

MÉTODO GENEALÓGICO E MODELOS MISTOS NA SELEÇÃO DE
LINHAS SEGREGANTES DE *Capsicum baccatum* var. *pendulum*

HÉRICA SANTOS DE OLIVEIRA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
DEZEMBRO – 2013

MÉTODO GENEALÓGICO E MODELOS MISTOS NA SELEÇÃO DE
LINHAS SEGREGANTES DE *Capsicum baccatum* var. *pendulum*

HÉRICA SANTOS DE OLIVEIRA

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Orientadora: Prof^a. Rosana Rodrigues

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
DEZEMBRO - 2013

MÉTODO GENEALÓGICO E MODELOS MISTOS NA SELEÇÃO DE
LINHAS SEGREGANTES DE *Capsicum baccatum* var. *pendulum*

HÉRICA SANTOS DE OLIVEIRA

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Aprovada em 09 de dezembro de 2013.

Comissão Examinadora:

Prof. Derly José Henriques da Silva (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
UFV

Prof^a. Telma Nair Santana Pereira (Ph.D., Melhoramento de Plantas) – UENF

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

Prof^a. Rosana Rodrigues (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF
(Orientadora)

A Deus pela vida e realização dos meus sonhos.

Aos meus pais Cleide e Ironaldo, pelo amor incondicional e incentivo em ser uma profissional capacitada.

Às minhas irmãs Hellene Samara, Halicia Celeste e Haline Natália, que me encorajaram na busca desse título.

À minha sobrinha Nicolle Mariana por ter me proporcionado a alegria de ver a família crescer.

Ao meu namorado Fabrício Costa, por todo o seu amor e compreensão nos momentos mais difíceis.

Dedico

AGRADECIMENTO

Agradeço primeiramente a Deus por tudo o que tenho, tudo o que sou e o que vier a ser.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, pela oportunidade concedida para a realização do curso de pós-graduação em nível de doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela bolsa de estudo concedida.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (Faperj), pelo financiamento do projeto.

À professora Rosana Rodrigues, pela orientação, atenção, compreensão e ensinamentos durante o curso.

Ao professor Alexandre Pio Viana, pela disposição em orientar, por sua atenção e sugestões para os resultados desta tese.

À professora Telma Nair Santana Pereira, pelo incentivo durante o curso.

A todos os professores do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas, pelos ensinamentos durante suas disciplinas.

Ao secretário Daniel, por sempre ajudar com boa vontade.

Ao José Manoel e sua equipe, Enildo, João e Jocimar, pela amizade e ajuda durante a condução do experimento.

À Universidade Federal Rural da Amazônia, onde obtive minha formação como engenheira agrônoma e o título de Mestre em Agronomia, sendo a responsável pelo estímulo na busca de aperfeiçoamento profissional.

Aos meus orientadores da graduação e mestrado, Professores Oriel Filgueira de Lemos e Ilmarina Campos de Menezes, que me incentivaram para o ingresso no doutorado.

Aos meus pais Ironaldo e Cleide, que me forneceram a educação e a possibilidade de alcançar a maior riqueza, o conhecimento, que apostaram mais em mim do que eu mesma. Em especial à minha mãe, que sempre me fortaleceu nos momentos em que estava fragilizada e não me deixou desistir, sou muita grata!

Às minhas irmãs Hellene, Halicia e Haline, pela compreensão e consideração nos momentos mais difíceis que, mesmo estando longe, me apoiaram e torceram bastante.

Ao meu namorado Fabrício, que me apoiou, incentivou e foi paciente durante esse período com muito amor, carinho e companheirismo.

Aos meus queridos amigos Artur e Maurício, que me ajudaram muito durante o curso, com muita disposição e alegria. Vocês para mim são os irmãos que não tive! E à minha amiga Bianca, que esteve sempre presente em todos os momentos, principalmente nos mais difíceis, quando a gente vê o número de amigos que tem.

À Daniele, que está comigo no laboratório e fora dele!

Aos meus amigos do laboratório 111 e agregados ao mesmo tempo, Cláudia Pombo, Marilene, Monique Moulin, Pakizza, Raimundo Nonato, Samy, Cíntia, Vinicius, Alexandre, Jacinto, Denilson, Lucas, Fábio, Armando e Railan.

Aos meus velhos amigos da UFRA e Embrapa CPATU, Fabrícia, Josimar, Bruno, Sannah, Kaliene, Lana, Meiciane, Aline, Leila e Sérgio.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para a realização não apenas desse trabalho, mas para chegar a ele, meu muito OBRIGADA!!!!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1. Origem, dispersão e botânica de <i>Capsicum</i>	4
3.2. Variedades Botânicas de <i>Capsicum baccatum</i>	6
3.3. Importância Econômica e Nutricional.....	7
3.4. Melhoramento de <i>Capsicum baccatum</i>	9
3.5. O Método Genealógico no Melhoramento de Plantas	12
3.6. Seleção via Modelos Mistos	13
4. MATERIAL E MÉTODOS	16
4.1. Germoplasma	16
4.2. Condições de cultivo e delineamento experimental	18
4.3. Fenotipagem de características agrônômicas	20
4.4. Análise dos dados.....	22
4.4.1. Características Qualitativas	22
4.4.2. Características Quantitativas - Modelos Mistos	22
4.4.3. Estimacão dos Componentes de Variância e Valores Genéticos	23
4.4.4. Análise Multivariada - Agrupamento UPGMA.....	24
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	26

5.1. Características Qualitativas	26
5.2. Características Quantitativas	35
5.2.1. Metodologia dos Modelos Mistos	35
5.2.2. Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos	35
5.2.3. Seleção e Estimativas dos Ganhos via BLUP	38
5.3. Análise Multivariada - Agrupamento UPGMA	53
6. CONCLUSÕES	60
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	61
ANEXO	75

RESUMO

OLIVEIRA, Hérica Santos de; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; dezembro, 2013; Método Genealógico e Modelos Mistos na Seleção de Linhas Segregantes de *Capsicum baccatum* var. *pendulum*. Orientadora: Rosana Rodrigues; Conselheiros: Alexandre Pio Viana e Telma Nair Santana Pereira.

As pimentas da espécie *Capsicum baccatum* var. *pendulum*, conhecidas como pimenta dedo-de-moça e pimenta Cambuci, são bastante apreciadas no Brasil, porém, poucos trabalhos de melhoramento genético são descritos para essa espécie. O objetivo deste trabalho foi propor uma nova estratégia de condução e seleção de linhas segregantes de *C. baccatum* var. *pendulum* para dar sequência ao programa de melhoramento genético desta espécie em andamento na UENF. Quarenta e cinco linhas $F_{2:3}$ foram obtidas de indivíduos da geração F_2 , oriunda do cruzamento entre UENF 1616 e UENF 1732, pelo método genealógico. A seleção em F_2 foi feita utilizando o índice de Mulamba e Mock, levando-se em consideração as características de maior comprimento, maior espessura da polpa, maior teor de sólidos solúveis e maior massa seca do fruto, caracteres importantes para atender tanto à indústria quanto ao mercado de frutos *in natura*. As linhas $F_{2:3}$ foram avaliadas em condições de campo com espaçamento de 1,0 m entre plantas e 1,2 m entre linhas, com sete plantas por linha. Os genitores e um genótipo comercial representado pela cultivar BRS Mari foram utilizados como testemunhas. As características avaliadas foram: dias até o florescimento (DFL) e

frutificação (DFR); altura da planta (ALP); diâmetro da copa (DIC); número de frutos por planta (NFP); massa fresca de frutos (MFF); massa média de frutos (MMF); comprimento médio do fruto (CMF); diâmetro médio do fruto (DMF); espessura da polpa do fruto (EPF); teor de sólidos solúveis (TSS); massa seca do fruto (MSF); e teor de massa seca do fruto (TMS). A estimativa de herdabilidade da média da progênie foi de alta magnitude, variando de 0,68 a 0,88, enquanto a herdabilidade individual no sentido restrito e a herdabilidade aditiva dentro da parcela foram de média magnitude, variando de 0,23 a 0,46 e de 0,15 a 0,43, respectivamente, com exceção para MFF e MSF, que obtiveram valores acima de 0,50, sendo consideradas de alta magnitude. A acurácia de seleção foi próxima à unidade, indicando alta precisão na seleção para todas as características avaliadas. A seleção das 20 melhores linhas, para cada característica, foi feita com base no ordenamento de linhas de forma crescente para as características ALP, DIC, DFL, DFR e de forma decrescente para NFP, MMF, CMF, DMF, EPF, TSS, MFF, MSF e TMS, considerando os BLUPs dos valores de efeito genético aditivo predito e a nova média da população melhorada. No ordenamento, as linhas $F_{2,3}$ foram melhores que as testemunhas, pois obtiveram na seleção as primeiras posições para a maioria das características avaliadas. Foram feitas análises multivariadas pelo agrupamento hierárquico UPGMA com indivíduos selecionados via maiores estimativas “BLUP” para as características MFF e MMF. Após a obtenção dos agrupamentos dos indivíduos, foi possível sua seleção com base em suas características agronômicas desejáveis. A utilização dos resultados obtidos pela metodologia dos modelos mistos e pela análise multivariada pode se constituir em uma nova proposta para selecionar indivíduos com características agronômicas favoráveis para avanço de gerações em programas de melhoramento de espécies autógamas.

ABSTRACT

OLIVEIRA, Hérica Santos de; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; December, 2013; Pedigree Method and Mixed Models in *Capsicum baccatum* var. *pendulum* segregating lines selection. Advisor: Rosana Rodrigues; Committee members: Alexandre Pio Viana e Telma Nair Santana Pereira.

Capsicum baccatum var. *pendulum* chili peppers, known as ladies finger and cambuci, are greatly appreciated in Brazil, however, few studies related to genetic breeding improvement of this species are described. The aim of this study was to propose a new strategy of driving and selection of segregating lines *C. baccatum* var. *pendulum* to give sequence to the breeding program genetic of this species in UENF. Forty five lines $F_{2:3}$ were obtained from individuals of the F_2 generation from the cross between UENF 1616 and UENF 1732, using the pedigree method. The selection in F_2 was made using the Mulamba Mock index and taking into consideration the traits of greater length, greater wall thickness, soluble solids content and higher dry fruit, important characters to meet both industry as the fruit *in natura* market. The lines $F_{2:3}$ were evaluated under field conditions at a spacing of between 1.0 m and 1.2 m between plants rows with seven plants per line. The parents and one commercial genotype represented by BRS Mari were used as controls. The characteristics evaluated were days to flowering (DFF) and days to fruiting (DFR); plant height (PLH); canopy diameter (CAD); fruits number per plant (FNP); fruit fresh mass (FFM); fruit weight feature (FWF); fruit length (FRL);

average fruit diameter (FDM); fruit pericarp thickness (FRT); soluble solid content (SSC); dry fruit mass (DFM) and dry matter content (DMC). The heritability estimate of the progeny mean was high magnitude ranging from 0.68 to 0.88 while the individual narrow sense heritability and additive heritability within the plot were of medium magnitude ranging from 0.23 to 0.46 and 0.15 to 0.43 respectively, except for FWF and MSF had values above 0.50 are considered high magnitude. The accuracy of selection was close to unity indicating high accuracy in selection for all traits. The selection of the 20 best lines for each characteristic was based on the ordering of rows in ascending order for the DFF, DFR, PLH, and CAD features in decreasing order for FNP, FFM, FWF, FRL, FDM, FRT, SSC, DFM and DMR, considering the values predicted additive genetic effect BLUP'S and the new improved average population. In order lines $F_{2:3}$ were better than those obtained in selecting witnesses for the top positions for most traits. Multivariate analyzes were performed by UPGMA hierarchical clustering from individuals selected via higher estimates "BLUP" for FFM and FWF characteristics. After obtaining the groupings of individuals was possible to select these based on their desirable agronomic characteristics. The results obtained by the use of mixed via REML/BLUP and the multivariate analysis models can constitute a new proposal to select individuals with favorable agronomic traits for several generations in breeding programs autogamous species.

1. INTRODUÇÃO

Os pimentões e as pimentas (*Capsicum* spp.) são importantes hortaliças para o agronegócio em vários países. A China, o México, o Peru e a Indonésia são os principais produtores mundiais, com 15 milhões, 2 milhões, 2 milhões e 1,5 milhão de toneladas, respectivamente, produzidas no ano de 2011 (FAO, 2011). No Brasil, as espécies de *Capsicum* são particularmente importantes para os pequenos produtores rurais que utilizam mão de obra familiar para a condução das lavouras, tendo assim uma relevância social, além de econômica (Rufino e Penteado, 2006; Vilela et al., 2008).

As espécies de *Capsicum* são distribuídas em três complexos gênicos, em função da capacidade de produção de híbridos férteis a partir de cruzamentos entre espécies distintas. O complexo *annuum* reúne as espécies mais estudadas: *C. annuum*, *C. chinense* e *C. frutescens*. Os outros dois complexos, *baccatum* e *pubescens*, reúnem espécies que são bem menos estudados apesar de terem potencial de uso (Pickersgill, 1997; Tong e Bosland, 1999; Moscone et al., 2007).

No caso específico do complexo *baccatum*, poucos trabalhos, sobretudo na área de melhoramento genético, são encontrados na literatura, embora as espécies *C. baccatum* var. *pendulum* e *C. baccatum* var. *baccatum* sejam consideradas muito promissoras e com grande potencial de uso (Gonçalves et al., 2011; Rodrigues et al., 2012).

Em 2008, a UENF iniciou um programa de melhoramento de pimentas da espécie *C. baccatum* var. *pendulum* com o objetivo de obter híbridos e linhagens

resistentes ao *Pepper yellow mosaic virus*, produtivos, e com frutos de alta qualidade (Bento et al., 2009; Gonçalves et al., 2011; Bento et al., 2013).

Por ser uma espécie autógama, o melhoramento de *C. baccatum* var. *pendulum* pode ser conduzido, utilizando os métodos tradicionalmente desenvolvidos para plantas que se autofecundam, entre eles o método genealógico ou *pedigree*. Este método de condução de gerações segregantes se caracteriza pela seleção entre e dentro de linhas oriundas de indivíduo selecionado em F_2 e pela necessidade de mão de obra treinada nas etapas de avaliações visuais e anotações de dados (Allard, 1961; Borém e Miranda, 2009; Pinto, 2009).

A seleção de plantas com base na avaliação genotípica compreende a estimação de parâmetros genéticos tais como herdabilidade e correlações genéticas e a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos, fundamentais para o delineamento de estratégias eficientes de melhoramento (Resende, 2008). Sendo a estimação dos componentes de variância feita pelo método de máxima verossimilhança restrita (REML), ele acomoda nesta metodologia as propriedades não vício, consistência, eficiência, suficiência e invariância de translação e seleção a nível individual, com base nos valores genéticos preditos pelo melhor preditor linear não viesado (BLUP), essenciais na técnica de inferência estatística paramétrica. Os modelos mistos na seleção de plantas individuais são uma ótima metodologia para o avanço de gerações em futuros programas de melhoramento de plantas (Resende, 2000). Esta nova abordagem metodológica em hortaliças pode significar maior robustez e confiabilidade na análise de dados.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Propor uma nova estratégia de condução de seleção de linhas segregantes de *C. baccatum* var. *pendulum* para dar sequência ao programa de melhoramento genético de pimentas desta espécie em andamento na UENF.

2.2. Objetivos específicos

- a) Fenotipar em condições de campo linhas da geração segregante $F_{2:3}$, previamente selecionadas no programa de melhoramento da UENF;
- b) Estimar parâmetros genéticos e selecionar entre e dentro de linhas $F_{2:3}$, utilizando a metodologia dos modelos mistos; e
- c) Estudar a questão relacionada à introdução do estudo da divergência genética em indivíduos selecionados via metodologia de modelos mistos.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Origem, dispersão e botânica de *Capsicum*

As pimentas do gênero *Capsicum* são consideradas o primeiro tempero usado pelos humanos e foram encontradas junto com outros fósseis de alimento há cerca de 6.000 anos (Perry et al., 2007).

O gênero *Capsicum* se originou no continente americano (Pickersgill, 1997; Moscone et al., 2007; Ibiza et al., 2012) e a espécie *C. chacoense* é provavelmente o ancestral comum, que originou as demais espécies (Moscone et al., 2007). McLeod et al. (1982), com base em informações geográficas e dados de eletroforese em gel de amido sobre o local e evolução das pimentas, elaboraram a hipótese de que a maior porção do gênero *Capsicum* surgiu em uma área nuclear no centro-sul da Bolívia, com subsequente migração para a Cordilheira dos Andes e planície Amazônica.

A expansão do gênero *Capsicum* por outras partes do mundo ocorreu a partir do século XVI, quando foi intensificada a relação entre as comunidades indígenas e as populações europeias [Heiser & Smith (1953), citados por Barbosa et al. (2002)], sendo cultivado tanto em regiões tropicais e temperadas (McLeod et al., 1982). A migração também pode ter sido favorecida por pássaros que vão de uma região para outra dispersando as sementes em novas áreas (De Witt e Bosland, 1997; Tewksbury e Nabhan, 2001).

O Brasil é considerado um centro de diversidade deste gênero, por abrigar tanto espécies domesticadas (largamente cultivadas) como semidomesticadas

(pouco cultivadas) e silvestres (não cultivadas comercialmente) (Monteiro et al., 2010; Nascimento et al., 2012), além de variedades cultivadas encontradas em todo o território nacional com variabilidade de tipos, cores, formas, aroma e pungência (Buso et al., 2001). Novas espécies de *Capsicum* vêm sendo descritas no Brasil, como a espécie *C. eshbaughii*, descrita por Barboza (2011). As espécies de pimentas podem ser discriminadas por características morfológicas dos frutos e flores (Moreira et al., 2006).

Quanto à botânica, o gênero *Capsicum* pertence à Divisão Spermatophyta, Filo Angiospermae, Classe Dicotyledoneae, Ordem Solanales, Família Solanaceae (Andrews, 1995). Este gênero compreende aproximadamente 32 espécies, incluindo as espécies *C. annuum* L., *C. frutescens* L., *C. chinense* Jacq., *C. baccatum* L. e *C. pubescens* Ruiz & Pav. (Barboza, 2011).

O gênero *Capsicum* pode ser agrupado em três complexos: o Complexo *annuum*, constituído pelas espécies *C. annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. chacoense* e *C. galapagoense*; o Complexo *baccatum*, que reúne *C. baccatum* var. *baccatum* (forma silvestre), *C. baccatum* var. *pendulum* (forma cultivada), *C. baccatum* var. *praetermissum* e *C. tovarii*; e o Complexo *pubescens*, constituído por *C. pubescens*, *C. cardenasii* e *C. eximium*. Um complexo de espécies inclui aquelas que podem se cruzar, embora algumas vezes com dificuldade (Pickersgill, 1991; Pickersgill, 1997; Tong e Bosland, 1999; Moscone et al., 2007).

Quanto ao número de cromossomos, existem dois grupos distintos no gênero *Capsicum*: algumas espécies têm 24 cromossomos ($2n = 2x = 24$), enquanto outras espécies têm 26 cromossomos ($2n = 2x = 26$) (Moscone et al., 2007; Ranganathane Jagatheeswari, 2013).

As espécies do gênero *Capsicum* têm plantas com caule resistente, perene, podendo atingir 1,20 m de altura, com ampla ramificação lateral. Apesar de perenes, são cultivadas como plantas herbáceas anuais. As flores são isoladas, pequenas e hermafroditas, ou seja, a mesma flor produz gametas masculinos e femininos. Dessa forma, são plantas autógamas, normalmente autopolinizadas, porém a polinização cruzada pode também atingir até 5% quando duas plantas são plantadas próximas (Filgueira, 2005).

Os frutos de pimenta, em sua maioria, tem o sabor ardido, devido à presença do alcaloide capsaicina, que se acumula na superfície da placenta (tecido localizado na parte interna do fruto), e é liberada quando o fruto sofre

qualquer dano físico. A pungência pode ser medida em Unidades de Calor Scoville ('Scoville Heat Units - SHU') ou por meio de diferentes métodos mais precisos de quantificação, como a cromatografia líquida de alta eficiência (CLAE). O valor SHU pode variar de zero (pimentas doces) a 300.000 (pimentas muito pungentes) (Carvalho et al., 2003a). A cultivar Bhut Jolokia tem valores médios de pungência em torno de 329.100 SHU, sendo considerada a pimenta mais pungente do mundo (Sanatombi e Sharma, 2008).

