

## ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DO CAFEIRO BIG COFFEE VL BASEADA EM CARACTERES DE CRESCIMENTO

Josimar Aleixo da Silva<sup>1</sup>; Tiago Teruel Rezende<sup>2</sup>; Samuel Pereira de Carvalho<sup>3</sup>; Leonardo Luiz Oliveira<sup>4</sup>; Danyanne Mariano Dias<sup>4</sup>; Matheus Afonso Sakai Vidal<sup>4</sup>; Indiara Carol Lopes Pinheiro<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Doutorando em Agronomia/Fitotecnia – UFLA/ Lavras-MG/Brasil. Bolsista CAPES – email: [josimaraleixo@hotmail.com](mailto:josimaraleixo@hotmail.com); <sup>2</sup>Doutorando em Agronomia/Fitotecnia – UFLA/ Lavras-MG/Brasil; <sup>3</sup>Professor Titular- Departamento de Agricultura-UFLA/Lavras-MG/Brasil; <sup>4</sup>Graduandos em Agronomia – UFLA/ Lavras-MG/Brasil.

O melhoramento genético do cafeeiro permite a seleção de progênies com caracteres agronômicos de interesse. As avaliações de características de crescimento podem servir de base para auxiliar na seleção direta e indireta de progênies promissoras, uma vez que a cultura do cafeeiro é perene e por isso um programa de melhoramento é demorado. Em uma lavoura de Acaia (*Coffea arabica*), no Centro-Oeste de Minas Gerais, em Capitólio, foi encontrado um cafeeiro que se destacou dos demais, possivelmente por ter sofrido uma mutação, apresentando folhas e grãos grandes em relação aos cafeeiros convencionais, e foi nomeado de “Big Coffee VL”. Progênies desse cafeeiro foram cultivadas em Piumhi, MG. Sementes coletadas nessas progênies foram usadas no presente experimento, instalado no Departamento de Agricultura da Universidade Federal de Lavras (UFLA). O presente trabalho teve por objetivo avaliar a diversidade genética de progênies do Big Coffee VL, a partir de caracteres de crescimento. O experimento foi instalado em 2012, com 100 progênies, sendo 32 progênies “Grande” (G1, G2,..., G32), 36 progênies “Médio” (M1, M2,..., M36) e 32 progênies “Pequeno” (P1, P2,..., P32), classificação estabelecida de acordo com o tamanho dos grãos e o porte dessas plantas. O delineamento utilizado foi o látice 10x10, com 23 repetições e uma planta por parcela. Foram avaliados os caracteres vigor, diâmetro do caule, altura, comprimento do primeiro ramo plagiotrópico, número de nós do primeiro ramo plagiotrópico. Estas variáveis foram utilizadas para análise de diversidade genética entre as progênies, utilizando-se da distância de Mahalanobis e o agrupamento pelo método hierárquico Unweighted Par-Group Method Using Arithmetic Averages (UPGMA). As análises estatísticas foram feitas por meio do Software R. Por meio do método UPGMA foi formado cinco grupos, considerando uma distância 1,2. Observou-se que as progênies P6, G30, P14 e P35 foram distribuídas em grupos isolados, e as demais formaram um único grupo. Progênies mais distantes geneticamente, com maiores dissimilaridade entre si, podem ser consideradas promissoras em futuros cruzamentos artificiais. Avaliações preliminares como as realizadas até o momento são importantes para auxiliar na identificação dessas progênies promissoras.

Palavras-chave: Agrupamento; seleção; melhoramento de plantas.

Apoio financeiro: FAPEMIG, UFLA.