O USO DE RAPD ASSOCIADO A ENZIMAS DE RESTRIÇÃO PARA DETECTAR VARIABILIDADE GENÉTICA NO BANCO DE GERMOPLASMA DE *COFFEA ARABICA* L. DO IAPAR[1]

Leandro E.C. DINIZ (UEL, leandrodiniz@yahoo.com.br), Paulo M. RUAS (UEL), Claudete F. RUAS (UEL), Tumoru SERA (IAPAR)

RESUMO: A variabilidade genética existente entre 40 acessos de *Coffea arabica* foi avaliada utilizando RAPD associado a uma pré-digestão do DNA genômico com endonucleases de restrição. Os acessos analisados fazem parte da coleção de *Coffea* mantida no Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR). A variabilidade genética e a relação entre os acessos foram analisadas utilizando 184 primers. Entretanto, nenhum polimorfismo ou baixo nível de bandas polimórficas foi observada em cada primer. Para melhorar a eficiência na detecção do polimorfismo, o DNA genômico de todos os acessos foi submetido à digestão com enzimas de restrição antes da amplificação. Treze primers utilizados associados ou não às enzimas de restrição, que sugeriram polimorfismo, foram selecionados. Um dendrograma foi construído utilizando o agrupamento UPGMA. Um total de 236 produtos de amplificação foi obtido, com 216 bandas polimórficas (91,5%). Os resultados mostraram a utilidade das enzimas de restrição para estimar a relação genética dos acessos de *C. arabica*.

PALAVRAS-CHAVE: *Coffea arabica*, variabilidade, RAPD, enzimas de restrição.

ABSTRACT: The genetic variability of 40 accessions was evaluated using random amplified polymorphic DNA (RAPD) associated with a prior restriction digestion of genomic DNA by restriction endonucleases. The accessions analised were part of the *Coffea* collection maintained at the Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR), located in Londrina, Paraná. The genetic variability and the relatedness among all accessions were evaluated using 184 RAPD primers. However, no polymorphism or low level of polymorphic bands was observed with each primer. To improve the efficiency in the detection of polymorphism, the genomic DNA of all accessions were submitted to digestion with restriction endonucleases before amplification. Thirteen primers used alone or associated with restriction enzymes, that suggested polymorphism were selected. A dendrogram was constructed using UPGMA. A total of 236 amplification products were obtained, with 216 polymorphic bands (91,5%). The results showed the usefulness of restriction enzymes to estimate the genetic relationship of *C. arabica* accessions.

INTRODUÇÃO

Existem coleções de germoplasmas de café com variabilidade para os principais fatores limitantes da produção de café, bem como para tipos diferentes de qualidade de bebida. No entanto, a exemplo do que ocorre em outras culturas perenes, no café, a avaliação de caracteres de interesse agronômico é realizada em campo, utilizando unicamente marcadores fenotípicos que, são muitas vezes, pouco precisos do ponto de vista da seleção antecipada, além de apresentar um alto consumo de tempo e dinheiro (Borém, 1998). É preciso, portanto, agilizar os programas de melhoramento genético do café, permitindo reconhecer precisa e antecipadamente em populações segregantes, indivíduos portadores de fatores desejáveis. A possibilidade de reconhecimento destas plantas em seleção dentro de populações segregantes aceleraria os programas de melhoramento, bem como ofereceria a possibilidade de sua utilização comercial imediata via propagação vegetativa em larga escala. Entretanto, uma caracterização adequada pode ser difícil e trabalhosa quando grandes coleções são avaliadas. Além disto, bancos de germoplasma podem incluir materiais com a mesma base genética resultando em aumento dos custos decorrentes deste tipo de redundância. A coleção de *Coffea* mantida no IAPAR não foi ainda totalmente caracterizada quanto ao seu potencial. Deste modo, os recursos genéticos do banco de germoplasma não têm sido amplamente explorados. Segundo Berthaud & Charrier (1988), o acesso à variabilidade genética é de extrema importância em qualquer coleção de germoplasma. Usando este conhecimento, genótipos podem ser comparados para determinação do grau de similaridade genética bem como para se determinar o grau de diversidade contida na coleção. O Instituto Agronômico do Paraná mantém um banco de germoplasma com 8 diferentes espécies de *Coffea*, 40 diferentes variedades e cultivares de *C. arabica*, várias populações de híbridos interespecíficos, 144 acessos de *C. arabica* da Etiópia, 30 acessos de *C. canephora*, 50 progênies de Cattimor, 200 progênies de Icatu, 50 progênies de Sarchimor, 50 linhagens de Mundo Novo, 50 linhagens de Catuaí e 20 linhagens de Acaiá. A