O formato e o tamanho dos frutos variam entre as espécies e dentro delas, existindo pimentas alongadas, globulares, triangulares, campanuladas e retangulares. A coloração vermelha é a mais comum em frutos maduros, ocorrendo também frutos de cor amarela, creme, alaranjada, salmão, roxo e marrom (Filgueira, 2005; Carvalho et al., 2006).

3.2. Variedades Botânicas de *Capsicum baccatum*

As espécies podem ser subdividas em subespécie ou variedades para identificação adicional (Janick et al., 1969). Todos os representantes de uma subespécie ou variedade de uma dada espécie se assemelham entre si e compartilham uma ou mais características que não se encontram em outras subespécies ou variedades daquela espécie (Raven et al., 2001).

Na espécie *C. baccatum*, existem duas variedades botânicas: *C. baccatum* var. *baccatum*, espécie semidomesticada, e *C. baccatum* var. *pendulum*, espécie domesticada (Carvalho et al., 2006).

Tais variedades se diferenciam pelo número de suas flores por nó: a variedade *C. baccatum* var. *baccatum* tem duas flores por nó, enquanto a *C. baccatum* var. *pendulum*, uma flor por nó. Quanto à cor da flor, a *C. baccatum* var. *baccatum* tem corola com flores brancas com duas manchas amarelas ou esverdeadas na base dos lobos, enquanto a *C. baccatum* var. *pendulum* tem flores de corola predominantemente brancas, porém sempre com manchas difusas amarelas ou esverdeadas na base de cada lobo. As duas variedades têm cálice com dentes distintos e anteras sempre amarelas, não tendo constrição anelar na junção com o pedicelo (Pickergill, 1986; Bianchetti, 1996; Carvalho e Bianchetti, 2004; Carvalho et al., 2006).

Quanto à morfologia do fruto, a variedade *C. baccatum* var. *baccatum* tem frutos tipicamente pequenos e eretos, enquanto a *C. baccatum* var. *pendulum*,

frutos grandes e pendentes. O nome *pendulum* deriva do latim *pendulus*, que faz menção ao caráter pendente do fruto (Albrecht et al., 2012).

No Brasil, os tipos de frutos de pimentas da espécie *C. baccatum* var. *pendulum* mais comuns são representadas pelas pimentas dedo-de-moça e cambuci ou chapéu-de-frade. A pimenta dedo-de-moça, também conhecida como chifre-de-veado, é cultivada principalmente nos estados de São Paulo e Rio Grande do Sul. Além de ser consumida fresca, em molhos e conservas, também é utilizada na fabricação de pimenta calabresa (desidratada na forma de flocos com a semente). As plantas são arbustivas, com cerca de 1,0 m de altura. Os frutos são alongados, de coloração vermelha quando maduros, e medem cerca de 1,0 - 1,15 cm de diâmetro e 8,0 - 10,0 cm de comprimento, apresentando pungência suave. A pimenta cambuci, também chamada chapéu-de-bispo ou chapéu-de-frade, tem frutos em formato campanulado, de tamanho mediano, geralmente, com 4,0 cm de comprimento e 7,0 cm de largura. A coloração do fruto é verde ou verde-clara, quando imaturo, e vermelha, após a maturação. Os frutos são considerados doces, entretanto, podem ser encontrados, no mercado, frutos levemente pungentes (Carvalho et al., 2006; Moreira et al., 2006).

A espécie semidomesticada *C. baccatum* var. *baccatum* é representada pela pimenta cumari, também conhecida como “cumari-verdadeira”, pimenta-passarinho, “cumari-miúda”, “comari” ou “pimentinha”, tem frutos pequenos, eretos, de formato arredondado, com cerca de 0,5 cm de diâmetro, ou ovalado com 0,6 a 0,7 cm de comprimento e 0,5 cm de diâmetro (Carvalho et al., 2006; Moreira et al., 2006).

3.3. Importância Econômica e Nutricional

As pimentas do gênero *Capsicum* são amplamente cultivadas no mundo, utilizadas como matéria-prima nas indústrias alimentícia, farmacêutica e cosmética (Rêgo et al., 2011b) bem como para ornamentação (Moreira et al., 2006).

Segundo dados da FAO (2011), os maiores produtores mundiais de pimenta são a China, com cerca de 15 milhões de toneladas, seguida pelo México e Peru, com cerca de 2 milhões de toneladas cada um, e Indonésia, com 1,5 milhão de toneladas, em uma área total aproximada de quase dois milhões de hectares. Contudo, os dados mundiais sobre a área cultivada, produção,

exportação e consumo, frequentemente, estão em conjunto com pimentão, dificultando o entendimento das perspectivas para esse mercado específico (Rufino e Penteado, 2006).

O mercado de pimenta hortícola, tanto para consumo *in natura* quanto para processamento, é um segmento com grande potencial de crescimento em todos os continentes (Domenico et al., 2012), sendo cultivada principalmente em países tropicais e subtropicais (Wahyuni et al., 2012).

De acordo com a ABCSEM (2013), em 2009, foram comercializados 558,68 kg de sementes de cultivares de pimentas pungentes e não pungentes no Brasil, permitindo estimar uma área cultivada aproximada de 1,8 mil ha. As estatísticas de produção e comercialização de pimenta no Brasil são escassas, e a informação disponível não reflete a realidade econômica, pois grande parte da produção é comercializada em mercados regionais e locais, que não fazem parte das estatísticas (Domenico et al., 2012).

O agronegócio brasileiro das pimentas gera emprego e renda em todos os segmentos da cadeia produtiva, tendo destaque na agricultura familiar pela grande demanda por mão de obra (Vilela et al., 2008; Nascimento et al., 2012). Além da contratação sazonal de pequenos produtores rurais e suas famílias no campo no período de colheita, o estabelecimento de novas indústrias processadoras também é fundamental para a geração de novos empregos (Rêgo et al., 2011a).

O mercado de pimentas do gênero *Capsicum* no Brasil tem assumido grande importância no cenário econômico das olerícolas, em razão, principalmente, da grande variedade de produtos e subprodutos, usos e formas de consumo (Moreira et al., 2006; Henz e Ribeiro, 2008; Moura et al., 2010). Embora o tamanho real e a importância desse mercado sejam difíceis de mensurar, em virtude da falta de estatísticas confiáveis e de informações sistematizadas (Henz e Ribeiro, 2008), a obtenção de cultivares melhoradas nas várias espécies que compõem o gênero *Capsicum* se constitui numa área potencial para ampliação e sustentação do agronegócio de pimentas.

As pimentas são especiais para a produção de condimentos por características como cor dos frutos e princípios ativos, que lhes conferem aroma e sabor (Büttow et al., 2010). Os frutos de pimentas pungentes podem ser desidratados e comercializados inteiros, em flocos (calabresa) e em pó (páprica

picante) ou, ainda, em conservas, molhos líquidos, geleias, bombons, embutidos (salames, salsichas, linguiças), massas, biscoitos, patês, "ketchup" e maionese (Carvalho et al., 2006). As pimenteiras também estão sendo utilizadas como plantas ornamentais, em razão da folhagem variegada, do porte anão e dos frutos com diferentes cores no processo de maturação (Moreira et al., 2006).

Os frutos do gênero *Capsicum* têm alto valor nutritivo, pois são fontes de vitamina A, B1, B2, B5, C, E, potássio, cálcio, sódio, fósforo, ferro (Marques et al., 2006). Na indústria farmacêutica, a capsaicina é largamente empregada como no emplastro Sabiá[®], usado para aliviar dores musculares, além de pomadas para o tratamento de artrite e artrose (Carvalho et al., 2006).

3.4. Melhoramento de *Capsicum baccatum*

O melhoramento começou quando os agricultores iniciaram a adaptação das plantas, selecionando as espécies e variedades mais desejáveis (Borém e Miranda, 2009).

O melhoramento do gênero *Capsicum* ocorreu inicialmente pelos povos indígenas das Américas, que domesticaram as espécies de *Capsicum* por meio da seleção, desenvolvendo muitos tipos de frutos existentes hoje, como as pimentas do tipo jalapeño, serrano e ancho (Rêgo et al., 2011c).

A produção de pimenta no Brasil vem crescendo muito, com cultivos em regiões de clima tropical e subtropical (Rufino e Penteado, 2006). A demanda por novas cultivares que associem maior qualidade, produtividade e resistência às doenças aumentou, sobretudo, para atender ao processamento industrial, podendo essas cultivares ser obtidas através de programas de melhoramento (Bento et al., 2007; Marchesan et al., 2009).

No Brasil, a equipe do Programa de Melhoramento de *Capsicum* da Embrapa Hortaliças desenvolveu a 'BRS Mari', uma nova cultivar de pimenta tipo 'dedo-de-moça', com características desejáveis como resistência a múltiplas doenças, com destaque para o vírus *Pepper yellow mosaic virus* (PepYMV) e o nematoide das galhas (*Meloidogyne javanica*), resistência mediana ao oídio (*Oidium sicula*), à mancha bacteriana (*Xanthomonas* spp.) e à antracnose (*Colletotrichum* spp.) (Carvalho et al., 2009).

Trabalhos visando à resistência ao PepYMV para o gênero *Capsicum* vêm sendo desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético de *C. baccatum*

var. *pendulum* da UENF. Bento et al. (2009), avaliando 127 acessos de *Capsicum* spp., conservados no banco de germoplasma da UENF, quanto à reação ao PepYMV, identificaram nove genótipos resistentes, sendo dois da espécie *C. baccatum* var. *pendulum* e sete da espécie *C. chinense*. A partir desta identificação, cruzamentos dialélicos foram feitos, considerando três genótipos suscetíveis e dois resistentes de *C. baccatum* var. *pendulum*. Os híbridos UENF 1629 x UENF 1732, UENF 1616 x UENF 1732 e UENF 1624 x UENF 1639 foram indicados como promissores por apresentarem características agrônômicas favoráveis, associadas à resistência ao PepYMV (Gonçalves, 2011).

Bento et al. (2013), estudando a herança da resistência ao PepYMV a partir do cruzamento entre UENF 1616 x UENF 1732, nas gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂, verificaram que a resistência foi do tipo poligênica, indicando certa complexidade para a obtenção de linhagens resistentes ao PepYMV. Segundo estudo desenvolvido por Parrela et al. (2002), sete locos, com sete genes de resistência a potyvirus em *Capsicum*, denominados de *pvr1*, *pvr2*, *pvr3*, *Pvr4*, *pvr5*, *Pvr6* e *Pvr7*, já foram descritos, de modo que alelos recessivos e dominantes estão envolvidos no controle da resistência ao PepYMV.

Estudos visando à resistência a doenças em um programa de melhoramento de *C. annuum* foram desenvolvidos por Riva-Souza et al. (2007) com o objetivo de selecionar genótipos de pimentão resistentes à mancha bacteriana em uma população segregante, oriunda do cruzamento entre os acessos UENF 1421 (suscetível) e UENF 1381 (resistente), conduzido pelo método genealógico. Estes autores obtiveram estimativas de coeficiente de determinação genotípico (CDG) no sentido amplo expressivo, ultrapassando 70% para reação à mancha bacteriana, o que possibilitou a realização de seleção de indivíduos na população segregante, com boas perspectivas de ganhos significativos na resistência à mancha bacteriana, para contínuo uso no programa de melhoramento.

O melhoramento de pimenteiros tem sido feito por meio da seleção massal em raças crioulas e, nos últimos tempos, dada ênfase ao uso de hibridação, por alguns melhoristas em programas de melhoramento (Rêgo et al., 2009). A hibridação é a fusão de gametas geneticamente diferentes, que resulta em indivíduos híbridos heterozigóticos para um ou mais *loci* (Pinto, 2009). No melhoramento de espécies autógamas, a hibridação tem por objetivo combinar

em um só genótipo genes desejáveis oriundos de pais contrastantes, utilizando, para a condução das gerações segregantes, três métodos básicos: genealógico (*pedigree*), populacional (*bulk*) e *single seed descent* – SSD (Allard, 1961; Pinto, 2009).

No método genealógico, a seleção para superioridade é baseada no vigor e outras características agrícolas dos indivíduos ou progênies (famílias). Na geração F_2 , a seleção é naturalmente limitada aos indivíduos. Em F_3 , bem como nas gerações seguintes, a seleção é praticada tanto dentro como entre famílias, até que se atinja uma homozigose acentuada. Desse ponto em diante, a seleção é praticada entre famílias, até que o número de progênies seja reduzido ao ponto em que uma adequada avaliação em experimentos possa ser conduzida. Neste método, o termo genealógico indica que são mantidas as anotações dos ascendentes ou genealogia de cada uma das progênies (Allard, 1961).

O método da população difere do método genealógico no sentido de que os híbridos são cultivados misturados numa só população, sem qualquer interesse em manter anotações de ascendência dos indivíduos. No caso em que a seleção artificial é empregada durante o período de propagação da população, essa seleção é, geralmente, baseada no comportamento das plantas individuais e não em testes de progênies dos indivíduos selecionados. O período de propagação da população como um todo é geralmente terminado na geração F_6 a F_8 , fazendo-se uma seleção de plantas individuais desejáveis da população. Estas seleções são então conduzidas como famílias, as quais são avaliadas de maneira similar ao método genealógico (Allard, 1961).

Já o método SSD prevê que uma semente F_3 de cada indivíduo F_2 da população seja colhida aleatoriamente e agrupada para constituir a geração F_3 . As sementes F_3 agrupadas são plantadas, e uma semente F_4 de cada indivíduo F_3 é colhida na época da maturação. Este procedimento é repetido até a geração F_5 , na qual se selecionam plantas individuais, que são submetidas ao teste de progênie. As progênies $F_{5:6}$ que se mostrarem uniformes e superiores são colhidas individualmente em bulk e avaliadas no ensaio preliminar de avaliação de linhagens (EPL). A partir dessa etapa, os procedimentos são comuns aos outros métodos de melhoramento, envolvendo as avaliações intermediárias, finais, regionais e valor de cultivo e uso de linhagens (Pinto, 2009).

3.5. O Método Genealógico no Melhoramento de Plantas

O método genealógico ou *pedigree* foi inicialmente proposto por Hjalman Nilson (Borém e Miranda, 2009). Este método pode ser resumido como um método de condução de populações segregantes obtidas geralmente a partir de um determinado cruzamento entre duas linhagens (Pinto, 2009).

Neste método, os tipos superiores são selecionados nas gerações segregantes, sendo mantido um registro de todas as relações entre os genitores e as progênes. A seleção é iniciada na geração F_2 quando são selecionados os indivíduos que poderão originar as melhores progênes. Nas gerações F_3 e F_4 , persiste muita heterozigose, de tal maneira que ainda é provável que as plantas dentro das famílias difiram umas das outras geneticamente, sendo praticada a seleção das melhores plantas das melhores famílias. Nas gerações F_5 ou F_6 , espera-se que a maioria das famílias sejam homozigotas para a maioria dos locos, com 96,9% e 98,40%, respectivamente, sendo ineficiente a seleção dentro das famílias e indicada a seleção entre famílias. Nessas gerações, as famílias que têm um ancestral comum, ocorrido uma ou duas gerações anteriores, devem ser muito semelhantes entre si. Nesta altura, o registro da genealogia deve possibilitar a escolha de um membro de tais famílias relacionadas, eliminando-se todos os demais (Allard, 1961).

Uma das principais vantagens do método genealógico na condução das gerações segregantes é permitir ao melhorista exercitar sua habilidade de seleção, em um grau mais elevado do que seria possível em qualquer dos demais métodos usuais em espécies autógamas. A principal desvantagem está na limitação imposta com relação à quantidade do material genético que um melhorista pode conduzir. Essas limitações podem ser reduzidas até certo ponto, iniciando-se diferentes cruzamentos em anos diferentes, escalonando-se, assim, os períodos em que ocorre o máximo de trabalho (Allard, 1961).

O método genealógico foi utilizado neste trabalho devido à seleção ser realizada com teste de progênie, e o conhecimento da genealogia dos tipos selecionados permitir a maximização da eficiência da seleção (Allard, 1961; Pinto, 2009).

O método genealógico vem sendo conduzido na produção de cultivares de diversas espécies de plantas autógamas, como, por exemplo, na cultivar de mamona IAC-2028, originada da hibridação controlada entre a linhagem L881 e a

progênie H34, que foi selecionada por meio do método genealógico (Savy Filho et al., 2007); na cultivar de trigo BRS Guamirim, que resultou do cruzamento entre o genitor materno (Embrapa 27/Buck Nandu) e o genitor paterno PF 93159 (BR 23/CEP 19/PF 85490), feito por seleção com base no tipo agrônômico de planta e na resistência às principais moléstias do trigo (Scheeren et al., 2007); na cultivar de feijão comum IAC Formoso, que resultou do cruzamento entre Gen 96A28P4-1-1-1-1 x CNFC9484 após a seleção de plantas da geração F_6 conduzida pelo método *pedigree* (Carbonell et al., 2010).

O método *pedigree* também foi utilizado para obter plantas resistentes a doenças como na obtenção de progênies de alface resistentes ao míldio (Castoldi et al., 2011) e na obtenção de linhas $F_{2:3}$ de pimentão resistentes à mancha bacteriana (Riva-Souza et al., 2007).

O método genealógico foi comparado ao método populacional ou *bulk*, descendente de uma única semente ou *single seed descent* (SSD), *bulk* dentro de F_3 e *bulk* dentro de F_2 , em populações segregantes de feijoeiro, em estudos conduzidos por Raposo et al. (2000), que concluíram não haver diferenças marcantes na obtenção de famílias superiores em função dos diferentes métodos testados. Moreira et al. (2010), ao estudarem os métodos de melhoramento utilizados em um levantamento das cultivares de feijão lançadas na revista CBAB – *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, durante o período de 2001 a 2008, observaram que das 23 novas cultivares de feijão descritas na revista o método de melhoramento mais utilizado foi o *pedigree*, responsável por 11 cultivares lançadas, seguido do SPD (*single pod descent*), com sete cultivares lançadas.

3.6. Seleção via Modelos Mistos

O êxito do melhoramento genético está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações (Cruz e Carneiro, 2003). A identificação dos indivíduos portadores de genes desejáveis pode ser feita pela avaliação genética dos candidatos à seleção (Rocha et al., 2007).

A inferência sobre os genótipos, em qualquer fase de um programa de melhoramento, deve ser baseada em médias genéticas e não fenotípicas, pois as médias genotípicas são as médias futuras quando as cultivares forem plantadas em cultivos comerciais (Borges et al., 2010). Para auxiliar nesta seleção, ou seja,

na predição dos valores genéticos dos genótipos superiores, ferramentas como os métodos de estimação BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) e REML (*Restricted Maximum Likelihood*) são bastante úteis. De acordo com Resende (2000), o procedimento ótimo de predição de valores genéticos é obtido pelo BLUP e o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância, pelo REML, desenvolvido por Patterson e Thompson (1971), ambos associados a um modelo linear misto.

Os modelos mistos desenvolvidos por Henderson (1973) são utilizados para descrever dados de experimentos cuja estrutura de tratamentos envolve alguns fatores que são fixos e alguns que são aleatórios, ou seja, modelos lineares que contêm efeitos fixos e aleatórios, independentemente da média e do erro.

Um modelo linear misto generalizado tem a seguinte forma (Resende 2007):

$$y = X\beta + Z\tau + \varepsilon,$$

com as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$\tau \sim N(0, G)$$

$$E y = X\beta$$

$$\varepsilon \sim N(0, R)$$

$$Var y = V = ZGZ' + R$$

em que:

y : vetor conhecido de observações;

β : vetor paramétrico de efeitos fixos, com matriz de incidência X ;

τ : vetor paramétrico de efeitos aleatórios, com matriz de incidência Z ;

ε : vetor desconhecido de erros;

G : matriz de variância-covariância dos efeitos aleatórios;

R : matriz de variância-covariância dos erros; e

0 : vetor nulo.

