH, R.; POWELL, W. Detection of genetic diversity and selective gene introgression in coffee using RAPD markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.87, p.934-940, 1994.
- RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: Wiley, 1952. 390p.
- VELLO, F.; GARCIA, J.R.; MAGALHÃES, W.S. Produção e seleção de cacauzeiros híbridos na Bahia. **Revista Theobroma**, v.2, p.15-35, 1972.

Recebido em 16 de junho de 2005 e aprovado em 14 de setembro de 2005