[1] **Apoio financeiro: CNPq e CONSÓRCIO BRASILEIRO DE PESQUISA E DESENVOLVIMENTO DO CAFÉ.**

caracterização de germoplasma com a ajuda dos marcadores RAPD é atrativa na medida que trata-se de marcadores neutros, possibilitando um real conhecimento do conteúdo genético dos materiais incentivando o intercâmbio de germoplasma entre os melhoristas (Ferreira & Grattapaglia, 1996), possibilitando minimizar as duplicações dos materiais, trazendo como conseqüência imediata a racionalização dos trabalhos relativos às coleções ativas e de base, evitando a duplicação de atividades e reduzindo o desperdício de tempo e de recursos financeiros. Os marcadores moleculares podem complementar o melhoramento de forma distinta fornecendo uma medida confiável de diversidade genética, que pode ser utilizada na determinação do grau de parentesco entre linhagens e variedades, para proteção dos direitos da propriedade intelectual, entre outros. O objetivo deste trabalho foi à caracterização genética de 40 acessos de *C arabica* L., do banco de germoplasma mantido pelo IAPAR através da técnica de RAPD associada com a digestão prévia por enzimas de restrição.

MATERIAL E MÉTODOS

Os materiais analisados estão na Tabela 1. As amostras foram coletadas de cinco plantas de cada variedade ou cultivar de *C. arabica*. Para a obtenção de DNA de boa qualidade foi feita uma adaptação a partir da metodologia originalmente descrita por Doyle & Doyle (1987). Em seguida, o DNA foi purificado conforme a metodologia descrita por Diniz *et al.* (2000) e quantificado em um fluorômetro DyNA Quant 200 da Hoefer Pharmacia. Após a quantificação, cada amostra foi diluída para 10 ng/µl. As reações de amplificação tiveram um volume final de 15µl. Os reagentes e suas respectivas concentrações foram utilizadas como descrito por Diniz *et al.* (2000). Quando foi associado as enzimas de restrição, o volume acrescido era diminuído na quantidade de água, para que o volume final continuasse com 15µl. As amostras foram amplificadas em um ciclador térmico PTC 100 da MJ Research com o programa já determinado e descrito por Ruas *et al.* (1999). O produto amplificado foi submetido a eletroforese em gel de agarose 1,4% (3 partes de agarose metaphor: 1 parte de agarose baixo EEO). Os marcadores obtidos foram avaliados pela presença (1) e ausência (0) de bandas entre as variedades e cultivares. Os dados gerados foram analisados utilizando o programa NTSYS-pc, v. 1,80. Um dendrograma foi construído utilizando o método de agrupamento UPGMA baseado no coeficiente de similaridade de Jaccard.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Um total de 184 primers foi inicialmente usado para amplificar o DNA de seis amostras dos acessos, com o objetivo de verificar qual destes primers mostrava pelo menos uma ou duas banda polimórfica. Treze primers que detectaram polimorfismo em pelo menos uma amostra, foram testados em associação com as enzimas de restrição *Bam* HI, *Eco* RI, *Hae* III, *Msp* I, *Pst* I, *Rsa* I e *Sac* II. Somente as enzimas de restrição *Bam* HI, *Eco* RI e *Hae* III mostraram um perfil de bandas diferentes. De um total de 236 marcadores moleculares obtidos, 216 eram polimórficos (91.5%). Estes marcadores são resultados da amplificação de primers com ou sem digestão prévia com enzimas de restrição. Uma matriz de similaridade genética foi construída de acordo com o coeficiente de Jaccard e um dendrograma foi obtido a partir desta matriz, onde foi possível identificar quatro grupos principais entre os acessos de *C. arabica*. No primeiro grupo, foram observados três subgrupos. O primeiro subgrupo inclui as variedades Arábica, Bourbon Vermelho e Bourbon Amarelo. Arábica e Bourbon Vermelho mostraram uma similaridade de 91%. Ambos se associaram a Bourbon Amarelo em 87% e 80% de similaridade, respectivamente. Bourbon Vermelho é uma mutação espontânea encontrada nas Ilhas Reunião, em cultivares de *C. arabica* var. Arábica, oriundos da Etiópia (Rothfos, 1980). Bourbon Amarelo é um produto recombinante derivado do cruzamento natural entre Amarelo de Botucatu (considerado como uma mutação derivada da variedade Arábica) e Bourbon Vermelho (Brasil, 1986). Estas observações explicam a alta similaridade genética observada neste subgrupo. O segundo subgrupo inclui três acessos, o cultivar Acaiá, o mutante Mundo Novo Semperflorens e o cultivar Mundo Novo IAC 376-4. O cultivar Mundo Novo foi derivado através de um cruzamento natural entre os cultivares Sumatra (originado na Ilha de Sumatra) e Bourbon Vermelho, enquanto o cultivar Mundo Novo IAC 376-4 representa uma linha melhorada e selecionada de Mundo Novo. Mundo Novo IAC 376-4 e Bourbon Vermelho mostraram similaridade genética de 81%, o que está de acordo com a origem proposta por Carvalho *et al.* (1952). O cultivar Acaiá foi derivado da seleção de progênies do germoplasma de Mundo Novo (Fazuoli, 1986; Carvalho *et al.*, 1989). Mundo Novo Semperflorens é uma mutação espontânea do cultivar Acaiá. Os dados moleculares estão então, completamente apoiados pelas informações disponíveis sobre a origem destes cultivares. No terceiro subgrupo, um coeficiente de similaridade médio de 89% foi observado entre os cultivares Catuaí Amarelo, Catuaí Vermelho e Catuaí Amarelo Semperflorens. Os dois primeiros são produtos de hibridação artificial entre Caturra Amarelo e Mundo Novo, onde progênies com frutos vermelhos ou amarelos, selecionados em populações F_3, foram chamados de Catuaí Vermelho e Catuaí