Assumindo G e R como conhecidas, a simultânea estimação de efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios podem ser obtidas por meio das equações de modelo misto (método BLUP) dadas por:

$$\begin{matrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & \beta \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} & \tau \end{matrix} = \begin{matrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{matrix}$$

Quando G e R não são conhecidas, os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios podem ser estimados de forma eficiente pelo

método REML (Patterson e Thompson, 1971). Exceto por uma constante, a função de verossimilhança residual (em termos de seus log) a ser maximizada é dada por:

$$L = -\frac{1}{2} \log X'V^{-1}X + \log V + v \log \sigma_{\varepsilon}^2 + y'Py/\sigma_{\varepsilon}^2$$

$$= -\frac{1}{2} \log C^* + \log R + \log G + v \log \sigma_{\varepsilon}^2 + y'Py/\sigma_{\varepsilon}^2$$

em que:

$$V = R + ZGZ'; \quad P = V^{-1} - V^{-1}X X'V^{-1}X^{-1}X'V^{-1}$$

$v = N - r(x)$: graus de liberdade para os efeitos aleatórios, em que N é o número total de dados e $r(x)$ é o rank da matriz X .

C^* = Matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

Sendo geral, o modelo descrito engloba vários modelos peculiares a cada situação.

As principais vantagens do REML/BLUP são: permitir comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais e blocos); permitir a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); e poder ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais (Resende, 2002). O enfoque de modelos mistos ainda é pouco utilizado em culturas anuais como em hortaliças, e poucos trabalhos são encontrados como no caso da batata-doce (Borges et al., 2010) e na cenoura (Silva et al., 2011c), sendo maior o enfoque para culturas perenes como eucalipto (Reis et al., 2011), cedro australiano (Ferreira et al., 2012), cana-de-açúcar (Costa et al., 2013; Pedrozo et al., 2009) e culturas anuais como o feijão (Chiorato et al., 2008) e o milho (Eeuwijk et al., 2010), entre outros.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Germoplasma

Quarenta e cinco linhas $F_{2:3}$ foram utilizadas no presente estudo. Estas linhas foram derivadas da seleção de 45 indivíduos da geração F_2 , oriunda do cruzamento entre os genitores UENF 1616 (P_1) e UENF 1732 (P_2), Figura 1, conforme Bento et al. (2013). A seleção de indivíduos da geração F_2 foi efetuada pelo Índice de Mulamba e Mock (1978), utilizando as características maior comprimento de fruto, maior espessura da polpa, maior teor de sólidos solúveis e maior massa seca do fruto (Bento, 2012).

O genitor UENF 1616 é proveniente de coleta feita em feira livre na cidade de Viçosa, MG. Apresenta frutos alongados de cor amarela no estágio imaturo e laranja no estágio maduro, sendo considerado suscetível ao PepYMV. Por sua vez, o genitor UENF 1732, proveniente de coleta no município de Campos dos Goytacazes, RJ, apresenta frutos com formato de sino, cor laranja no estágio imaturo e vermelha no estágio maduro, sendo resistente ao PepYMV (Figura 1) (Bento et al., 2009). O genitor UENF 1616 foi escolhido por ser uma pimenta de formato alongado, do tipo dedo-de-moça, e o genitor UENF 1732, por ser resistente ao PepYMV, ou seja, ambos foram escolhidos por apresentarem características de interesse do produtor e do mercado de pimentas. Além das linhas $F_{2:3}$, foram utilizados os genitores e a cultivar BRS Mari, como testemunhas (Figura 2).

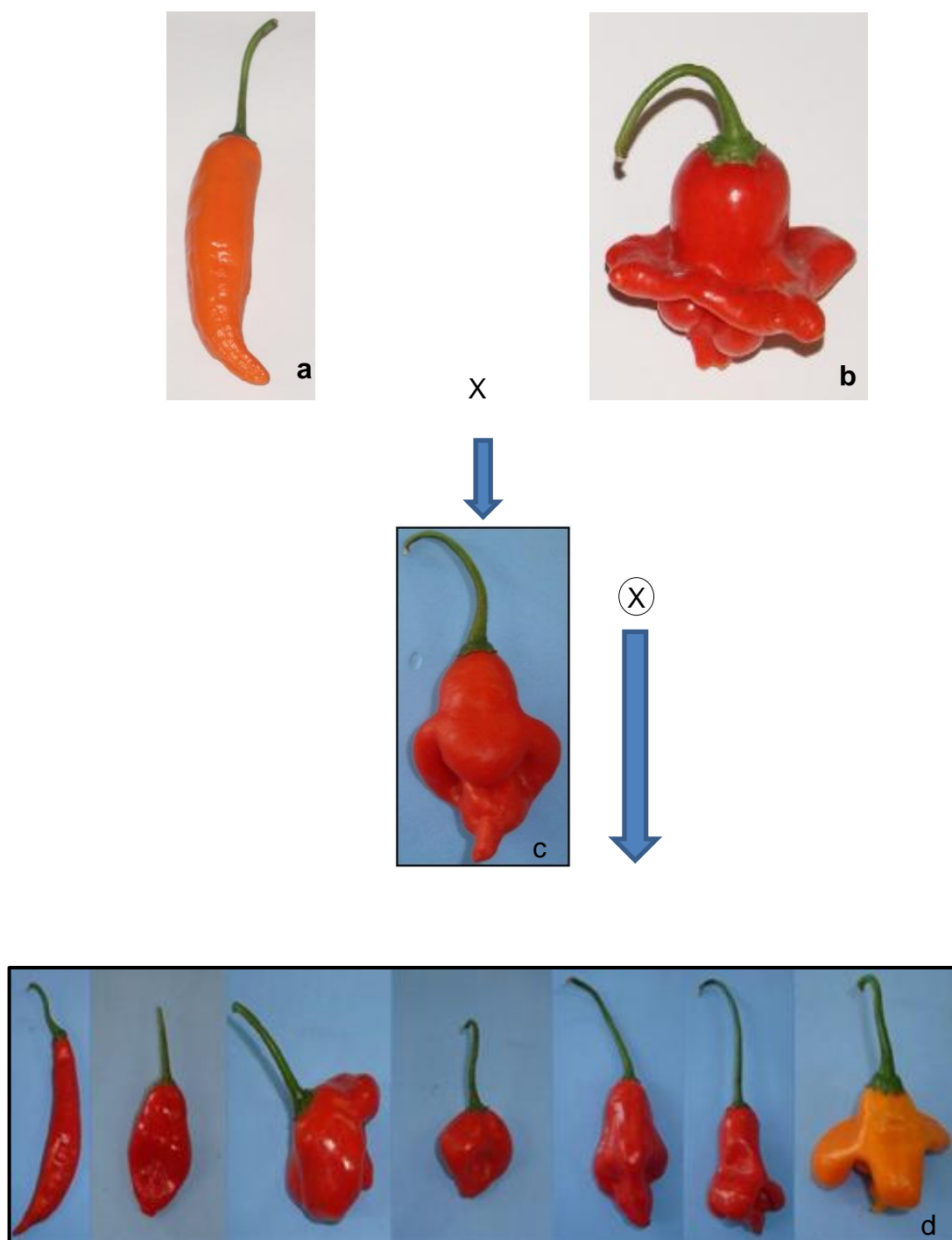


Figura 1 – Fenótipo dos frutos de acessos de *C. baccatum* var. *pendulum*: a) genitor UENF 1616 (P₁); b) genitor UENF 1732 (P₂); c) híbrido F₁; e d) amostra dos frutos da população F₂. Fotografias 1c e 1d, gentilmente cedidas por Cíntia dos Santos Bento, publicadas em Bento (2012).



Figura 2 – Amostra de frutos da cultivar BRS Mari (testemunha comercial) (Santos, 2013).

4.2. Condições de cultivo e delineamento experimental

O experimento foi conduzido em condições de campo, na área de convênio da UENF com a PESAGRO-RIO/Estação Experimental de Campos dos Goytacazes - RJ (EEC) no período de maio a dezembro de 2012 (Figuras 3 e 4).

As 45 linhas $F_{2:3}$ previamente selecionadas, os genitores e a cultivar BRS Mari foram semeados em bandejas de isopor de 128 células com o substrato comercial Vivatto[®], apropriado para o cultivo de hortaliças, e após o surgimento de dois pares de folhas definitivas, as mudas foram transplantadas para o campo.

As plantas foram dispostas em linhas, no espaçamento de 1,0 m entre plantas e 1,2 m entre linhas, com sete plantas por linha, totalizando 336 plantas. A bordadura foi constituída pelo acesso UENF 1704 de *C. baccatum* var. *pendulum*. Os tratos culturais normalmente recomendados para a cultura foram efetuados durante a condução do experimento (Filgueira, 2005). As plantas foram conduzidas conforme preconizado no método genealógico, que propõe a seleção de plantas entre e dentro de linhas na geração segregante $F_{2:3}$, fazendo-se a identificação das linhas e das plantas dentro das linhas, tomando-se dados individualmente e registrando-os em planilhas elaboradas de acordo com o croqui do experimento (Figura 4).



Figura 3 – Visão geral do experimento de avaliação de 45 linhas $F_{2:3}$ e testemunhas de *C. bacatum* var. *pendulum*, considerando o método genealógico na área de convênio da UENF com a PESAGRO-RIO/Estação Experimental de Campos dos Goytacazes - RJ.

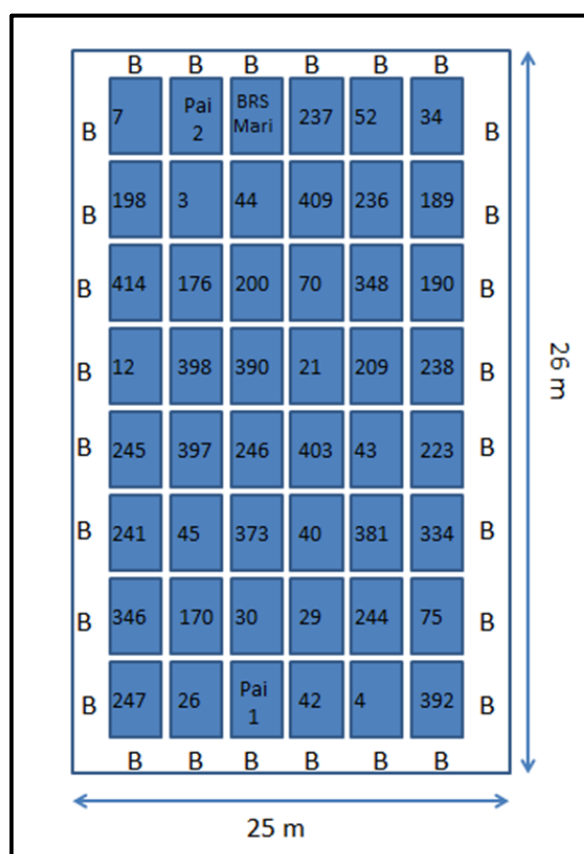


Figura 4 – Croqui do experimento de avaliação de 45 linhas $F_{2:3}$ e testemunhas de *C. baccatum* var. *pendulum*, considerando o método genealógico na área de convênio da UENF com a PESAGRO-RIO/Estação Experimental de Campos dos Goytacazes - RJ.

4.3. Fenotipagem de características agronômicas

Foram fenotipadas três características qualitativas e 13 quantitativas, avaliadas conforme descritores para *Capsicum* propostos pelo IPGRI (1995) (Tabelas 1 e 2).

Tabela 1 – Descritores de *Capsicum* utilizados para avaliar as características qualitativas de frutos de *Capsicum baccatum* var. *pendulum*. Campos dos Goytacazes - RJ, UENF, 2012.

Descritor ¹	Fenótipo
CFI	1= branco; 2= amarelo; 3= verde; 4= laranja; 5= roxo; 6= roxo escuro; 7= outros (especificar).
CFM	1= branco; 2= amarelo-limão; 3= amarelo pálido-alaranjado; 4= amarelo-alaranjado; 5= laranja pálido; 6= laranja; 7= vermelho claro; 8= vermelho; 9= vermelho escuro; 10= roxo; 11= marrom; 12= preto; 13= outros (especificar).
FFR	1= alongado; 2= quase redondo; 3= triangular; 4= campanulado; 5=retangular; 6= outros (especificar).

¹CFI (Cor do fruto no estágio imaturo - classificação feita pela última cor antes da fase de maturação); CFM (Cor do fruto no estágio maduro); FFR (Forma do Fruto).

Tabela 2 – Descritores de *Capsicum* utilizados para avaliar as características quantitativas de frutos de *Capsicum baccatum* var. *pendulum*. Campos dos Goytacazes - RJ, UENF, 2012.

Descritor ¹	Avaliação
ALP	em centímetros, com auxílio de uma trena, medindo-se a maior altura da planta quando 50% dos frutos haviam iniciado o amadurecimento
DIC	em centímetros, com trena, medindo-se o maior diâmetro da copa da planta quando 50% dos frutos haviam iniciado o amadurecimento
DFL	número de dias entre o transplante até 50% das plantas da parcela estarem com pelo menos uma flor aberta
DFR	número de dias entre o transplante até 50% das plantas da parcela estarem com frutos maduros na primeira e/ou segunda bifurcação
NFP	total de frutos por planta (neste trabalho, durante as cinco colheitas)
MMF	razão entre a massa dos frutos e o total de frutos por planta, expresso em gramas
CMF	mensurado com o auxílio de paquímetro digital, considerando-se o maior comprimento em uma amostra de cinco frutos por planta, sendo expresso em milímetros
DMF	mensurado com o auxílio de paquímetro digital, considerando o maior diâmetro em uma amostra de cinco frutos por planta, expresso em milímetros
EPF	mensurado com o auxílio de paquímetro digital, considerando a maior espessura de polpa de cinco frutos por planta, expresso em milímetros
TSS	em °BRIX aferido pelo refratômetro manual em uma amostra de cinco frutos por planta
MFF	massa total dos frutos por planta, com o auxílio da balança digital, expresso em gramas, durante as cinco colheitas
MSF	massa de dez frutos secos, expresso em gramas, após um período médio de seis dias (144 horas) em estufa de circulação fechada a 65°C
TMS	obtido pela razão entre massa seca do fruto e seu peso fresco, multiplicado por 100

¹ALP (altura da planta); DIC (diâmetro da copa); DFL (número de dias até a floração); DFR (número de dias até a frutificação); NFP (número de frutos por planta); MMF (massa média de frutos); CMF (comprimento de fruto); DMF (diâmetro do fruto); EPF (espessura da polpa por fruto); TSS (teor de sólidos solúveis); MFF (massa fresca do fruto); MSF (massa seca do fruto); TMS (teor de massa seca de fruto).

A variável **Cor do fruto no estágio maduro** (CFM) foi também avaliada com o auxílio de um colorímetro portátil Konica Minolta CR 400. Foram avaliados três frutos maduros, sendo que cada fruto foi avaliado em três pontos equidistantes para determinar os parâmetros de cor L^* , a^* , b^* e H^* . O parâmetro L^* varia de zero (preto), passando pelo cinza, até 100 (branco), a^* parte de $-a^*$ (verde) até $+a^*$ (vermelho); b^* , que parte de $-b^*$ (azul) até $+b^*$ (amarelo), e o H^* ,

que representa o ângulo da cor. A calibração do aparelho foi feita com o auxílio de placa cerâmica branca, utilizando as coordenadas $z = 93,6$; $x = 0,3133$ e $y = 0,3195$.

4.4. Análise dos dados

4.4.1. Características Qualitativas

Os dados obtidos para as características qualitativas foram analisados pela moda de cada descritor. A moda de uma distribuição é o valor que tem maior probabilidade quando X for a variável aleatória discreta (Cecon et al., 2012).

4.4.2. Características Quantitativas - Modelos Mistos

As variáveis quantitativas foram analisadas com o auxílio do programa Selegen REML/BLUP (Resende, 2006), usando o modelo 60, indicado na avaliação em um local sem delineamento experimental, para linhagens derivadas de um só cruzamento ou população F_2 , quando as linhagens são semeadas em linhas, sem repetição, e as avaliações, feitas em nível de plantas. Este modelo foi indicado para este trabalho por se tratar do método genealógico, no qual as avaliações são feitas com base em indivíduos.

O modelo misto utilizado foi $y = Xr + Za + e$

em que:

y é o vetor de valores fenotípicos;

r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); e

X e Z representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Equação de Modelos Mistos

$$\begin{matrix} R \\ a \end{matrix} = \begin{matrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + X_1\lambda_1 \end{matrix}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \cdot A^{-1}$$

A^{-1} = Matriz de parentesco genético aditivo

4.4.3. Estimação dos Componentes de Variância e Valores Genéticos

Os dados foram interpretados pela estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, seguida do ranqueamento pelos valores da nova média da população melhorada, resultado da soma da média geral do ganho genético. Na sequência, serão definidos os componentes de variância e os valores genotípicos (Resende, 2006).

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

$$\sigma_a^2 = a^1 A^{-1} a + \sigma_e^2 Tr C^{22} \quad Na$$

Tr = Operador Traço Matricial

Na = Número de indivíduos

C^{22} = Equação de modelo misto descrita anteriormente

$$\sigma_e^2 = y'y - b'x'y - aZ'y \quad N - R(X)$$

N = N^o total de observações

$$\sigma_F^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2$$

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2};$$

$$h_{mp}^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2};$$

$$h_{ad}^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2}$$

$$CV_{gi} \% = \frac{100 \overline{\sigma_a^2}}{m}$$

$$CV_e \% = \frac{100 \overline{\sigma_e^2}}{m}$$

$$Acprog = 1 - \frac{PEV}{\sigma_a^2}^{\frac{1}{2}}$$

PEV = Estimador da variância do erro de predição dos valores genéticos

$$PEV = Var a - a' = C^{22} \sigma_e^2$$

σ_a^2 é a variância genética entre famílias, equivalendo à variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância.

σ_e^2 é a variância residual.

σ_f^2 é a variância fenotípica individual.

$h_a^2 = h_2$ é a herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ou seja, equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância.

h_{mp}^2 é a herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

$Acprog$ é a acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa.

h_{ad}^2 é a herdabilidade aditiva dentro de parcela, desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$CV_{gi}\%$ é o coeficiente de variação genética aditiva individual, ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$CV_e\%$ é o coeficiente de variação residual.

Tanto a herdabilidade entre progênies quanto a herdabilidade dentro de progênies estão inflacionadas pela fração (1/4) da variância genética de dominância. Isto não deverá afetar a seleção de indivíduos, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo dos valores genéticos (Resende, 2006).

Valores Genotípicos

2. Componentes de Média (BLUP Individual)

Serão encontrados os seguintes valores genotípicos definidos a seguir:

f: valor fenotípico individual ou medição de campo;

a: efeito genético aditivo predito; e

u + a: valor genético aditivo predito.

4.4.4. Análise Multivariada - Agrupamento UPGMA

A análise multivariada refere-se às análises estatísticas que utilizam, simultaneamente, todas as variáveis ou características do conjunto de dados obtidos.

As informações múltiplas dos indivíduos foram expressas em medidas de dissimilaridade, que representam a diversidade existente no conjunto de indivíduos estudados. Como essas medidas de dissimilaridade foram baseadas em características quantitativas, foi utilizada a distância euclidiana média para a estimação da distância genética, visto conter as médias de cada indivíduo em relação aos caracteres estudados, para gerar a matriz de dissimilaridade e posteriormente agrupar os indivíduos pelo método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*) com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2013).

O ajuste entre a matriz de distância e a matriz de agrupamento foi estimado pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC), obtido pelo programa R (R *Development Core Team*, 2006), que é uma estimativa de adequação entre a matriz de distância e a matriz gráfica ou matriz de agrupamento.

Como o ranqueamento via REML/BLUP é individual, ou seja, para cada característica há um ranqueamento específico de indivíduos, foi feita a seleção dos primeiros 40 indivíduos para as características MFF e MMF. Após a identificação desses indivíduos, foram feitas duas análises de agrupamento UPGMA: a primeira considerando os 40 melhores indivíduos para a característica MFF e a segunda baseada nos 40 primeiros indivíduos para a MMF. A escolha dos indivíduos através da MFF e MMF foi feita pelo fato da produção de frutos ser uma das exigências do mercado de pimenta.

Para o agrupamento UPGMA, foi utilizada a matriz de distância genética gerada pela distância euclidiana média a partir das 13 características quantitativas: altura da planta (ALP), diâmetro da copa (DIC), dias até a floração (DFL), dias até a frutificação (DFR), número de frutos/planta (NFP), massa fresca do fruto (MFF), massa seca do fruto (MSF), massa média do fruto (MMF), comprimento médio do fruto (CMF), diâmetro médio do fruto (DMF), espessura da polpa do fruto (EPF), teor de sólidos solúveis (TSS) e teor de massa seca (TMS).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Características Qualitativas

Observou-se variabilidade para cor dos frutos nos diferentes estádios de maturação bem como na forma dos frutos (Tabela 3). Um total de 63,28% das linhas segregantes $F_{2:3}$ produziu frutos de cor laranja no estágio imaturo, enquanto 36,72% produziu frutos imaturos de cor amarela. Nos genitores P_1 e P_2 , observou-se 100% de frutos imaturos amarelos e 100% laranja, respectivamente, e para a cultivar BRS Mari, 100% de coloração laranja (Tabela 3).

Também foi observada variabilidade na cor dos frutos maduros das linhas segregantes $F_{2:3}$, com segregação entre e dentro das linhas: 58,36% das linhas segregantes produziram frutos vermelhos quando maduros; 33,44% das linhas produziram frutos maduros na cor laranja; 6,56% produziram frutos maduros vermelho claro; e 1,64% das linhas produziram frutos maduros na cor vermelho-escuro. Nestas linhas segregantes, observou-se uma graduação de cores de vermelho, de acordo com a escala de notas sugerida pelo IPGRI. Já em relação aos pais e à testemunha comercial, 100% das plantas de UENF 1616 (P_1) produziram frutos maduros na cor laranja, 100% das plantas de UENF 1732 (P_2) produziram frutos vermelhos, assim como a 'BRS Mari' (100% vermelho), mostrando a uniformidade destes genótipos para esse caráter (Tabela 3).

Até o amadurecimento dos frutos, do estágio imaturo até o maduro houve graduação de cor. Para uma melhor confirmação da cor, os frutos foram submetidos à avaliação colorimétrica (Tabela 4). O colorímetro afere as cores

através dos parâmetros L^* , a^* , b^* e H^* . O parâmetro L^* se refere à luminosidade, que varia da coloração preta ($L=0$) até a branca ($L=100$), tendo mostrado o maior valor no P_1 , que corresponde à média de 48,22, ou seja, foi o mais claro, apresentando uma cor intermediária entre amarelo e laranja na maturação.

Tabela 3 – Percentagem dos frutos para as características cor do fruto no estágio imaturo e maduro e forma do fruto em indivíduos das gerações parentais (P_1 = UENF 1616; P_2 = UENF 1732), 45 Linhas $F_{2:3}$ e genótipo comercial ‘BRS Mari’.

Cor do fruto no estágio imaturo	P_1	P_2	‘BRS Mari’	Linhas $F_{2:3}$
Amarela	100%	0	0	36,72%
Laranja	0	100%	100%	63,28%
Cor do fruto no estágio maduro	P_1	P_2	‘BRS Mari’	Linhas $F_{2:3}$
Laranja	100%	0	0	33,44%
Vermelho claro	0	0	0	6,56%
Vermelho	0	100%	100%	58,36%
Vermelho escuro	0	0	0	1,64%
Forma do fruto	P_1	P_2	‘BRS Mari’	Linhas $F_{2:3}$
Alongado	100%	0	100%	35,08%
Quase redondo	0	0	0	0,98%
Triangular	0	0	0	3,28%
Campanulado	0	0	0	51,15%
Intermediário	0	0	0	5,90%
Sino	0	100%	0	3,61%

Tabela 4 – Médias dos parâmetros L^* , a^* , b^* e H^* , obtidas pelo colorímetro para as linhas $F_{2:3}$ provenientes do cruzamento entre UENF 1616 (P_1) X UENF 1732 (P_2) de *Capsicum baccatum* var. *pendulum* e ‘BRS Mari’.

Indivíduos	Parâmetros			
	L^*	a^*	b^*	H^*
Linhas $F_{2:3}$	41,87	38,21	35,02	40,82
P_1	48,22	33,34	46,76	54,52
P_2	35,55	41,18	26,33	32,54
‘BRS Mari’	36,09	39,20	24,73	32,18

Para o parâmetro a^* (intensidade de cor que varia do verde ao vermelho), a maior média foi de 41,18 para o P_2 , seguido de 39,20 para a 'BRS Mari' e de 38,21 para as linhas segregantes $F_{2:3}$. O parâmetro b^* (intensidade de coloração do azul ao amarelo) foi de 46,76 para o P_1 . Em relação ao ângulo de cor (H^*), o P_1 obteve maior média (54,52), indicando predominância da cor amarela na fase imatura e laranja na fase madura (Tabela 4).

Observou-se que o parâmetro L^* decresceu nos indivíduos das linhas $F_{2:3}$ e também em plantas P_2 e em 'BRS Mari', que produzem frutos de cor vermelha. Resultados semelhantes foram encontrados por López Camelo e Gómes (2004), que, ao compararem os índices de cor para amadurecimento do tomate, observaram que o valor de L^* diminuiu à medida que os frutos de tomate amadureciam, ou seja, de verde para o vermelho.

Os valores do parâmetro a^* nos indivíduos avaliados aumentaram nos indivíduos P_2 e 'BRS Mari', que tinham frutos vermelhos, e diminuíram nos indivíduos que tinham frutos de coloração laranja (Linhas $F_{2:3}$ e P_1). Por sua vez, o parâmetro b^* teve os valores maiores para os indivíduos com frutos mais claros (P_1), reduzindo-se para os indivíduos que tinham frutos mais escuros (Linhas $F_{2:3}$, P_2 e 'BRS Mari').

Além de influenciar na preferência do consumidor, a cor dos frutos maduros é a principal característica para a produção de páprica (Monteiro et al., 2010).

A variação de coloração nos frutos de *Capsicum* é influenciada por vários genes. A expressão do *locus B* (dominante) resulta na expressão de alta quantidade de beta caroteno, no entanto, a interação entre o gene *t* e o gene *B* produz uma variação no nível de β -caroteno. Em frutos maduros, o gene que retém a clorofila (*cl*), quando combinado com o gene y^+ responsável pela cor vermelha, e o gene *y* promotor da cor amarela resultam em frutos marrons e frutos verde-oliva, respectivamente. Genes inibidores como *c-1* e *c-2* impedem o acúmulo dos carotenoides no fruto maduro, indicando que o controle da coloração de fruto maduro é uma característica complexa, envolvendo a ligação e/ou interação de pelo menos quatro "loci" distintos: *c-1* e *c-2* (*carotene pigment inhibitors*), *cl* (*chlorophyll retainer*) e y^+ (Silva Filho et al., 2010). Os carotenoides, tais como a capsantina e capsorubina, são responsáveis pela cor vermelha em frutos maduros de pimenta (Huh et al., 2001).

Frutos de pimenta de cor vermelha tiveram aumento de acúmulo dos níveis de carotenoides totais durante a maturação, enquanto em pimentas não vermelhas houve baixo nível de acúmulo de carotenoides em sua composição (Ha et al., 2007).

Houve variabilidade para formato do fruto: o genitor P₁ obteve 100% dos seus frutos com o formato alongado; o P₂, 100% com formato de sino; e a 'BRS Mari', 100% de frutos com formato alongado. Nas linhas F_{2:3}, o formato campanulado foi predominante com 51,15%, seguido dos formatos alongado, intermediário, sino, triangular e quase redondo, com 35,08%, 5,90%, 3,61%, 3,28% e 0,98%, respectivamente (Tabela 3). Dois formatos não previstos nos descritores do IPGRI foram observados: o formato sino, que apresenta poucas diferenças em relação ao campanulado, sendo classificado como sino, e o formato intermediário, que fica entre o alongado e o sino (Figura 5).

A variabilidade em termos de cores e formatos de frutos nas linhas segregantes foi um resultado esperado visto ser uma geração F_{2:3} oriunda de pais contrastantes para esses caracteres (Figuras 6 e 7). Como as linhas F_{2:3} pertencem a uma geração em que ainda persiste muita heterozigose, foi observada variabilidade genética não apenas entre as linhas, mas também dentro das linhas (Figuras 8, 9 e 10).

Barbosa et al. (2002), ao avaliarem espécies domesticadas do gênero *Capsicum*, cultivadas em Roraima, obtiveram variabilidade na cor e forma de frutos, ocorrendo o formato predominante o alongado, com 42,9%, seguido pelos formatos ovalado, redondo, campanulado e cônico, com 27,0%, 11,7%, 9,2% e 5,5%, respectivamente. Em relação à cor, houve maior ocorrência de frutos vermelhos, seguidos por frutos amarelos, com 64,4% e 35,6%, respectivamente.

A variabilidade de cores durante o processo de maturação dos frutos também foi encontrada por meio do método de agrupamento de Tocher e UPGMA, quando foram identificados frutos com diversas cores durante o processo de maturação, podendo ser utilizados em programas de melhoramento com finalidade ornamental (Butow et al., 2010).

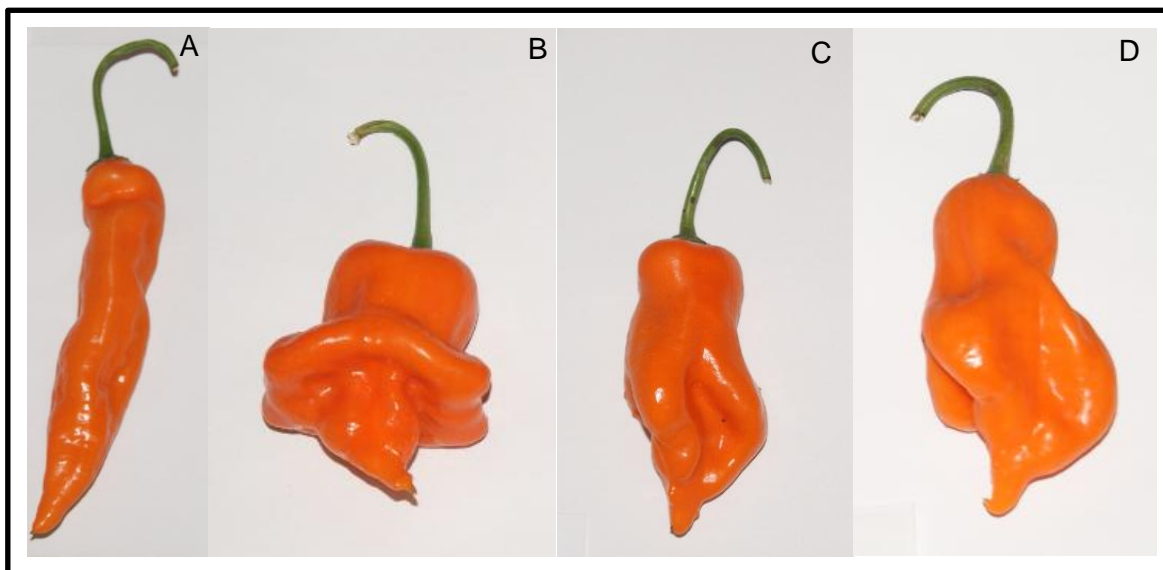


Figura 5 – Frutos de *Capsicum baccatum* var. *pendulum* nos formatos alongado (A), sino (B) e intermediário (C, D).

As características qualitativas como cor e forma do fruto são de grande importância para o mercado consumidor de pimenta, pois suas variadas cores e formas promovem um mercado diversificado que vai desde a comercialização *in natura* e conservas caseiras até a exportação de produtos industrializados (Ferrão et al., 2011).

A cor e a forma dos frutos dependem da preferência do consumidor. Os pimentões são mais comercializados ainda imaturos, na cor verde, porém há demanda por pimentões maduros nas cores vermelha, laranja, amarela, creme ou roxa (Filgueira, 2005). A forma varia entre as regiões, havendo regiões que preferem frutos com formato quadrado, enquanto outras, com formato tipo cônico. Quanto às pimentas, há também preferências, e cada região do país tem uma preferência particular quanto à forma e à cor dos frutos (Sudré et al., 2006).

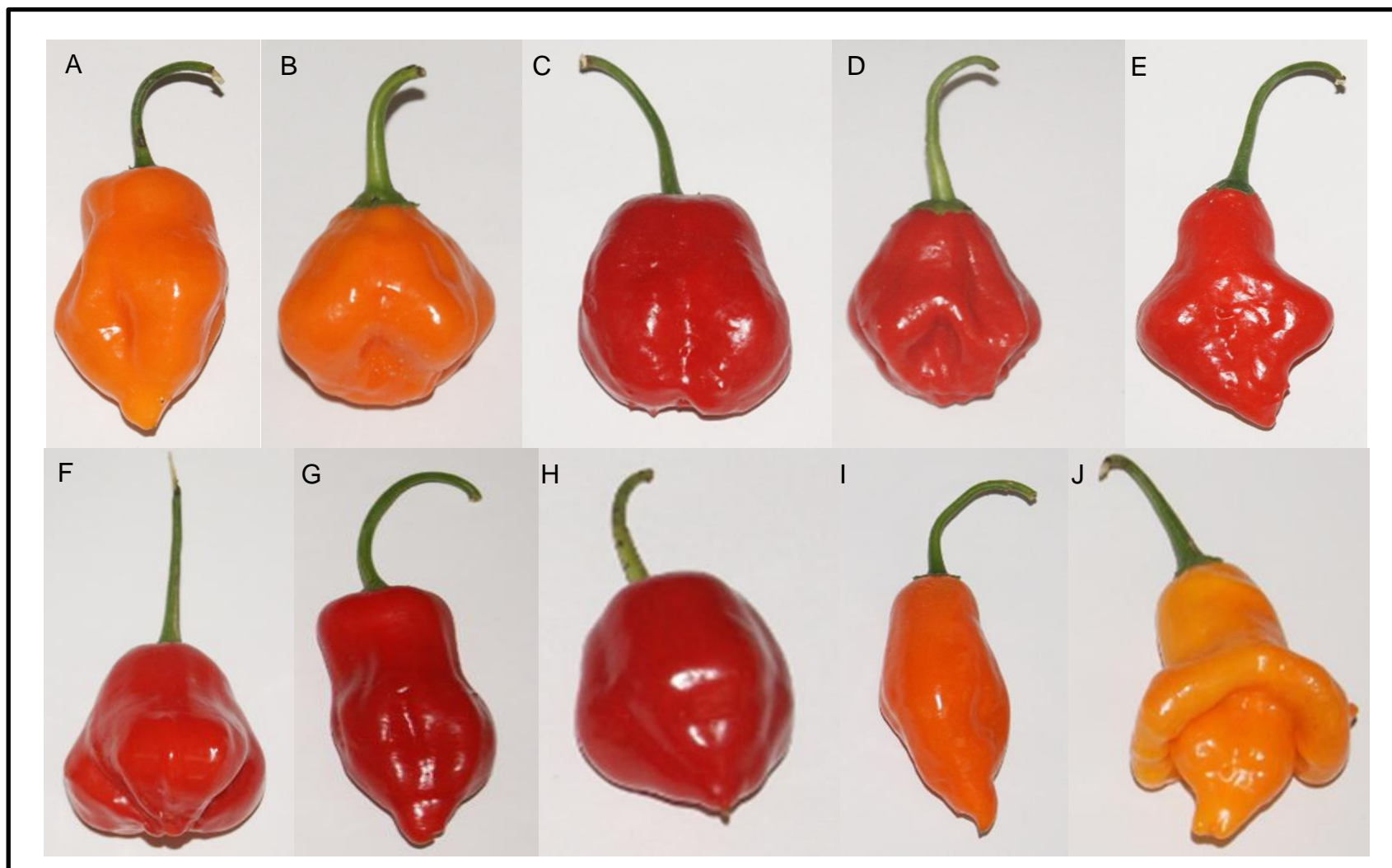


Figura 6 – Variabilidade das linhas $F_{2:3}$ dos frutos de *Capsicum baccatum* var. *pendulum*, quanto à cor e ao formato. Identificação das linhas $F_{2:3}$: A) Linha 4 - Planta 7; B) Linha 4 - Planta 4; C) Linha 7 - Planta 3; D) Linha 21 - Planta 5; E) Linha 26 - Planta 1; F) Linha 42 - Planta 5; G) Linha 44 - Planta 5; H) Linha 34 - Planta 7; I) Linha 170 - Planta 7; e J) Linha 26 - Planta 5.

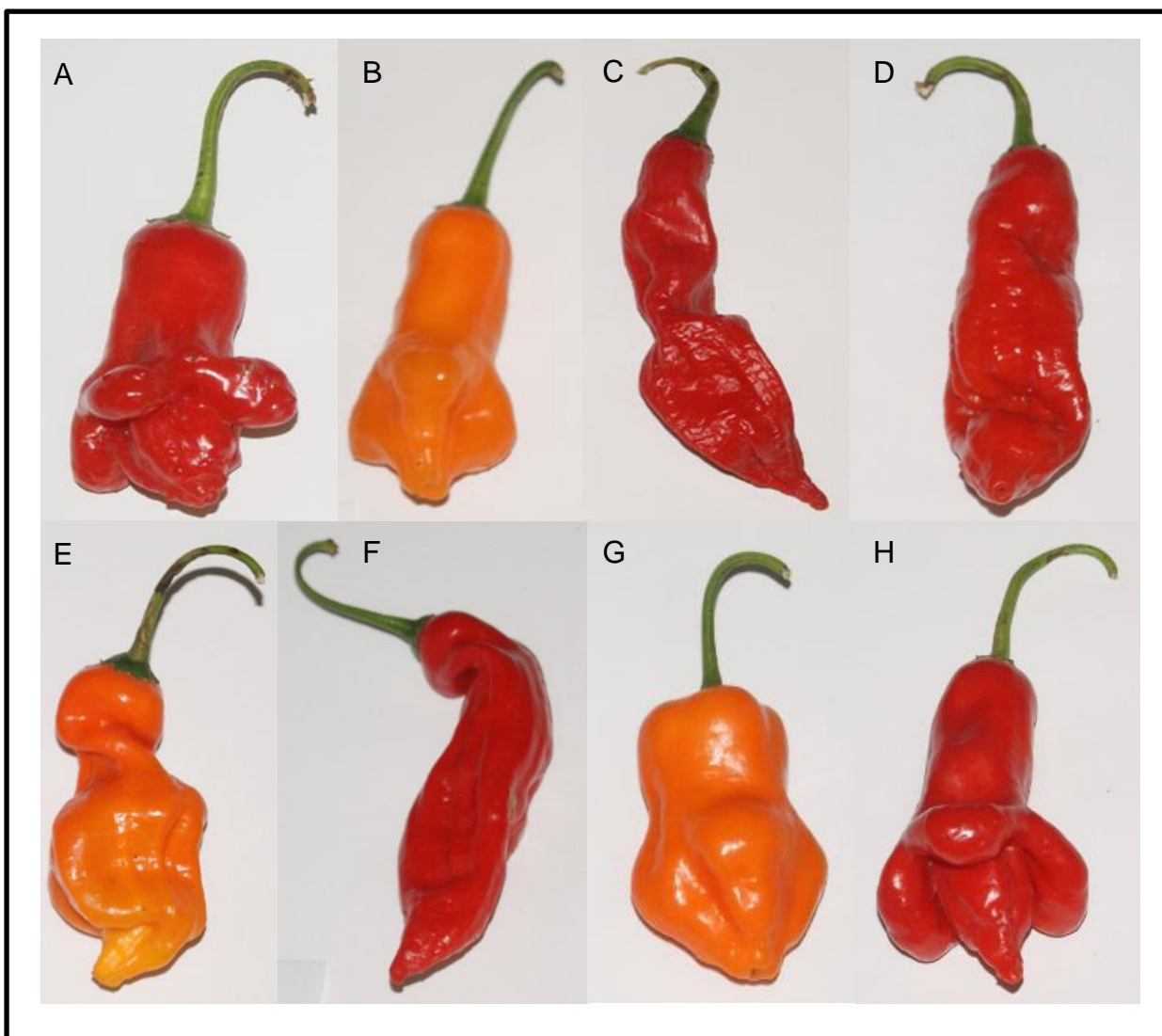


Figura 7 – Variabilidade das linhas $F_{2:3}$ dos frutos de *Capsicum baccatum* var. *pendulum* quanto à cor e formato. Identificação das linhas $F_{2:3}$: A) Linha 189 - Planta 5; B) Linha 189 - Planta 2; C) Linha 223 - Planta 5; D) Linha 223 - Planta 7; E) Linha 236 - Planta 7; F) Linha 236 - Planta 2; G) Linha 245 - Planta 7; e H) Linha 245 - Planta 2.