Amarelo, respectivamente (Fazuoli, 1986). Catuaí Amarelo Semperflorens é uma forma de mutante de Catuaí Amarelo. O segundo grupo mostra três subgrupos. No primeiro, Caturra Amarelo associou-se em 82% com IAPAR 77055 e em 77% com Catuaí Rubi. Catuaí Rubi originou-se do cruzamento entre Catuaí Vermelho e Mundo Novo. O cultivar experimental IAPAR 77055 foi obtido do cruzamento entre Icatu e Catuaí Vermelho. O cultivar Icatu foi obtido pelo cruzamento artificial entre o tetraplóide artificialmente duplicado *C. canephora* var. robusta e *C. arabica* cv. Bourbon Vermelho. Os híbridos F_1 foram cruzados então com Mundo Novo. Progênies de polinização aberta derivaram-se a partir de plantas BC_1, BC_2 e BC_3 (Carvalho *et al.*, 1989). Posteriormente, o nome Icatu foi proposto para as gerações F_2 e F_3 dos retrocruzamentos BC_2 e BC_3. O cultivar Catuaí originou-se do cruzamento entre Caturra e Mundo Novo. Todas estas relações explicam a associação genética entre estes acessos. No segundo subgrupo, foi observado um coeficiente de similaridade de 88% entre Caturra Vermelho e Icatu Precoce IAC 3282. Caturra Vermelho é uma forma mutante de Bourbon Vermelho. Icatu Precoce IAC 3282 foi obtido após o cruzamento entre *C. canephora* var. Robusta (2n = 44) e Bourbon Vermelho. O F_1 foi então cruzado com Bourbon Amarelo. O produto foi então selecionado para precocidade, dando origem a Icatu Precoce IAC 3282. A predominância de genes de Bourbon Vermelho em Caturra Vermelho e Icatu Precoce IAC 3282 explica a alta similaridade genética observada. O terceiro subgrupo mostra uma estreita associação entre o cultivar Icatu Amarelo IAC 2944 e Icatu Vermelho IAC 2945. Icatu Amarelo foi obtido por seleção de plantas derivadas de uma hibridação natural entre Icatu Vermelho e Bourbon Amarelo ou Mundo Novo Amarelo (Fazuoli, 1986). No mesmo subgrupo, as variedades Mokka e Laurina associaram-se com 86% de similaridade. Laurina originou-se de Bourbon Vermelho nas Ilhas Reunião e Mokka está estreitamente relacionada a Laurina. Segundo Krug (1949), *C. arabica* var. arabica (anteriormente var. typica) após uma mutação, originou quatro tipos de plantas, incluindo Laurina, da qual Mokka derivou-se. A relação genética entre Laurina e Bourbon Vermelho é de 73%. Caturra Vermelho e Caturra Amarelo mostraram um coeficiente de similaridade de 80%, sugerindo que mais variações do que o esperado está presente entre estes cultivares. Icatu Precoce IAC 3282, Icatu Amarelo IAC 2944 e Icatu Vermelho IAC 2945 tem uma similaridade média de 87%, o que está consistente com a informação da genealogia, pois se originaram do cruzamento entre *C. arabica* X *C. canephora*, seguido de dois retrocruzamentos com o parental *C. arabica*, após estes cruzamentos, foram selecionadas as melhores linhas, provavelmente na geração F_4 (Monaco *et al.