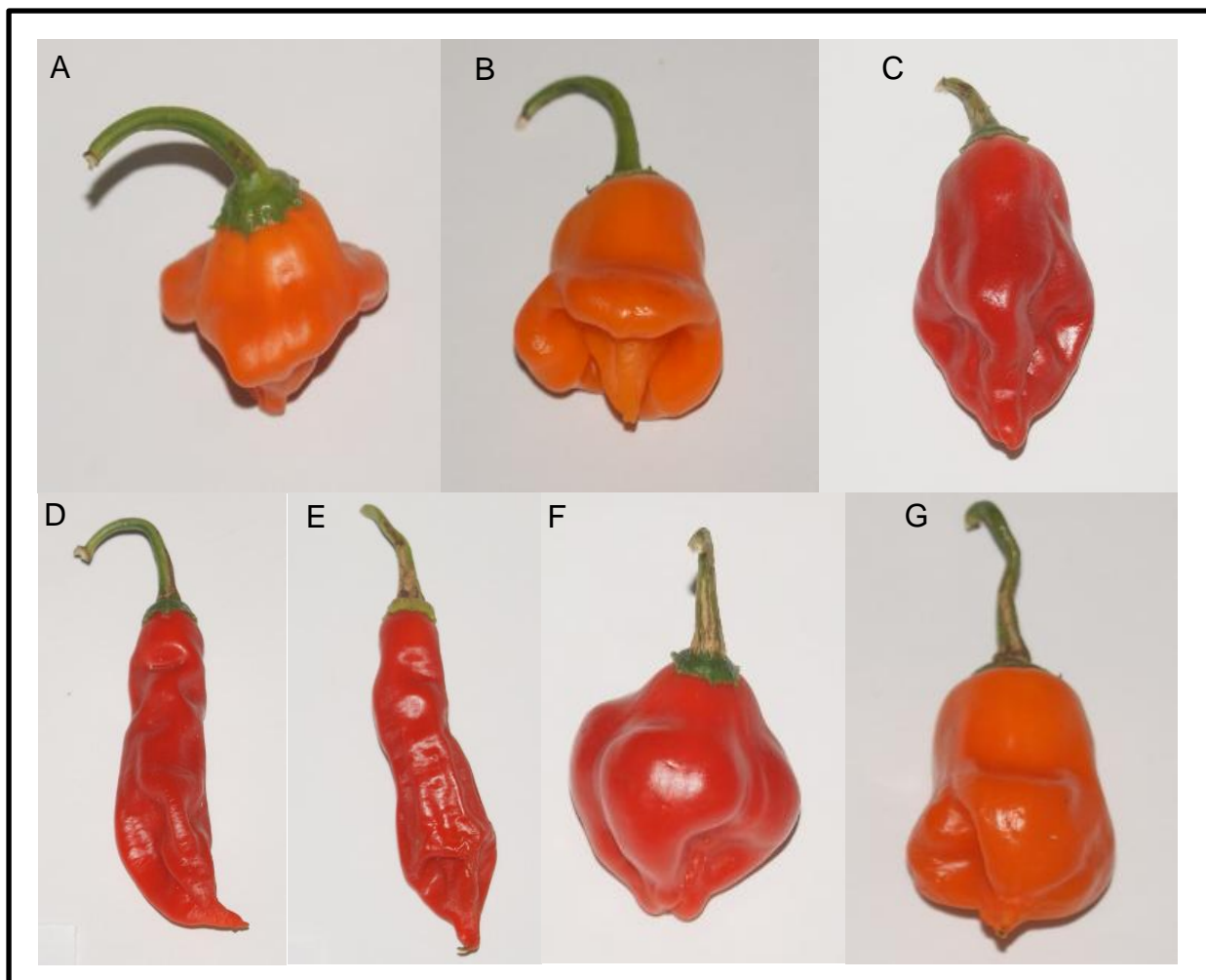


Figura 8 – Variabilidade dentro da linha F_{2:3} dos frutos de *Capsicum baccatum* var. *pendulum*, quanto à cor e formato. Linha 198: A) Planta 1; B) Planta 2; C) Planta 3; D) Planta 4; E) Planta 5; F) Planta 6; e G) Planta 7.

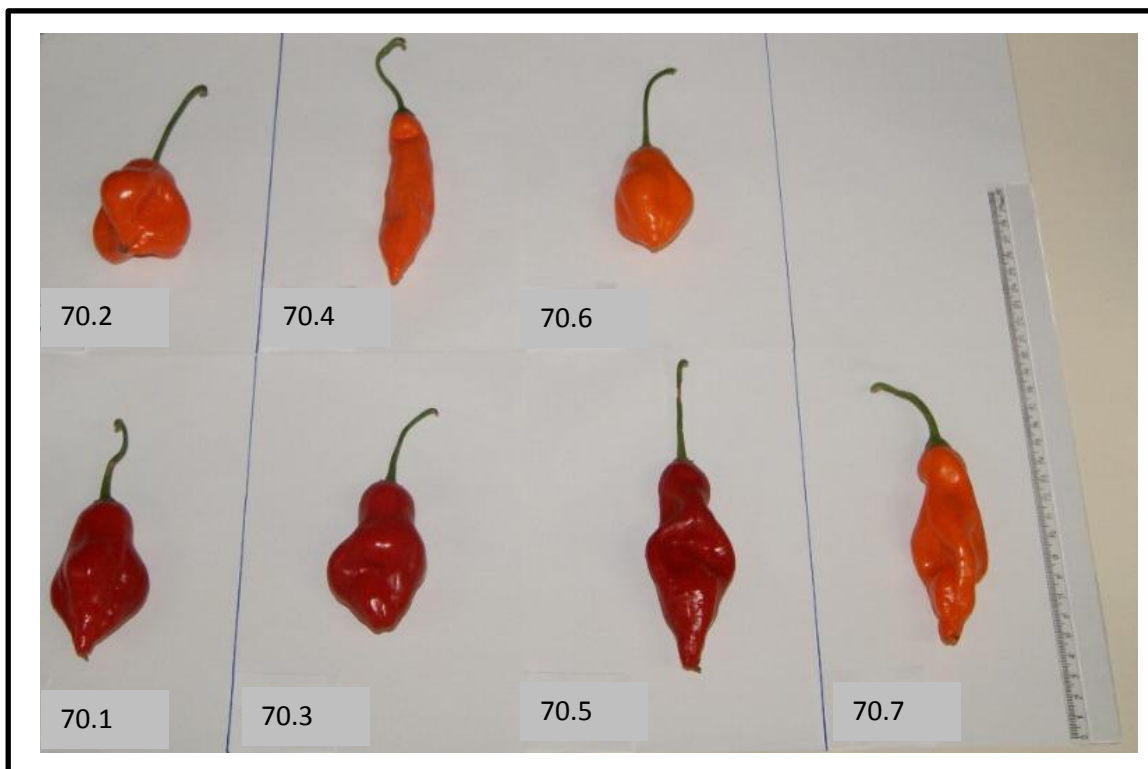


Figura 9 – Variabilidade dentro da linha $F_{2:3}$ de identificação número 70 dos frutos de *Capsicum baccatum* var. *pendulum* quanto à cor e formato.



Figura 10 - Variabilidade dentro da linha $F_{2:3}$ de identificação número 12 dos frutos de *Capsicum baccatum* var. *pendulum* quanto à cor e formato.

5.2. Características Quantitativas

5.2.1. Metodologia dos Modelos Mistos

5.2.2. Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos

Para as 13 características quantitativas avaliadas as estimativas de herdabilidade da média das progênies (h_{mp}^2) foram de alta magnitude, variando de 0,65 a 0,88, enquanto a herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) e a herdabilidade aditiva dentro da parcela (h_{ad}^2) foram de média magnitude para a maioria das características avaliadas, exceto para a MSF, que obteve alta magnitude para h_a^2 e h_{ad}^2 , com valores de 0,51 e 0,53, respectivamente (Tabela 5). Segundo Resende (2002), a herdabilidade pode ser considerada de baixa magnitude quando seu valor $h < 0,15$; de média ou moderada magnitude quando $0,15 < h < 0,50$; e de alta magnitude, com $h > 0,50$. A herdabilidade tem como importante função papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético (Falconer, 1989). Os valores de herdabilidades altos e médios encontrados neste trabalho expressam a confiança dos valores fenotípicos para a seleção de indivíduos superiores.

Em relação às estimativas de coeficientes de variação genética aditiva individual (CVgi%) que expressam em percentagem da média geral a quantidade de variação genética existente, foram observados valores variando de baixo a alto: 4,15 para a característica DFR a 29,43 para o caráter NFP. As características ALP, DIC, DRF, TSS e TMS obtiveram valores baixos, porém DFL, MMF, DMF, EPF e MSF tiveram valores médios, enquanto para NFP, CMP e MFF foram registrados altos valores de CVgi, 29,43%, 23,86% e 28,39%, respectivamente. Esses resultados mostram que existe variabilidade genética nas linhas $F_{2:3}$ estudadas com possibilidade de seleção para a maioria dos caracteres. As altas estimativas de variância fenotípica (σ_f^2) e de variância genética entre as famílias (σ_a^2) para as características NFP, TMS, CMF DIC e ALP evidenciam também a variabilidade genética existente, indicando que as linhas $F_{2:3}$ apresentam potencial para seleção de indivíduos (Tabela 5).

Em qualquer cultura, para que ocorra a seleção de características de interesse para o melhoramento, é fundamental que exista variabilidade genética na população. Além disso, o método de seleção adotado, as correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres, o tipo de ação gênica envolvida e a

Tabela 5 - Estimativa dos componentes de variância (REML) e parâmetros genéticos para 13 características em 45 linhas F_{2:3} e testemunhas (UENF 1616, UENF 1732 e 'BRS Mari') de *Capsicum baccatum* var. *pendulum*. Campos dos Goytacazes - RJ, UENF, 2012.

Parâmetros ¹	Características agrônomicas ²												
	ALP	DIC	DFL	DFR	NFP	MMF	CMF	DMF	EPF	TSS	MFF	MSF	TMS
σ_a^2	43,79	102,27	27,4	18,25	1498,76	4,87	411,39	42,89	0,17	0,48	0,12	10,03	665,43
σ_e^2	146,89	146,33	32,32	57,22	1731,29	6,82	557,56	54,33	0,21	0,80	0,11	9,47	2043,97
σ_f^2	190,68	248,59	59,72	75,47	3230,04	11,69	968,95	97,22	0,38	1,29	0,23	19,51	2709,4
h_a^2	0,23	0,41	0,46	0,24	0,46	0,42	0,42	0,44	0,44	0,37	0,51	0,51	0,24
h_{mp}^2	0,68	0,83	0,85	0,69	0,86	0,83	0,84	0,85	0,85	0,81	0,88	0,88	0,69
h_{ad}^2	0,15	0,35	0,42	0,16	0,43	0,36	0,37	0,39	0,39	0,30	0,52	0,53	0,16
Acprog	0,82	0,91	0,92	0,83	0,93	0,91	0,91	0,92	0,92	0,89	0,94	0,94	0,83
CV _{gi} (%)	8,91	9,79	11,98	4,15	29,43	16,92	23,86	17,28	15,73	7,55	28,39	15,57	5,31
CV _e (%)	16,32	11,71	13,01	7,34	31,63	20,02	27,78	19,45	17,73	9,72	27,92	15,13	9,31
Média Geral	74,25	103,27	43,68	103,02	131,57	13,05	85,01	37,89	2,61	9,23	1,21	20,34	485,50

¹ - variância genética entre famílias (σ_a^2), variância residual (σ_e^2), variância fenotípica (σ_f^2), herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2), herdabilidade da média da progênie (h_{mp}^2), herdabilidade aditiva dentro da parcela (h_{ad}^2), acurácia da seleção da progênie, assumindo sobrevivência completa (Acprog), coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}%), coeficiente de variação residual (CV_e %) e média geral.

²ALP = Altura de planta; DIC = Diâmetro da copa; DFL = Dias até o florescimento; DFR = Dias até a frutificação; NFP = Número de frutos por planta; MMF = Massa média do fruto; CMF = Comprimento médio do fruto; DMF = Diâmetro médio do fruto; EPF = Espessura da polpa do fruto; TSS = Teor de sólidos solúveis; MFF = Massa fresca do fruto; MSF = Massa seca do fruto; e TMS = Teor de massa seca do fruto.

precisão experimental também desempenham papel relevante no sucesso de um programa de melhoramento (Paiva et al., 2002).

O coeficiente de variação residual (CVe), para as 13 características avaliadas, variou de 7,34% a 31,63%. Segundo Gomes e Garcia (2002), estes valores são considerados muito altos para NFP, altos para MMF, CMF e MFF, médios para ALP, DIC, DFL, DMF, EPF e MSF e baixos para DFR, TSS e TMS. Os coeficientes de variação são classificados de baixa, média e alta precisão experimental. Contudo, esta estatística não leva em consideração características específicas da cultura, a heterogeneidade do solo, o tamanho da parcela, o número de repetições do experimento bem como outras fontes de variação que causam aumento da variância residual. Para contornar esses problemas, têm sido propostos critérios para estabelecer os respectivos limites das faixas de precisão experimental para diversas culturas (Garcia, 1989; Amaral et al., 1997; Carvalho et al., 2003; Fritsche-Neto et al., 2012; Couto et al., 2013).

Para a cultura da pimenta, Silva et al. (2011b) avaliaram o coeficiente de variação das variáveis peso médio do fruto (PMF), comprimento do fruto (CF), comprimento do pedúnculo (CP), maior diâmetro do fruto (MADF), menor diâmetro do fruto (MEDF) e espessura do pericarpo (EP), tendo concluído que a classificação do coeficiente de variação de variáveis morfológicas de pimenteiros do gênero *Capsicum* depende da variável em estudo, ou seja, cada variável tem classificações específicas que levam em consideração a natureza das variáveis. As faixas de classificação do CV, obtidas para as seis variáveis, foram distintas daquelas da classificação geral, proposta por Gomes (2000). Para PMF: $CV \leq 12,22$ (baixo), $12,22 < CV \leq 23,80$ (médio), $23,80 < CV \leq 29,59$ (alto) e $CV > 29,59$ (muito alto). Para CF: $CV \leq 8,23$ (baixo), $8,23 < CV \leq 14,01$ (médio), $14,01 < CV \leq 17,90$ (alto) e $CV > 17,90$ (muito alto). Para CP: $CV \leq 8,49$ (baixo), $8,49 < CV \leq 14,57$ (médio), $14,57 < CV \leq 17,61$ (alto) e $CV > 17,61$ (muito alto). Para MADF: $CV \leq 6,61$ (baixo), $6,61 < CV \leq 11,63$ (médio), $11,63 < CV \leq 14,14$ (alto) e $CV > 14,14$ (muito alto). Para MEDF: $CV \leq 13,72$ (baixo), $13,72 < CV \leq 24,56$ (médio), $24,56 < CV \leq 29,98$ (alto) e $CV > 29,98$ (muito alto). Para EP: $CV \leq 12,29$ (baixo), $12,29 < CV \leq 24,73$ (médio), $24,73 < CV \leq 30,95$ (alto) e $CV > 30,95$ (muito alto).

A acurácia da seleção da progênie variou de 0,82% para Altura de Planta a 0,94% para Massa Fresca e Massa Seca do Fruto (Tabela 5). Os valores obtidos para acurácia mostram precisão experimental muito alta, pois valores de acurácia

próximos à unidade ou a 100% são os mais adequados (Resende e Duarte, 2007). A acurácia é uma medida que está associada à precisão na seleção, referindo-se à correlação entre os valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos, estando ligada à herdabilidade do caráter (Resende, 2002).

A acurácia seletiva é um dos parâmetros mais relevantes para a avaliação da qualidade de um experimento, por levar em consideração não somente o número de repetições e a variação ambiental, mas também a proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação. Este parâmetro se refere à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito pelas informações experimentais. Os programas de melhoramento devem ser abordados do ponto de vista genético e estatístico, não apenas sob a perspectiva estatística, pois a avaliação de tratamentos genéticos em experimentos de campo tem dois objetivos: inferir sobre os valores genotípicos desses materiais e ordená-los com base em seus valores genotípicos para fins de seleção (Resende e Duarte, 2007).

5.2.3. Seleção e Estimativas dos Ganhos via BLUP

A seleção dos indivíduos foi feita considerando o ordenamento com base nos valores de efeito genético aditivo predito e a nova média da população melhorada, resultado da soma da média geral do ganho genético. Neste trabalho, observou-se que a nova média de cada indivíduo selecionado apresenta valores bem próximos aos seus valores genéticos aditivos preditos, sendo de interesse para seleção de indivíduos na condução de métodos de melhoramento (Tabelas 6 a 18). Valores genéticos preditos em relação aos indivíduos candidatos possibilitam estabelecer a melhor estratégia para o aumento da eficiência do melhoramento (Simeão et al., 2002).

Foram selecionadas 40% das linhas existentes para cada característica quantitativa avaliada, correspondendo à seleção de 20 linhas (seleção entre as linhas $F_{2:3}$), e uma planta dentro de cada linha, para compor a população que dará prosseguimento ao programa de melhoramento. A seleção ocorreu entre e dentro das linhas, pois na geração $F_{2:3}$ em estudo persiste muita heterozigose, de tal maneira que ainda é provável que as plantas dentro das famílias ou linhas difiram uma das outras geneticamente (Allard, 1961).

Tabela 6 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter ALP (cm). Campos dos Goytacazes-RJ, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	236	1	41,00	-13,37	60,88	0,00	74,25
2	34	2	44,00	-13,20	61,05	0,05	74,30
3	409	7	56,00	-10,81	63,44	0,30	74,56
4	244	4	49,00	-10,05	64,20	0,51	74,77
5	238	1	44,00	-9,56	64,70	0,61	74,87
6	392	7	34,00	-9,32	64,93	0,68	74,93
7	241	5	51,00	-8,82	65,44	0,71	74,97
8	390	6	45,00	-8,26	65,99	0,87	75,12
9	397	3	54,00	-8,19	66,07	0,90	75,15
10	P ₁	7	59,00	-8,06	66,19	0,93	75,18
11	346	1	54,00	-7,40	66,85	1,26	75,51
12	189	6	54,00	-7,25	67,01	1,35	75,60
13	44	3	60,00	-7,04	67,21	1,44	75,69
14	21	1	56,00	-6,29	67,96	1,77	76,02
15	200	4	46,00	-5,65	68,61	2,04	76,29
16	334	7	56,00	-5,63	68,62	2,07	76,32
17	75	7	59,00	-5,63	68,62	2,10	76,35
18	3	7	59,00	-5,43	68,82	2,16	76,41
19	7	3	57,00	-5,40	68,85	2,19	76,44
20	12	5	49,00	-4,43	69,82	2,91	77,17

Tabela 7 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter DIC (cm). Campos dos Goytacazes-RJ, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	70	5	60,00	-30,62	72,65	-0,11	103,16
2	409	1	71,00	-22,29	80,97	0,39	103,66
3	237	6	71,00	-20,83	82,44	0,46	103,73
4	200	2	74,00	-19,62	83,65	0,66	103,93
5	21	1	75,00	-18,50	84,76	0,85	104,11
6	34	1	79,00	-16,73	86,54	1,09	104,36
7	44	5	80,00	-16,45	86,81	1,15	104,41
8	3	7	76,00	-16,36	86,91	1,26	104,53
9	189	3	73,00	-15,98	87,29	1,43	104,70
10	390	7	78,00	-14,27	89,00	1,89	105,16
11	392	7	84,00	-13,95	89,32	2,00	105,27
12	236	1	79,00	-12,09	91,18	2,58	105,85
13	241	3	79,00	-11,57	91,70	2,74	106,01
14	75	4	74,00	-11,47	91,79	2,90	106,16
15	247	2	82,00	-10,84	92,43	3,05	106,32
16	45	7	82,00	-10,61	92,66	3,10	106,37
17	334	6	82,00	-10,19	93,07	3,41	106,68
18	P ₂	6	84,00	-8,95	94,31	3,97	107,23
19	373	4	80,00	-7,78	95,49	4,36	107,63
20	7	2	83,00	-7,15	96,12	4,46	107,73

Tabela 8 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter DFL (dias). Campos dos Goytacazes-RJ, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	398	1	14,00	-15,69	27,99	0,01	43,69
2	3	7	20,00	-14,25	29,43	0,06	43,74
3	381	5	24,00	-10,69	32,99	0,10	43,79
4	247	2	35,00	-6,88	36,81	0,23	43,91
5	409	2	35,00	-6,64	37,04	0,25	43,94
6	4	3	35,00	-6,51	37,17	0,32	44,00
7	29	3	35,00	-6,37	37,31	0,34	44,02
8	75	2	32,00	-6,27	37,41	0,38	44,07
9	246	2	37,00	-5,44	38,24	0,53	44,21
10	70	7	36,00	-5,07	38,61	0,70	44,39
11	334	3	36,00	-4,96	38,72	0,76	44,44
12	241	5	35,00	-4,83	38,85	0,80	44,48
13	236	4	38,00	-4,74	38,94	0,86	44,54
14	346	1	34,00	-4,43	39,26	1,01	44,70
15	238	1	37,00	-4,32	39,36	1,09	44,78
16	21	5	35,00	-4,19	39,49	1,13	44,81
17	392	7	38,00	-4,08	39,60	1,23	44,91
18	P ₁	6	36,00	-3,68	40,01	1,49	45,17
19	40	6	37,00	-3,53	40,15	1,55	45,23
20	42	3	38,00	-3,34	40,35	1,65	45,34

Tabela 9 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter DFR (dias). Campos dos Goytacazes-RJ, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	26	3	64,00	-9,28	93,74	0,02	103,05
2	398	1	75,00	-6,93	96,10	0,05	103,07
3	246	7	93,00	-6,05	96,97	0,07	103,10
4	241	5	91,00	-4,85	98,18	0,14	103,17
5	392	4	93,00	-4,63	98,40	0,18	103,20
6	245	4	91,00	-4,36	98,66	0,23	103,26
7	244	2	91,00	-4,35	98,67	0,25	103,27
8	3	1	91,00	-4,21	98,81	0,29	103,32
9	29	2	91,00	-4,10	98,92	0,32	103,35
10	348	1	93,00	-4,06	98,97	0,35	103,38
11	238	1	93,00	-3,81	99,21	0,47	103,49
12	70	4	93,00	-3,71	99,31	0,55	103,58
13	176	6	93,00	-3,58	99,44	0,63	103,65
14	414	7	97,00	-3,50	99,52	0,64	103,67
15	247	2	93,00	-3,38	99,64	0,70	103,72
16	45	7	97,00	-3,36	99,66	0,71	103,74
17	236	4	93,00	-3,05	99,97	0,83	103,85
18	4	2	98,00	-2,99	100,04	0,89	103,91
19	373	4	98,00	-2,83	100,19	1,02	104,04
20	381	4	98,00	-2,75	100,27	1,08	104,10

Tabela 10 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter NFP (frutos). Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	BRS	6	588,00	278,49	410,05	278,49	410,05
2	P ₂	4	440,00	142,50	274,06	184,40	315,97
3	30	2	280,00	95,94	227,50	148,51	280,07
4	29	7	287,00	94,12	225,68	143,07	274,63
5	26	2	246,00	86,49	218,06	137,92	269,49
6	42	6	250,00	80,03	211,59	129,45	261,02
7	247	5	261,00	78,71	210,27	122,76	254,32
8	45	4	242,00	69,35	200,92	110,51	242,07
9	381	2	215,00	56,26	187,82	101,01	232,57
10	43	2	207,00	53,49	185,06	96,06	227,63
11	245	6	237,00	49,85	181,41	93,04	224,61
12	403	3	170,00	35,48	167,04	73,29	204,86
13	4	7	216,00	34,45	166,02	71,07	202,63
14	397	7	209,00	32,19	163,75	67,14	198,70
15	236	3	187,00	29,69	161,26	66,50	198,07
16	346	5	191,00	28,78	160,35	65,87	197,44
17	52	7	188,00	20,60	152,16	58,28	189,84
18	170	2	163,00	18,72	150,28	57,23	188,79
19	40	6	170,00	18,34	149,91	56,22	187,78
20	244	7	190,00	16,31	147,88	55,22	186,78

Tabela 11 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter MMF (g). Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	42	5	24,91	6,31	19,36	6,31	19,36
2	237	4	22,95	5,49	18,54	5,90	18,95
3	170	5	20,45	5,40	18,45	5,73	18,78
4	398	6	20,45	4,17	17,22	4,93	17,98
5	200	6	19,66	3,85	16,89	4,74	17,78
6	244	4	19,94	3,71	16,75	4,64	17,69
7	34	3	23,23	3,56	16,61	4,48	17,53
8	373	2	17,26	3,20	16,24	4,26	17,31
9	176	6	17,16	3,03	16,08	3,88	16,93
10	346	4	19,32	3,01	16,06	3,82	16,86
11	334	5	18,23	2,94	15,99	3,73	16,78
12	397	2	18,04	2,83	15,88	3,63	16,67
13	P ₁	1	18,54	2,71	15,76	3,53	16,58
14	12	2	19,00	2,43	15,48	3,39	16,44
15	223	4	17,96	2,16	15,21	3,20	16,24
16	238	7	18,48	2,14	15,18	3,18	16,22
17	40	7	19,58	2,13	15,17	3,16	16,20
18	70	6	16,91	2,10	15,15	3,14	16,18
19	4	5	16,58	1,97	15,02	3,10	16,14
20	189	2	15,95	1,73	14,78	2,94	15,99

Tabela 12 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter CMF (mm). Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	29	5	167,40	53,09	138,10	53,09	138,10
2	244	5	164,53	47,25	132,26	50,17	135,18
3	373	4	146,18	44,49	129,50	47,38	132,39
4	237	2	150,10	42,74	127,75	46,61	131,62
5	397	7	150,00	37,71	122,72	42,90	127,91
6	43	1	135,99	33,48	118,49	40,41	125,42
7	176	5	145,19	31,26	116,27	39,14	124,15
8	381	3	151,18	31,02	116,03	38,77	123,78
9	392	1	146,79	30,64	115,65	38,10	123,11
10	21	7	127,51	27,75	112,76	35,49	120,50
11	75	7	142,46	27,72	112,74	35,27	120,28
12	247	3	142,92	27,31	112,32	34,84	119,85
13	30	5	124,55	26,99	112,00	34,45	119,46
14	236	2	125,48	25,89	110,90	33,67	118,68
15	334	2	137,81	24,33	109,34	32,31	117,32
16	170	2	136,89	24,00	109,01	31,85	116,87
17	238	1	145,08	23,42	108,43	31,56	116,57
18	45	6	116,09	22,95	107,96	31,41	116,42
19	189	7	154,55	20,57	105,58	30,04	115,05
20	246	4	133,21	20,47	105,48	29,89	114,91

Tabela 13 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter DMF (mm). Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	40	7	68,43	21,52	59,41	21,52	59,41
2	4	3	60,06	15,34	53,23	18,24	56,14
3	42	4	56,03	15,32	53,21	17,76	55,65
4	26	2	53,96	11,71	49,60	14,91	52,81
5	P ₂	7	57,14	11,56	49,45	14,75	52,65
6	414	1	53,47	10,14	48,03	14,20	52,09
7	245	2	53,62	8,95	46,84	13,84	51,73
8	398	2	54,35	8,65	46,55	13,47	51,36
9	200	1	53,00	8,63	46,52	13,30	51,20
10	409	4	57,89	8,21	46,11	12,57	50,46
11	246	3	52,86	7,63	45,52	11,96	49,86
12	241	5	51,71	7,62	45,51	11,85	49,75
13	247	4	51,63	7,49	45,38	11,75	49,64
14	70	2	51,17	7,47	45,36	11,65	49,54
15	223	6	52,78	7,00	44,89	11,54	49,43
16	334	6	53,57	6,97	44,86	11,43	49,33
17	397	6	51,29	6,96	44,85	11,24	49,13
18	238	2	51,71	6,84	44,74	10,89	48,78
19	12	2	54,14	6,81	44,70	10,81	48,70
20	29	2	54,87	6,22	44,12	10,41	48,31

Tabela 14 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter EPF (mm). Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	200	7	4,48	1,35	3,96	1,35	3,96
2	209	5	4,93	1,33	3,94	1,34	3,95
3	189	2	4,33	1,14	3,75	1,26	3,87
4	170	4	4,11	0,91	3,52	1,10	3,71
5	40	6	4,09	0,89	3,49	1,09	3,69
6	403	1	4,00	0,71	3,32	0,99	3,60
7	42	6	3,55	0,71	3,31	0,98	3,59
8	334	1	3,78	0,66	3,27	0,94	3,54
9	241	6	3,51	0,58	3,19	0,89	3,50
10	70	3	3,66	0,50	3,10	0,80	3,41
11	4	4	3,74	0,49	3,10	0,79	3,40
12	190	3	3,78	0,48	3,09	0,79	3,39
13	392	6	3,33	0,48	3,09	0,78	3,39
14	346	7	3,60	0,47	3,07	0,76	3,37
15	26	2	3,26	0,46	3,07	0,74	3,35
16	223	1	3,76	0,46	3,06	0,74	3,34
17	348	4	3,44	0,44	3,05	0,72	3,33
18	44	7	3,66	0,44	3,04	0,72	3,32
19	52	5	3,20	0,43	3,03	0,71	3,31
20	397	1	3,46	0,40	3,01	0,69	3,30

Tabela 15 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter TSS (°Brix). Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	409	1	12,40	2,07	11,29	2,07	11,29
2	236	4	12,10	1,97	11,20	2,02	11,24
3	198	5	14,30	1,96	11,19	2,00	11,23
4	45	5	12,40	1,13	10,35	1,65	10,87
5	403	5	11,40	1,12	10,35	1,62	10,84
6	P ₁	7	10,80	1,11	10,34	1,59	10,81
7	244	5	11,60	0,97	10,20	1,45	10,67
8	29	3	11,30	0,94	10,17	1,43	10,65
9	12	5	12,20	0,94	10,17	1,41	10,63
10	223	7	11,00	0,83	10,05	1,34	10,56
11	390	3	10,80	0,77	9,99	1,30	10,53
12	190	5	11,40	0,77	9,99	1,29	10,51
13	346	4	10,20	0,76	9,99	1,27	10,50
14	21	4	10,80	0,76	9,98	1,24	10,47
15	26	3	10,50	0,75	9,97	1,23	10,45
16	7	6	10,90	0,74	9,97	1,22	10,44
17	4	6	11,70	0,74	9,97	1,20	10,43
18	30	7	10,60	0,69	9,91	1,10	10,32
19	43	2	10,60	0,65	9,87	1,07	10,30
20	52	4	10,60	0,65	9,87	1,06	10,29

Tabela 16 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter MFF (g). Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	42	6	3094	1495,87	2706,64	1495,87	2706,64
2	26	3	2899	1290,62	2501,39	1372,10	2582,87
3	247	5	2629	1008,30	2219,07	1249,92	2460,69
4	4	7	2801	869,47	2080,23	1116,08	2326,85
5	29	6	2317	762,38	1973,15	1047,24	2258,01
6	346	7	2505	707,66	1918,43	1022,99	2233,76
7	170	3	2023	675,33	1886,09	963,10	2173,87
8	244	7	2392	606,22	1816,99	889,43	2100,20
9	40	7	2339	475,42	1686,19	817,61	2028,38
10	398	6	1813	453,30	1664,07	804,60	2015,37
11	334	5	1874	443,79	1654,55	792,16	2002,93
12	209	7	2098	438,96	1649,72	780,39	1991,16
13	43	3	1774	400,07	1610,84	737,50	1948,27
14	245	6	1796	357,54	1568,31	691,08	1901,84
15	238	6	1691	349,51	1560,28	666,82	1877,59
16	392	2	1708	323,00	1533,77	637,85	1848,61
17	70	2	1677	317,67	1528,44	618,34	1829,11
18	397	1	1624	307,94	1518,71	606,22	1816,99
19	176	4	1646	295,15	1505,91	583,79	1794,56
20	373	5	1732	279,45	1490,22	568,24	1779,01

Tabela 17 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter MSF (g). Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	P ₁	1	31,12	8,21	28,55	8,21	28,55
2	42	7	32,27	8,03	28,38	8,12	28,46
3	170	3	29,32	7,38	27,72	7,82	28,17
4	4	4	31,88	7,23	27,57	7,70	28,05
5	237	3	28,32	6,96	27,30	7,50	27,84
6	223	7	30,12	6,39	26,73	7,23	27,57
7	373	1	28,68	5,93	26,27	6,88	27,22
8	398	2	28,70	5,89	26,24	6,81	27,16
9	200	7	28,62	5,66	26,00	6,58	26,93
10	12	2	28,17	5,03	25,37	6,25	26,60
11	244	4	27,63	4,60	24,94	5,97	26,31
12	403	6	28,34	4,45	24,79	5,83	26,18
13	189	1	27,28	4,28	24,63	5,62	25,96
14	346	4	26,23	3,95	24,29	5,45	25,79
15	176	3	25,19	3,90	24,24	5,41	25,76
16	7	4	25,78	3,73	24,08	5,38	25,72
17	246	3	25,71	3,47	23,81	5,06	25,41
18	198	6	26,28	3,40	23,74	5,01	25,35
19	209	5	25,14	3,14	23,48	4,87	25,22
20	26	5	24,85	3,09	23,44	4,82	25,16

Tabela 18 – Valores fenotípicos (f), efeitos genéticos (a) e valores genéticos aditivos preditos (u+a), ganho genético e nova média das 20 melhores linhas F_{2:3} e plantas dentro das linhas para o caráter TMS (g). Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

Ordem	Linha	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média
1	334	7	633,83	70,73	556,23	70,73	556,23
2	200	4	624,93	61,85	547,34	64,85	550,35
3	3	7	650,21	43,15	528,65	56,08	541,58
4	52	1	595,28	38,69	524,19	54,99	540,49
5	392	7	616,75	36,36	521,85	53,90	539,39
6	348	4	631,72	35,11	520,61	52,85	538,35
7	398	7	592,19	32,36	517,86	50,02	535,51
8	236	1	552,89	30,45	515,94	49,13	534,62
9	397	3	563,29	28,70	514,20	47,49	532,98
10	247	5	555,45	28,70	514,20	46,74	532,23
11	30	2	599,87	27,37	512,86	44,71	530,20
12	198	1	536,42	26,60	512,09	44,08	529,58
13	176	2	528,58	23,22	508,71	40,76	526,26
14	34	5	601,15	22,83	508,32	40,26	525,76
15	42	5	551,83	19,98	505,48	35,29	520,79
16	75	6	528,40	19,23	504,73	33,33	518,83
17	238	3	534,36	18,53	504,03	31,32	516,82
18	70	2	558,60	18,42	503,91	31,13	516,62
19	40	7	572,78	17,06	502,55	29,53	515,03
20	BRS	2	524,58	16,86	502,36	29,20	514,70

Para o manejo de pimentais, menor altura de planta (ALP), diâmetro de copa (DIC) reduzido, precocidade quanto ao florescimento (DFL) e frutificação (DFR) facilitam os tratos culturais e a aplicação de defensivos, podendo até reduzir as quantidades de produtos químicos no combate a pragas e doenças. O conhecimento prévio da altura média da planta e do diâmetro de sua copa também é importante para a definição do espaçamento mais adequado e para a necessidade de tutoramento, o que influencia no gasto com mão de obra e na produtividade (Bento et al., 2007).

Como valores menores de ALP, DIC, DFL e DFR são mais desejáveis, foi feito o ordenamento das linhas de forma crescente para a seleção via BLUP, tendo resultado em linhas $F_{2:3}$ superiores às testemunhas, pois os indivíduos $F_{2:3}$ obtiveram as primeiras posições no ordenamento via BLUP para essas características em avaliação, enquanto a testemunha P_1 obteve a 10^o e 18^o posição para as características ALP e DFL, respectivamente, e o P_2 obteve a 18^o posição para DIC (Tabelas 6 a 9).

A seleção dos indivíduos para as características NFP, MMF, CMF, DMF, EPF, TSS MFF, MSF e TMS foi feita considerando o ordenamento decrescente, pois médias elevadas para essas características são de interesse para o mercado produtivo de pimentas.

Com relação à resposta das testemunhas (pais e 'BRS Mari'), observou-se que 'BRS Mari' obteve melhor resultado que os demais genótipos apenas para produção de número de frutos por planta (NFP), o que está relacionado ao menor tamanho do fruto desta cultivar quando comparado com as demais linhas, ou seja, houve maior produção de frutos, porém de tamanho muito menor que os demais genótipos em teste (Tabela 10). Segundo Carvalho et al. (2009), a 'BRS Mari' tem grande potencial produtivo, podendo alcançar cerca de 35 t ha⁻¹ em seis meses de produção. Quanto às demais características MMF, CMF, DMF, EPF, TSS, MFF, MSF e TMS, os valores registrados para as linhas $F_{2:3}$ foram superiores às testemunhas (Tabelas 11 a 18), indicando a possibilidade de seleção de indivíduos potencialmente mais atrativos para atender às demandas do mercado.

Quanto à resposta dos pais, observou-se que o P_1 e o P_2 se destacaram das demais linhas em relação às características MSF e NFP (Tabelas 17 e 10).

5.3. Análise Multivariada - Agrupamento UPGMA

O ajustamento das matrizes de dissimilaridade e de agrupamento foi avaliado pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC), que foi de 0,83 e 0,80 para os indivíduos selecionados com base no ranqueamento para as características MFF e MMF, respectivamente. Estes valores de CCC indicam um bom ajuste entre as matrizes. Quando os valores da correlação cofenética se aproximam da unidade, eles são tomados como ideais, pois representam maior acurácia na formação do dendrograma. Valor de CCC igual a 0,83 também foi encontrado no trabalho de Vasconcelos et al. (2012), que utilizaram o agrupamento pelo método UPGMA para os dados quantitativos entre acessos de *C. chinense*, tendo este valor também revelado um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e sua matriz original.

Para o agrupamento tendo por base a análise dos 40 primeiros indivíduos ranqueados via BLUP para a característica MFF, definindo como ponto de corte a região onde ocorreu a mudança mais abrupta no dendrograma, foram formados sete grupos (Figura 11). O primeiro grupo (GI) foi constituído pela cultivar BRS Mari, sendo distante geneticamente dos demais grupos.

Os grupos II e III são constituídos pelos pais UENF 1616 (P_1), planta 2 (P1-2) e UENF 1732 (P_2), planta 3 (P2-3), respectivamente, observando-se que ambos os pais estão em grupos distintos, mostrando que são contrastantes para as características quantitativas em questão.

O grupo IV foi formado pelos indivíduos 42-3, 42-5, 42-7, 42-1, 42-2, 42-6, 42-4, 4-3, 4-7, 4-2, 209-7, 26-3, 26-2, 26-5, 26-1 e 26-6, que se caracterizaram por apresentar maiores médias de MFF (entre 1958,50 a 2706,64 g) e menor CMF (de 86,42 a 97,25 mm). Neste grupo, estão os indivíduos 26-2, 42-5, 26-3 e 42-7, com as maiores médias para NFP, MMF, TSS e MSS, com 269,49 frutos/planta, 19,36 g, 10,45 °Brix e 28,46 g, respectivamente. Os indivíduos deste grupo têm potencial para dar prosseguimento ao programa de melhoramento, pois obtiveram características agronômicas de interesse.