*, 1974; Fazuoli *et al.*, 1977; Carvalho, 1982). Dentro do terceiro grupo, dois subgrupos são evidentes. No primeiro subgrupo, as variedades Villa Lobos, San Bernardo e Vila Sarchi estão muito próximas (apresentam uma similaridade média de 91%). Todas estas variedades originaram-se de Bourbon Vermelho na Costa Rica. O segundo subgrupo reuniu os cultivares Colômbia Amarelo (germoplasma de Catimor), IAPAR 77028 Amarelo, IAPAR 59 (75163-22), Tupi (IAC 1669-33) e IAPAR 75163-21-10 (todos estes são germoplasmas de Sarchimor). O cultivar IAPAR 59 mostra uma similaridade genética média de 88,5% com IAPAR 75163-21-10 e Tupi. O fato de IAPAR 77.028, IAPAR 59, Tupi e IAPAR 75.163-21-10 serem germoplasmas de Sarchimor explica os altos índices de similaridade observada entre eles. Colômbia Amarelo é um híbrido entre Híbrido de Timor e Caturra. Houve uma segregação menor para Caturra do que o esperado (média de 70%), o que indica a predominância de genes do Híbrido de Timor na sua constituição genética. Todos estes acessos, exceto Colômbia Amarelo, são cultivares experimentais originados por seleção dentro de uma população derivada do cruzamento entre Híbrido de Timor e Villa Sarchi. IAPAR 77.028, IAPAR 59, Tupi e IAPAR 75.163-21-10 associaram-se a Villa Sarchi com uma similaridade genética média de 85%. A alta similaridade genética entre estes cultivares é apoiada pela informação de genealogia. Os acessos IAPAR 75163-12, IAPAR 75163-21-10 e IAPAR 59 (IAPAR 75163-22) derivaram de uma auto-polinização natural de IAPAR 75163 e compartilham mais do que caracteres morfológicos tais como resistência à ferrugem, arquitetura da planta e vigor vegetativo. As principais diferenças estão no diâmetro da copa e no tamanho do grão. Os coeficientes de similaridade entre Villa Sarchi e estas linhagens de Sarchimor foram altas, acima de 82%, exceto IAPAR 75163-12 com 76% de similaridade, o que indica que estas linhagens, de um modo geral, assemelham-se mais com Villa Sarchi. No quarto grupo, onze acessos se reuniram em quatro subgrupos. No primeiro subgrupo, IAPAR 75163-12 associou-se com o F_1 de Mundo Novo X IAPAR 59 e com o cultivar Kattimor com um coeficiente de similaridade de 86% e 83%, respectivamente. O F_1 entre Mundo Novo e IAPAR 59 apresentou uma relação genética com Mundo Novo e IAPAR 59 de 69% e 85%, respectivamente, sugerindo que os genes de IAPAR 59 são dominantes em relação aos genes de Mundo Novo. O cultivar Kattimor é provavelmente um germoplasma de Sarchimor, tendo se originado do cruzamento entre Villa Sarchi e Híbrido de Timor. Agrupou-se com IAPAR 59 e IAPAR 75163-21-10 em 86% de similaridade, no entanto, mais estudos são necessários para se chegar a uma conclusão sobre sua real composição genética. No segundo subgrupo, a variedade semi-erecta agrupou-se ao