O grupo V foi composto pelos indivíduos 346-7, 170-4, 170-3, 170-5, 170-1, 170-2, 244-7, 244-1, 398-6 e 398-1 e obtiveram a maior média para a EPF (de 2,71 a 3,71 mm).

O grupo VI foi constituído apenas por 334-5 e 334-1, sendo caracterizados por terem menores ALP (entre 76,98 a 78,34 cm) e DIC (de 109,88 a 111,26 mm),

o que facilita os tratos culturais dos plantios de pimenta, e maior TMS (variando de 546,62 a 548,26 g).

O grupo VII, o mais distante dos pais, foi formado pelos indivíduos 43-3, 29-5, 29-6, 29-2, 245-6, 247-5, 247-3, 247-2, 247-4, 247-7 e 247-6, que obtiveram as maiores médias de CMF (entre 97,14 a 138,10 mm).

O agrupamento com base na análise dos 40 primeiros indivíduos ranqueados via BLUP para a característica MMF formou seis grupos após o ponto de corte na região onde ocorreu a mudança mais abrupta no dendrograma (Figura 12). O primeiro grupo (I) foi também constituído pela cultivar BRS Mari assim como o grupo I do agrupamento UPGMA com base nos indivíduos ranqueados por modelos mistos pela característica MFF, confirmando que a 'BRS Mari' está fora dos demais grupos.

O grupo II foi formado pelos indivíduos 200-1, 200-6 e 200-5, que se destacaram por terem maior EPF (entre 9,53 a 9,71 mm).

O grupo III foi formado apenas pelo P₂, planta 2 (P2-2), resultado também encontrado no agrupamento UPGMA dos indivíduos com base na MFF (Figura 12). Ou seja, o P₂ ficou no grupo III nos dois agrupamentos formados.

O grupo IV foi constituído pelos indivíduos 42-3, 42-5, 42-7, 42-6, 42-1, 42-2, 170-4, 170-7, 170-5, 170-3, 170-1, 170-2, que se caracterizaram por terem maiores médias de MFF (de 16,72 a 19,36 g), maiores NFP (entre 172,20 a 261,02), com exceção do indivíduo 170-7, que obteve 158,41 frutos/planta.

O grupo V foi composto pelo P1-1 e pelos indivíduos 346-4, 373-5, 373-2, 373-7, 373-1, 237-7, 237-2, 237-5, 237-3, 237-4 e 237-6, que obtiveram maiores MMF, com médias variando de 121,20 a 131,62 g. Observa-se também que os pais estão em grupos distintos e mais distantes em relação ao agrupamento UPGMA, com base nos indivíduos ranqueados via BLUP, para a característica MFF, confirmando serem esses pais contrastantes.

O grupo VI reuniu o maior número de indivíduos - 244-4, 244-7, 244-1, 34-3, 397-2, 398-6, 398-7, 398-4, 398-2, 176-6, 176-5, 334-6, 334-5, 334-4 - que se caracterizaram por terem os maiores valores de MSF, com médias entre 507,30 e 553,03 para a maioria dos indivíduos.

Os grupos formados detectaram variabilidade entre os indivíduos utilizados no estudo, e para dar prosseguimento ao programa de melhoramento de C.

baccatum var. *pendulum* da UENF, podem ser selecionados os indivíduos que apresentam características agronômicas de interesse.

Na literatura, é possível encontrar a técnica de análise de agrupamento, em especial o UPGMA, em trabalhos sobre a diversidade genética entre acessos de *Capsicum* (Fonseca et al., 2008; Moura et al., 2010; Patel et al., 2011; Thul et al., 2011; Lijun e Xuexiao, 2012; Vasconcelos et al., 2012). Porém, trabalhos envolvendo agrupamento de indivíduos oriundos da geração $F_{2:3}$ com médias de dados quantitativos corrigidos com base nos valores genéticos via BLUP para posterior seleção para avanço de geração em plantas autógamas como a do gênero *Capsicum* não foram encontrados e acredita-se que o presente trabalho traga uma abordagem pioneira no melhoramento de *Capsicum*, que poderá dar subsídios a outras espécies de autógamas (Figura13).

Este trabalho propõe uma nova proposta para a condução e seleção de linhas segregantes para dar sequência a um programa de melhoramento da espécie *C. baccatum* var. *pendulum* da UENF. Inicialmente, foram escolhidos os genitores contrastantes para a obtenção da geração F_1 , sendo esses genitores constituídos por características de interesse econômico para os produtores e para o mercado de pimentas. Após a obtenção da geração F_1 , as flores dessas plantas foram autofecundadas para originar a geração F_2 . Quarenta e cinco indivíduos fenotipicamente superiores da geração F_2 foram selecionados pelo Índice de Mulamba e Mock para compor a geração F_3 . Cada indivíduo da geração F_2 selecionado foi conduzido pelo método genealógico com sete indivíduos por linha, sendo este método de melhoramento utilizado por ter como princípio a seleção com teste de progênie e o controle da genealogia, fatores que permitem maior eficiência na seleção. Para seleção entre e dentro de linhas, visto se tratar do método genealógico e da geração F_3 , foram utilizados os modelos mistos, uma nova abordagem metodológica que visa à seleção com base nos seus valores genéticos preditos. A seleção dos 20 melhores indivíduos ocorreu individualmente para as 13 características quantitativas, ou seja, para cada característica ocorreu um ranqueamento via BLUP e uma seleção diferente. Para agrupar os indivíduos que apresentavam características comuns, foi utilizado o agrupamento UPGMA com base nos 40 melhores indivíduos das características MMF e MFF (Figura 13).

Essa nova abordagem possibilitou dois tipos de seleção: uma levando em consideração a seleção de indivíduos para cada característica e a outra agrupando os indivíduos com características comuns, o que proporcionará ao

melhorista escolher uma das alternativas e optar pelos melhores indivíduos para compor a nova população que dará prosseguimento à próxima geração, o que irá depender do objetivo do programa de melhoramento (Figura 13).

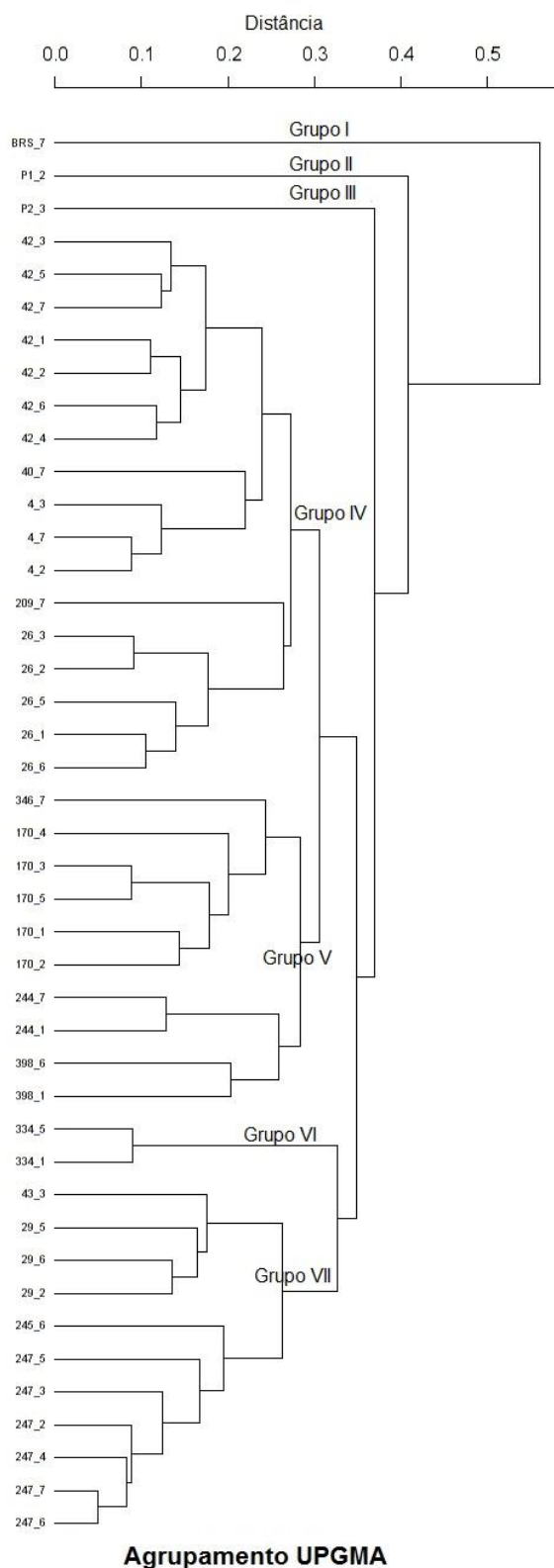


Figura 11 – Agrupamento UPGMA com base na análise dos 40 primeiros indivíduos ranqueados via metodologia de modelos mistos para a característica massa fresca dos frutos (MFF) em linhas F_{2:3} de *Capsicum baccatum* var. *pendulum*. No eixo x estão as distâncias genéticas relativas, e no eixo y a descrição dos indivíduos, usando numeração da linha do indivíduo, estando separado por hífen o número da planta dentro da linha. Coeficiente de Correlação Cofenética (CCC) = 0,83. Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

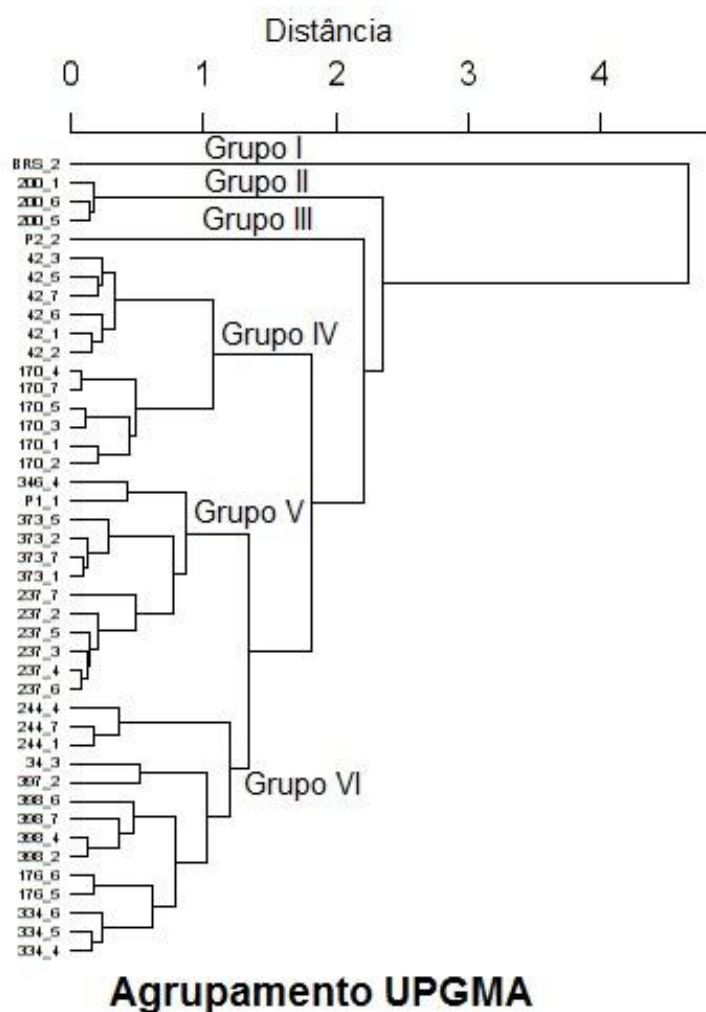


Figura 12 – Agrupamento UPGMA com base na análise dos 40 primeiros indivíduos ranqueados via metodologia de modelos mistos para a característica massa média dos frutos (MMF) em linhas $F_{2:3}$ de *Capsicum baccatum* var. *pendulum*. No eixo x, estão as distâncias genéticas relativas, e no eixo y, a descrição dos indivíduos, usando numeração da linha do indivíduo, estando separado por hífen o número da planta dentro da linha. Coeficiente de Correlação Cofenética (CCC) = 0,80. Campos dos Goytacazes, UENF, 2012.

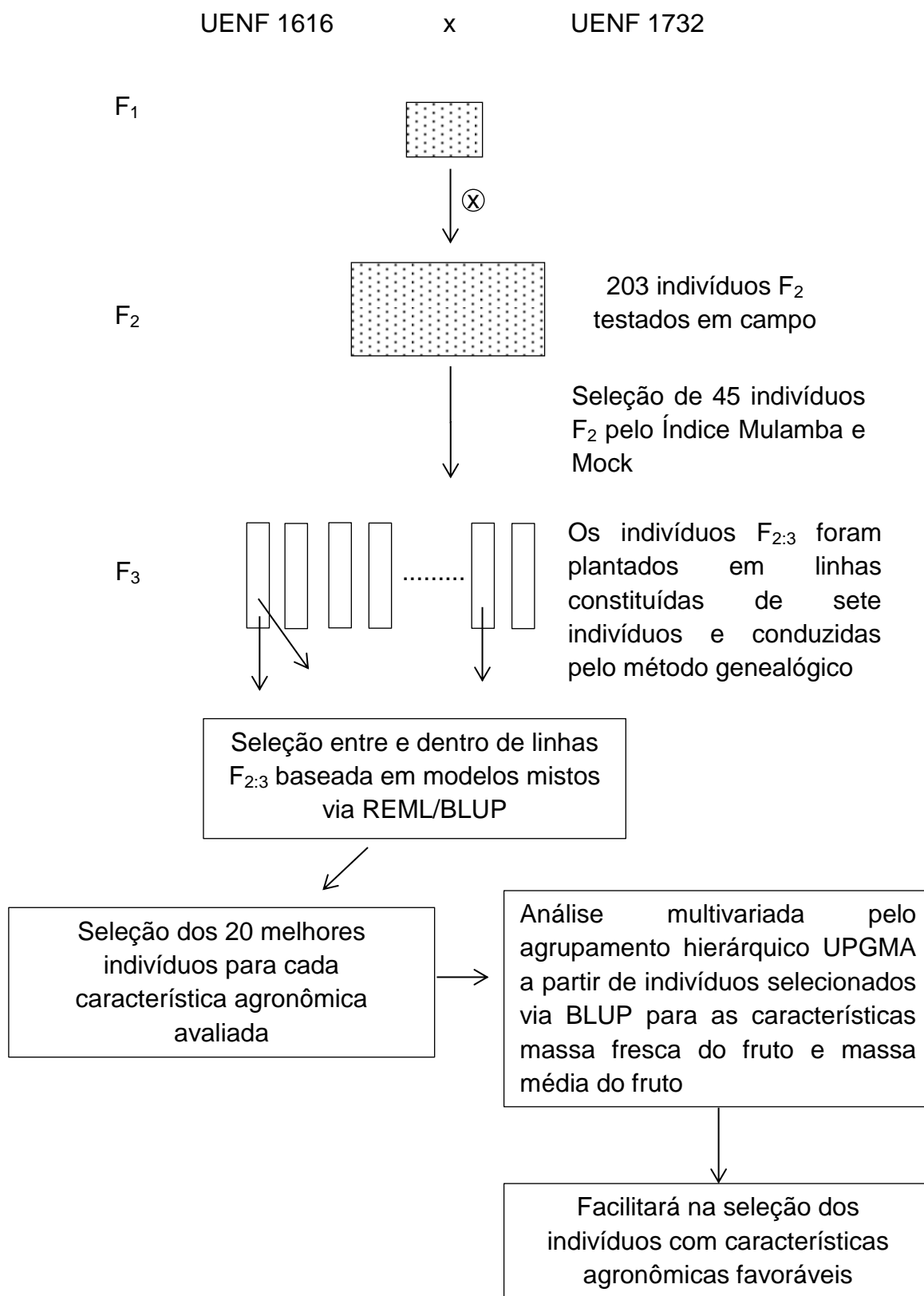


Figura 13 – Fluxograma com nova proposta para condução de linhas segregantes de *Capsicum baccatum* var. *pendulum* com base no método genealógico associado à seleção via REML/BLUP e análise multivariada.

6. CONCLUSÕES

Os modelos mistos permitiram identificar indivíduos com maiores valores genotípicos, que podem ser testados em futuras gerações.

O emprego da análise multivariada possibilitou agrupar os indivíduos com as mesmas características, facilitando a seleção de indivíduos com características agronômicas desejáveis para dar continuidade ao programa de melhoramento de *C. baccatum* var. *pendulum* da UENF.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABCSEM - Associação Brasileira do Comércio de Mudas e Sementes. (2009) Pesquisa de mercado de sementes de hortaliças. Disponível em: http://www.abcsem.com.br/docs/pesquisa_mercado_2009.pdf. Acessado 06 de novembro de 2013.
- Albrecht, E., Zhang, D., Saftner, R. A., Stommel, J. R. (2012) Genetic diversity and population structure of *Capsicum baccatum* genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59:517–538.
- Allard RW (1961) *Principles of Plant Breeding*. J. Wiley & Sons Ltd., New York, London, 486p.
- Amaral, A.M., Muniz, J.A., Souza, M. (1997) Avaliação do coeficiente de variação como medida de precisão na experimentação com citrus. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.32, n.12, p. 1221-1225.
- Andrews, J. (1995) *Peppers: the domesticated Capsicum*. Austin: University of Texas Press. 170p.

- Barbosa, R.I., Luz, F.J.F., Nascimento Filho, H.R., Maduro, C.B. (2002) Pimentas do gênero *Capsicum* cultivadas em Roraima, Amazônia brasileira. I. Espécies domesticadas. *Acta Amazônica*. 32(2): 177-132.
- Barboza, G.E. (2011) Lectotypifications, synonymy, and a new name in *Capsicum* (Solanoideae, Solanaceae). *Phytokeys*, 2:23-38.
- Bento, C.S., Sudré, C.P., Rodrigues, R., Riva, E.M., Pereira, M.G. (2007) Descritores qualitativos e multicategóricos na estimativa da variabilidade fenotípica entre acessos de pimentas. *Scientia Agraria*, Cascavel, PR, v. 8, n. 2, p. 149-156.
- Bento, C.S., Rodrigues, R., Zerbini Junior, F., Sudré, C.P. (2009) Sources of resistance against the Pepper yellow mosaic virus in chili pepper. *Horticultura Brasileira*, 27: 196-201.
- Bento, C.S. (2012) *Melhoramento de Capsicum baccatum var. pendulum: Herança de caracteres agronômicos e resistência ao Pepper yellow mosaic virus*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ – Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 147p.
- Bento, C.S., Rodrigues, R., Gonçalves, L.S.A., Oliveira, H.S., Santos, M.H., Pontes, M.C, Sudré, C.P. (2013) Inheritance of resistance to Pepper yellow mosaic virus in *Capsicum baccatum var. pendulum*. *Genetics and Molecular Research*, vol. 12(2):1074-1082.
- Bianchetti L.B. (1996). *Aspectos morfológicos, ecológicos e biogeográficos de dez táxons de Capsicum (Solanaceae) ocorrentes no Brasil*. Dissertação (Mestrado em botânica). Brasília, UNB, 174p.
- Borém, A.; Miranda, G. V. (2009). *Melhoramento de Plantas*. Ed. UFV. 529p.