mutante Catuaí Amarelo Erecta em 91%. A origem desta variedade está obscura. O Catuaí Amarelo Erecta usado neste trabalho é também de origem desconhecida, ele pode representar ou uma mutação independente ou uma forma mutante de Catuaí oriunda de Java (Carvalho & Krug, 1950). Os resultados obtidos por este trabalho, colocam este acesso distante do cultivar Catuaí. Outra possibilidade que existe é que este acesso tenha se originado por hibridação entre Arábica erecta e outro acesso desconhecido (possivelmente Catuaí Amarelo), indicando assim sua origem híbrida e não por mutação. No terceiro subgrupo, reuniram-se as variedades Goiaba, Maragogipe, Purpurascens e Cioiccie. Maragogipe, Purpurascens e Cioiccie agruparam-se com uma similaridade genética de 90%, enquanto Goiaba e Purpurascens agruparam-se em 90%. Cioccie originou-se na Etiópia. Maragogipe, Goiaba e Purpurascens, supostamente derivaram de diferentes mutações ocorridas em Bourbon Vermelho (Clifford & Wilson, 1985). Cera e Geisha apresentam uma similaridade de 87%, ambos são considerados como mutantes de Bourbon Vermelho (Carvalho *et al.*, 1989). Cera foi descrito em 1938 como *C. arabica* var. *cera* ou como uma versão mutante de *C. arabica* var. arabica (Carvalho & Krug, 1949). Devido a baixa similaridade genética que ambas apresentam com os supostos parentais, podemos dizer que a origem de Geisha e Cera não foram conclusivos com base nos dados obtidos por RAPD, podendo estar distantes das variedades Bourbon Vermelho e Arábica. O F_2 de Mundo Novo X IAPAR-59 apareceu isolado no dendrograma por ser uma população segregante e mostrou um coeficiente de similaridade de 80% com IAPAR-59, o que está de acordo com os caracteres morfológicos, sugerindo que os genes de IAPAR 59 devem ser dominantes sobre os genes de Mundo Novo. Arábica Superprecoce apresentou um coeficiente médio baixo de similaridade (69%) com todos os outros acessos, indicando que pode haver isolamento genético em seu centro de diversidade, possivelmente por barreiras temporais de florescimento, por isso a possibilidade de cruzamento com os outros acessos é extremamente baixa. O cultivar Catuaí SH_2SH_3 aparece isolado na árvore filogenética, mostrando um coeficiente de similaridade médio de apenas 60% com todas os outros acessos. Este baixo valor é explicado pelo fato de que Catuaí SH_2SH_3 é um produto de cruzamento entre Catuaí Amarelo e Catuaí SH_2, tendo ainda muitos genes de *C. liberica* presentes no seu genótipo, dando suporte, desta forma à associação genética observada (Jones, 1957; Bettencourt & Carvalho, 1968).

CONCLUSÃO

O agrupamento das variedades e cultivares, baseados em marcadores moleculares está consistente com as informações da genealogia e dados morfológicos descritos para esta coleção de café. Com isso, os resultados apresentados neste trabalho demonstraram a eficiência do RAPD associado a uma pré-digestão do DNA genômico com endonucleases de restrição, oferecendo um real e efetivo meio de avaliar as variações genéticas em acessos de *C. arabica* e também de outras culturas que mostram pouca variabilidade genética com a técnica de RAPD. O uso de enzimas de restrição aumentou o polimorfismo das amostras analisadas, modificando o padrão de bandas, servindo, deste modo, como um poderoso mecanismo no estudo de diversidade genética.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BERTHAUD, J. & CHARRIER, A. 1988. Genetic Resources of *Coffea*. In- *Coffee Agronomy*, Vol. 4, R.J. Clarke & R. Macrae (eds.), Elsevier Applied Science Publishers Ltd., pp. 1-42.

BETTENCOURT, A.J. & CARVALHO, A. 1968. Melhoramento visando a resistência do cafeeiro à ferrugem. Bragantia, 27: 35–68.

BORÉM, A. 1998. Melhoramento de Plantas, 2ª ed. Universidade Federal de Viçosa. 453p.

BRASIL, 1986. Instituto Brasileiro do Café. Diretoria de Produção. Cultura de café no Brasil: Pequeno manual de recomendações, Rio de Janeiro, 214p.

CARVALHO, A. 1982. Melhoramento do cafeeiro. Cruzamento entre *C. arabica* e *C. canephora*. In: Colloque Scientifique Int. sur le Café. 10. Salvador, BA. ASIC, 363-368.

CARVALHO, A. & KRUG, C.A. 1949. Genética de Coffea XII. Hereditariedade da cor amarela da semente. Bragantia, 9: 193–202.

CARVALHO, A. & KRUG, C.A. 1950. Genética de *Coffea* XIII – Hereditariedade da característica erecta em *Coffea arabica* L.. Bragantia, 10: 321–328.

CARVALHO, A., KRUG, C.A., MENDES, J.E.T., ANTUNES FILHO, H., MORAIS, H., ALOISI SOBRINHO, J., MORAIS, M.V. & ROCHA, T.R. 1952. Melhoramento do cafeeiro. IV – Café Mundo Novo. Bragantia, 12: 97-129.

CARVALHO, A., ESKES, A.B., CASTILHO, Z.J., SCREENIVASAN, M.S., ECHEVERRI, J.H., FERNANDEZ, C.E. & FAZUOLI, L.C. 1989. Breeding programs. In: Kushalappa, A.C. & Eskes, A.B. (eds): Coffee rust: epidemiology, resistance and management. CRC Press Inc, Boca Raton.

CLIFFORD, M.N. & K.C. WILSON, 1985. Coffee: Botany, biochemistry and production of beans and beverage. Croom Helm, London & Sydney.

DINIZ, L.E.C., RUAS, P.M., RUAS, C.F. & SERA, T. 2000. Polimorfimo genético detectado em 40 variedades e cultivares de *Coffea arabica* utilizando RAPD associado com enzimas de restrição. In: Anais do III Seminário Internacional .... 171-175.

DOYLE, J.J. & J.L. DOYLE, 1987. A Rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin, 19: 11-15.

FAZUOLI, L.C, 1986. Genética e Melhoramento do cafeeiro. In: Rena, A.B.; Malavolta, E.; Rocha, M. & Yamada, T. (eds.). Cultura do Cafeeiro, Fatores que afetam a produtividade. Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato. Piracicaba-SP.

FAZUOLI, L.C., MONACO, L.C. & CARVALHO, A. 1977. Resistência de cafeeiros a nematóides I: Testes em progênies e híbridos para *Meloidogyne exigua*. Bragantia, 36(23): 231-238.

FERREIRA, M.E. & GRATTAPAGLIA, D. 1996. Introdução ao Uso de Marcadores Moleculares em Análise Genética. 2ed. EMBRAPA, 220p.

JONES, P.A. 1957. Notes on the varieties of *Coffea arabica* in Kenya. Selected articles of Coffee culture. Kenya Coffee Board, 158–66.

KRUG, C.A., 1949. Mutações em *Coffea arabica* L. Bragantia, 9: 1-10.

MONACO, L.C., CARVALHO, A. & FAZUOLI, L.C. 1974. Melhoramento do cafeeiro. Germoplasma do café Icatu e seu potencial no melhoramento. Congresso Brasileiro de Pesquisas Cafeeiras, Poços de Caldas, MG, 2: 103.

ROTHFOS, B, 1980. Coffee production. Gordian-Max-Rieck, GmbH, Hamburg.

RUAS, P.M., BONIFÁCIO, A., RUAS, C.F., FAIRBANKS, D.J. & ANDERSEN, W.R. 1999. Genetic relationship among 19 accessions of six species of *Chenopodium* L., by Random Amplified Polymorphic DNA fragments (RAPD). *Euphytica*, 105, 25-32.

Tabela 1. Origem dos acessos de *Coffea arabica* L. analisados.

N°	Acessos	Tipo	Procedência
1	Arábica	Variedade botânica	Etiópia
2	Bourbon Amarelo	Variedade	Brasil
3	Bourbon Vermelho	Variedade botânica	Ilhas Reunião
4	Acaiá	Cultivar atual	Brasil
5	Mundo Novo IAC[1] 376-4	Cultivar atual	Brasil
6	Mundo Novo Semperflorens	Mutante de Mundo Novo	Brasil
7	Catuaí Amarelo Semperflorens	Mutante de Catuaí Amarelo	Brasil
8	Catuaí Amarelo	Cultivar atual	Brasil
9	Catuaí Vermelho	Cultivar atual	Brasil
10	Catuaí Rubi	Cultivar atual	Brasil
11	IAPAR 77.055	Cultivar experimental	Brasil
12	Catuaí SH_2SH_3 (IAPAR 77039)	Cultivar experimental	Brasil
13	Caturra Vermelho	Variedade	Brasil
14	Caturra Amarelo	Variedade	Brasil
15	Arabica Superprecoce	Germoplasma de *C. arabica*	Etiópia (coleção da FAO[2])
16	Icatu Precoce IAC 3282	Cultivar atual	Brasil
17	Icatu Amarelo IAC 2944	Cultivar atual	Brasil
18	Icatu Vermelho IAC 2945	Cultivar atual	Brasil
19	Mokka	Variedade botânica	Brasil
20	Laurina	Variedade botânica	Brasil
21	Villa Lobos	Variedade botânica	Costa Rica
22	San Bernardo	Variedade botânica	Costa Rica
23	Villa Sarchi	Variedade botânica	Costa Rica
24	Colômbia Amarelo	Cultivar atual	Colômbia
25	IAPAR 77.028 Amarelo	Cultivar experimental	Brasil/Portugal
26	IAPAR 59 (75.163-22)	Cultivar atual	Brasil/Portugal
27	Tupi (IAC 1669-33)	Cultivar atual	Brasil/Portugal
28	IAPAR 75.163-21-10	Cultivar experimental	Brasil/Portugal
29	IAPAR 75.163-12	Cultivar experimental	Brasil/Portugal
30	Kattimor	Cultivar experimental	Brasil/Portugal
31	(F_1) Mundo Novo vs IAPAR 59	Cultivar experimental	Brasil
32	(F_2) Mundo Novo vs IAPAR 59	Cultivar experimental	Brasil
33	Semi-erecta	Variedade botânica	Brasil/Etiópia (coleção da FAO)
34	Catuaí Amarelo Erecta	Mutante de Catuaí Amarelo	Brasil
35	Goiaba	Variedade botânica	Brasil
36	Maragogipe	Variedade botânica	Brasil
37	Cera	Variedade botânica	Brasil
38	Geisha	Variedade botânica	Brasil/Etiópia
39	Cioiccie	Variedade botânica	Brasil/Etiópia
40	Purpurascens	Variedade botânica	Brasil

[1] IAC- Instituto Agronômico de Campinas (Campinas-SP).
[2] FAO - Food Aides Organization.

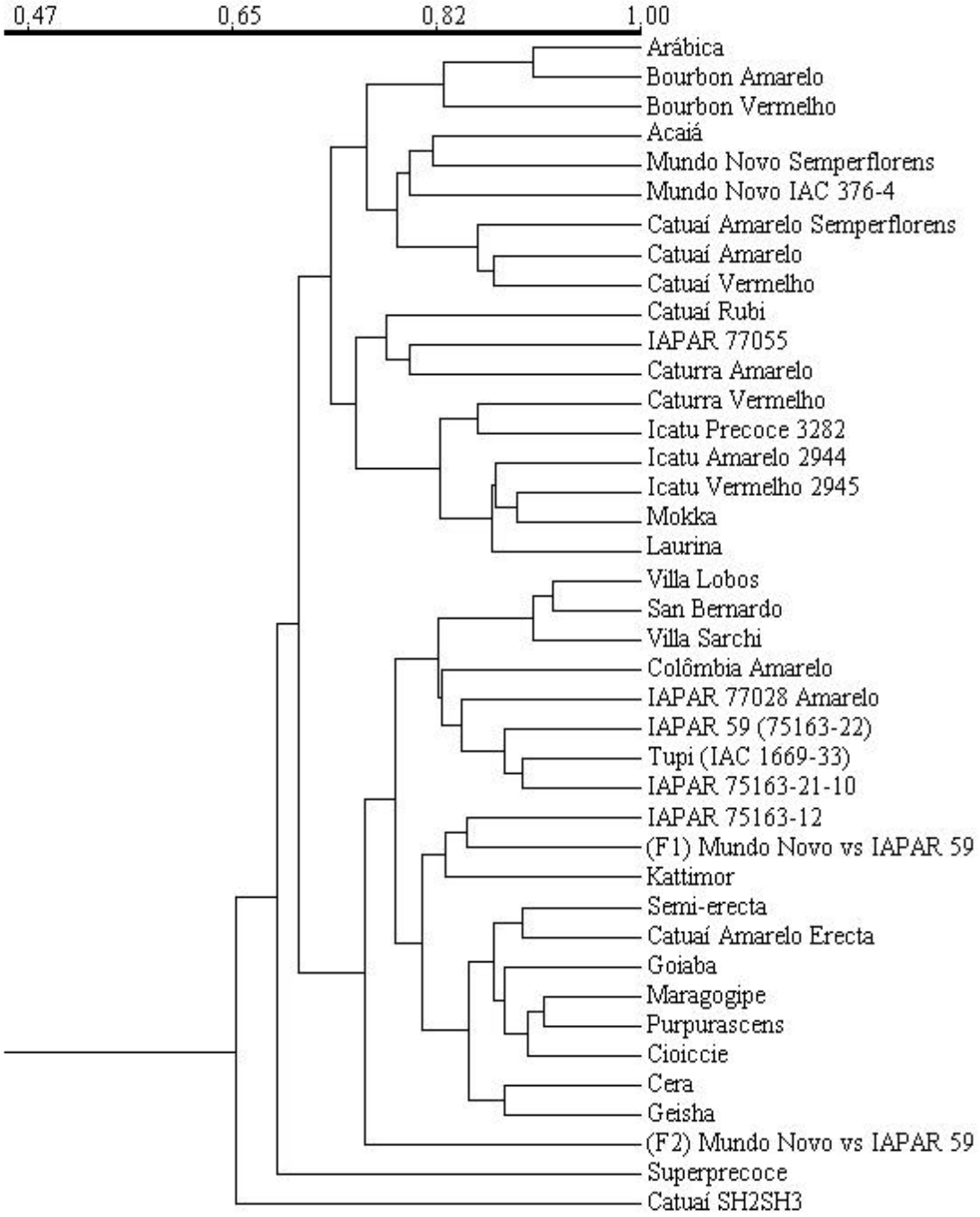

Figura 1. Dendrograma da similaridade genética para os 40 acessos de *Coffea arabica*.