- Borges, V.; Ferreira, P.V.; Soares, L.; Santos, G.M.; Santos, A.M.M. (2010) Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. *Acta Scientiarum. Agronomy*, Maringá, v. 32, n. 4, p. 643-649.
- Buso, G.S.C.; Lourenço, R.T.; Bianchetti, L.B.; Lins, T.C.L.; Pozzobon, M.T.; Amaral, Z. P.S.; Ferreira, M.E. (2001) Espécies silvestres do gênero *Capsicum* coletadas na Mata Atlântica Brasileira e sua relação genética com espécies cultivadas de pimenta: uma primeira abordagem genética utilizando marcadores moleculares. Brasília. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (*Boletim de Pesquisa Embrapa e Desenvolvimento*).
- Büttow, M.V., Barbieri, R.L., Neitzke, R.S., Heiden, G., Carvalho, F.I.F. (2010) Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. *Ciência Rural*, v.40, n.6.
- Carbonell SAM, Chiorato AF, Carvalho CRL, Ramos Junior EU, Ito MA, Borges WLB, Ticelli M, Santos NCB, Gallo PB (2010) IAC Formoso: new carioca common bean cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 10: 374-376.
- Carvalho, S. I. C., Bianchetti, L. B., Bustamante, P. G., Silva, D. B. (2003a) Catálogo de germoplasma de pimentas e pimentões (*Capsicum* spp.) da Embrapa Hortaliças. *Embrapa Hortaliças. Documentos*, 49. 49p.
- Carvalho, C.G.P., Arias, C.A.A., Toledo, J.F.F., Almeida, L.A., Kiihl, R.A.S., Oliveira, M.F., Hiromoto, D.M. e Takeda, C. (2003b) Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. *Pesquisa agropecuária brasileira* Brasília, v. 38, n. 2, p. 187-193.
- Carvalho, S.I.C.; Bianchetti, L.B (2004). Sistema de produção de pimentas(*Capsicum* spp.):botânica.EmbrapaHortaliças.Disponívelem:<http://www.cnph.embrapa.br/sisprod/pimenta/botanica.htm>. Acessado em: março de 2012.

- Carvalho, S.I.C.; Bianchetti, L.B.; Ribeiro, S. C.; Lopes, C.A. (2006). Pimentas do gênero *Capsicum* no Brasil. *Embrapa Hortaliças. Documentos*, 94. 27p.
- Carvalho, S.I.C., Ribeiro, C.S.C., Henz, G.P., Reifschneider, F.J.B. (2009). 'BRS Mari': new hot pepper cultivar for processing. *Horticultura Brasileira*, 27: 571-573.
- Castoldi, R.; Charlo, H.C.O.; Botelho, A.P.; Melo, D.M.; Dalpian, T.; Braz, L.T. (2011) Utilização do método genealógico para obtenção de progênies de alface resistentes ao míldio. *Horticultura Brasileira* 29: S3006-S3013.
- Cecon, P.R.; Silva, A.R.; Nascimento, M., Ferreira, A. (2012). *Métodos Estatísticos*. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 229p.
- Chiorato, A.F., Carbonell, S.A.M., Dias, L.A.S., Resende, M.D.V. (2008) Prediction of Genotypic Values and Estimation of Genetic Parameters in Common Bean. *Brazilian archives biology and technology*. v.51 n.3: pp.465-472.
- Costa, R.B., Resende, M.D.V, Gonçalves, P.S., Chichorro, J.F., Roa, R.A.R. (2008) Variabilidade genética e seleção para caracteres de crescimento da seringueira. *Bragantia*, Campinas, v.67, n.2, p.299-305.
- Costa, K.D.S.; Carvalho, I. D.E.; Silva, J.W.; Cunha, J.L.X.L.; Silva, J.; Teixeira, J.S. (2013) Escolha de famílias em cana-de-açúcar via modelos mistos. *ACSA – Agropecuária Científica no Semi-Árido*, v.9, n.1, p 07-13.
- Couto, M.F., Peternelli, L.A., Barbosa, M.H.P. (2013) Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. *Ciência Rural*, v.43, n.6.
- Cruz, C.D.; Carneiro, P.C.S.(2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, v.2. 585p.

- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*. Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276.
- De Witt, D., Bosland, P. W. (1997) *Peppers of the world: an identification guide*. Ten Speed Press, Berkeley, California, p. 219.
- Domenico, C.I.; Coutinho, J.P.; Godoy, H.T.; Melo, A.M.T. (2012). Caracterização agronômica e pungência em pimenta de cheiro. *Horticultura Brasileira* 30: 466-472.
- Eeuwijk, F.A.V; Boer, M.; Totir, L. R.; Bink, M.; Wright, D.; Winkler, C.R; Podlich, D.; Boldman, K.; Baumgarten, A.; Smalley, M.; Arbelbide, M.; Braak, C.J.F.; Cooper, M. (2009) Mixed model approaches for the identification of QTLs within a maize hybrid breeding program. *Theor Appl Genet*, 120:429–440.
- Falconer, D.S. (1989) *Introduction to quantitative genetics*. 3. ed. Harlow: Longman, 438 p.
- FAO (2011) <http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor> Acessado em 05 de novembro de 2013.
- Ferrão, L.F.V., Cecon, P.R., Finger, F.L., Silva, F.F., Puiatti, M. (2011) Divergência genética entre genótipos de pimenta com base em caracteres morfo-agrônomicos. *Horticultura Brasileira* 29.3: 354-358.
- Ferreira, R.T., Viana, A.P., Barroso, D.G., Resende, M.D.V., Amaral Júnior, A.T. (2012) Toona ciliata genotype selection with the use of individual BLUP with repeated measures. *Scientia Agricola*. v.69, n.3, p.210-216.
- Filgueira, F.A.R. (2005) *Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Viçosa: UFV, 412p.

- Fonseca, R.M., Lopes, R., Barros, W.S., Lopes, M.T.G., Ferreira, F.M. (2008) Morphologic characterization and genetic diversity of *Capsicum chinense* Jacq. accessions along the upper Rio Negro – Amazonas. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 8: 187-194.
- Fritsche-Neto, R., Vieira, R.A., Scapim, C.A., Miranda, G.V. and Rezende, L.M. (2012) Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. *Acta Scientiarum. Agronomy*. Maringá, v. 34, n. 1, p. 99-101.
- Garcia, C.H. (1989) *Tabelas para classificação do coeficiente de variação*. Piracicaba: Ipef, 12p. (Circular técnica, 171).
- Gomes FP (2000) Curso de estatística experimental. 14^a ed. Piracicaba, Degaspari. 477p.
- Gomes, F.P.; Garcia, C.H. (2002) *Estatística aplicada a experimentos agrônomicos e florestais: exposição com exemplos orientações para o uso de aplicativos*. Piracicaba: FEALQ, 309p.
- Gonçalves, L.S.A. (2010) *Herança de caracteres agrônomicos e da resistência ao Pepper yellow mosaic virus em Capsicum baccatum var. pendulum*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes, RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 118p.
- Gonçalves, L. S. A., Rodrigues, R., Bento, C.S., Robaina, R.R. Amaral Júnior, A.T. (2011) Inheritance of traits related to fruit production in *Capsicum baccatum* var. *pendulum* based on Hayman's diallel analysis. *Revista Ciência Agronômica*, v. 42, n. 3, p. 662-669.
- Ha, S.H., Kim, J.B., Park, J.S., Lee, S.W., & Cho, K.J. (2007) A comparison of the carotenoid accumulation in *Capsicum* varieties that show different ripening colours: deletion of the capsanthin-capsorubin synthase gene is not a

prerequisite for the formation of a yellow pepper. *Journal of Experimental Botany*, 58(12), 3135-3144.

Henderson, C.R. (1973). Sire evaluation and genetics trends. In: *Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J. Lush*. American Society of Animal Science, Champaign, v.3.10-41p.

Henz, G.P; Ribeiro, C.S.C. (2008) Mercado e comercialização. In: RIBEIRO, C.S.C (Ed). *Pimentas Capsicum*. Brasília: Embrapa Hortaliças. p. 15-24.

Huh, J.H., Kang, B.C., Nahm, S.H., Kim, S., Ha, K.S., Lee, M.H., & Kim, B.D. (2001) A candidate gene approach identified phytoene synthase as the locus for mature fruit color in red pepper (*Capsicum* spp.). *TAG Theoretical and Applied Genetics*, 102(4), 524-530.

Ibiza, V.;Blanca, J.; Cañizares, J.; Nuez, F. (2012). Taxonomy and genetic diversity of domesticated *Capsicum* species in the Andean region. *Genetic Resources and Crop Evolution*, Volume 59, Number 6, pp. 1077-1088(12).

IPGRI (1995) Descriptors for *Capsicum* (*Capsicum* spp). International Plant Genetic Resources Institute p. 49.

Janick, J.; Schery, R.W.; Woods, F.W.; Ruttan, V.W. (1969) *Plant Science: An introduction to world crops*. San Francisco: W.H. Freeman and Company. 629p.

Laviola, B.G., Alves, A.A., Gurgel, F.L., Rosado, T.B., Costa, R.D., Rocha, R.B. (2012) Estimate of genetic parameters and predicted gains with early selection of physic nut families. *Ciênc.agrotec.*, Lavras, v. 36, n. 2, p. 163 -170.

Lijun, O., Xuexiao, Z. (2012) Inter simple sequence repeat analysis of genetic diversity of five cultivated pepper species. *African Journal of Biotechnology*, 11:752-757.

- López Camelo, A.F., Gómez, P.A. (2004) Comparison of color indexes for tomato ripening. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.22, n.3, p.534-537.
- Maciel-Zambolim, E., Capucho, H.C.A.S., Avia, A.C. , Inoue-Nagata, A.K., Kitajima, E.W. (2004) Surto epidemiológico de *Pepper yellow mosaic virus* em tomateiro na região Serrana do Estado do Espírito Santo. *Fitopatologia Brasileira* 29: 325-327.
- Marchesan, C.B.; Melo, A.M.T.; Paterniani, M.E.A.G.Z. (2009) Combining ability in sweet pepper for resistance to powdery mildew. *Horticultura Brasileira* 27: 189-195.
- Marques, J.M., Ferreira, M.A., Ribeiro, C.S.C., Moretzsohn, M.C., Amaral, Z.P.S., Buso, G.S.C. (2006) Construção de um mapa genético preliminar para *Capsicum annuum* utilizando marcadores microssatélites. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 15 p. (*Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia*, ISSN 1676-1340 ; 121)
- McLeod, M.J.; Guttman, S.I.; Enshbaugh, W.H. (1982) Early evolution of chili peppers (*Capsicum*). *Economic Botany*, v.36, n.4, p.361-368.
- Monteiro, E.R., Bastos, E.M., Lopes, A.C.A., Gomes, R.L.F., Nunes, J.A.R. (2010) Diversidade genética entre acessos de espécies cultivadas de pimentas. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.40, n.2, p.288-283.
- Moreira, G.R., Caliman, F.R.B., Silva, D.J.H., Ribeiro, C.S.C. (2006) Espécies e variedades de pimentas. *Informe Agropecuário*, 108p, 16-29.
- Moreira, S.O., Morais Silva, M.G.M., Rodrigues, R., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2010) Breeding methods and history of bean cultivars released in CBAB - Crop Breeding and Applied Biotechnology. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 10: 345-350.

- Moscone, E. A., Scaldaferrero M. A., Grabielle, M., Cecchini, N. M., García, Y. S., Jarret, R., Daviña, J. R., Ducasse, D. A., Barboza, G. E., Ehrendorfer, F. (2007) The evolution of chili peppers (*Capsicum* – Solanaceae): a cytogenetic perspective. *Acta Horticulturae*, 745, 137-169.
- Moura, M.C.C.L., Gonçalves, L.S.A., Sudré, C.P., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T., Pereira, T.N.S. (2010) Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimenta. *Horticultura Brasileira* 28: 155-161.
- Mulamba, N.N., Mock, J.J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt Journal of Genetics and Cytology*, (7): 40-51.
- Nascimento, K.O.; Vicente, J.; Saldanha, T.; Barbosa Júnior, J.L.; Barbosa, M.I.M.J. (2012) Caracterização química e informação nutricional de geleia de pimenta Cambuci orgânica (*Capsicum baccatum* L.). *Revista Verde* (Mossoró – RN), v. 7, n. 2, p 283-288.
- Paiva, J.R.; Resende, M.D.V.; Cordeiro, E.R. (2002) Índice multifeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*: Brasília, v.37, n.6, p.799-807.
- Parrella, G., Ruffel, S., Moretti, A., Morel, C., Palloix, A., Caranta, A. (2002). Recessive resistance genes against potyviruses are localized in collinear genomic regions of the tomato (*Lycopersicon* spp.) and pepper (*Capsicum* spp.) genomes. *Theoretical Applied Genetic*, 105: 855-861.
- Patel, A.S., Sasidharan, N., Ashish, G.V., Vinay, k. (2011) Genetic relation in *Capsicum annuum* [L.] cultivars through microsatellite markers: SSR and ISSR. *Electronic Journal of Plant Breeding*. 2:67-76.
- Pedrozo, C.A.; Benites, F.R.; Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V.; Silva, F. L. (2009) Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP

no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*, Curitiba, v.10, n.1, p.031-0,36.

Perry, L., Dickau, R., Zarrillo, S., Holst, I., Pearsall, D.M., Piperno, D.R., Berman, M.J., Cooke, R.G., Rademaker, K., Ranere, A.J., Raymond, J.S., Sandweiss, D.H., Scaramelli, F., Tarble, K., Zeidler, J.A. (2007) Starch Fossils and the Domestication and Dispersal of Chili Peppers (*Capsicum* spp. L.) in the Americas. *Science Magazine*. Vol. 315 no. 5814 pp. 986-988.

Pickersgill, B. (1991) Cytogenetics and evolution of *Capsicum* L. In: Tsuchiya, T., Gupta, P.K. Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution. Amsterdam: *Elsevier*, p.139-160.

Pickersgill, B. (1997) Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp.. *Euphytica* 96: 129–133.

Pinto, R.J.B. (2009) *Introdução ao melhoramento genético de plantas*. 2ª Edição. Maringá, Editora da UEM, 351p.

R Development Core Team. (2006). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Ranganathan, P., Jagatheeswari, D. (2013) Chromosome studies on Garden pepper (*Capsicum frutescens* L.). *International Journal of Research in Botany*, 3(1): 1-3

Raposo, F.V.; Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B. (2000) Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, v.35, n.10, p.1991-1997.

Raven, P.H.; Evert, R.F.; Eichhorn, S.E. (2001) *Biologia vegetal*. 6. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan. 906p.

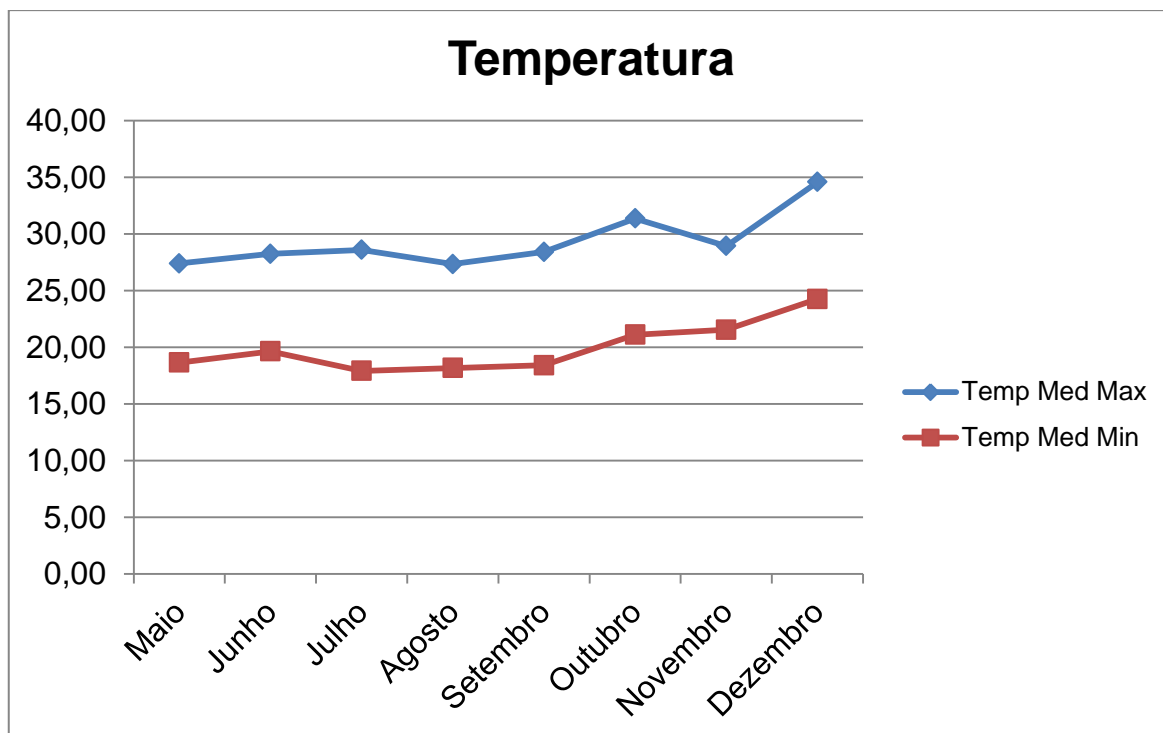
- Reis, C.A.F.; Gonçalves, F.M.A; Ramalho, M.A.P; Rosado, A.M. (2011) Seleção de progênies de eucalipto pelo índice Z por MQM e Blup. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, v.46, n.5, p.517-523.
- Rêgo, E.R., Rêgo, M.M., Cruz, C.D., Finger, F.L, Casali, V.W.D. (2009) A diallel study of yield components and fruit quality in chilli pepper (*Capsicum baccatum*). *Euphytica* (Wageningen) 168:275–287
- Rêgo, E,R., Rêgo, M.M., Matos, I.W.F., Barbosa, L. A. (2011a) Morphological and chemical characterization of fruits of *Capsicum* spp. accessions. *Horticultura Brasileira*. 29.3: 364-371.
- Rêgo, E. R., Rêgo, M. M., Cruz, C. D., Finger, F. L., Casali, V. W. D. (2011b) Phenotypic diversity, correlation and importance of variables for fruit quality and yield traits in Brazilian peppers (*Capsicum baccatum*). *Genetic Resources and Crop Evolution* 58:909-918.
- Rêgo, E.R., Finger, F.L., Rêgo, M.M. (2011c) *Produção, genética e melhoramento de Pimentas (Capsicum spp.)* Recife:Imprima, 223 p.
- Resende, M.D.V. (2000). *Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes*. Colombo: Embrapa Florestas, 101p.
- Resende, M.D.V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Embrapa, Brasília, 975p.
- Resende, M.D.V. (2006) *O Software Selegen – Reml/Blup*. Embrapa, Campo Grande, 305p.
- Resende, M.D.V., Duarte, J.B (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*. v.37, n.3, p.182-194.

- Resende, M.D.V. (2008) Modelos lineares mistos no melhoramento genético. *Notas de curso disciplina Experimentação em genética e melhoramento*. UFLA-LAVRAS, 78p.
- Riva-Souza, E.M., Rodrigues, R., Sudré, C.P., Pereira, M.G., Viana, A.P., Amaral Júnior A.T. (2007) Obtaining pepper F_{2:3} lines with resistance to the bacterial spot using the pedigree method. *Horticultura Brasileira*, v. 25, n. 4, p.567-571.
- Rodrigues, R., Gonçalves, L.S.A., Bento, C.S., Sudré, C.P., Robaina, R.R., Amaral Júnior, A.T. (2012) Combining ability and heterosis for agronomic traits in chili pepper. *Horticultura Brasileira* 30: 226-233.
- Rocha, M.G.B.; Pires, I.E.; Rocha, R.B.; Xavier, A.; Cruz, C.D. (2007) Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos, utilizando REML/ BLUP e informação de divergência genética. *Revista Árvore*, Viçosa-MG, v.31, n.6, p.977-987.
- Rufino, J.L.S., Penteado, D.C.S. (2006). Importância econômica, perspectivas e potencialidades do mercado para pimenta. *Informe Agropecuário*, 108p, 07-15.
- Sanatombi, K. ; Sharma G.J. (2008) Capsaicin Content and Pungency of Different *Capsicum* spp. Cultivars. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*36 (2), 89-90.
- Savy Filho, A., Amorim, E.P.; Ramos, N. P.; Martins, A.L.M.; Cavichioli, J.C. (2007) IAC-2028: nova cultivar de mamona. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, v.42, n.3, p.449-452.
- Scheeren, P.L.; Caierão, E.; Silva, M.S.; Duca, L.J.A.D.; Nascimento Junior, A.; Linhares, A.; Eichelberger, L. (2007) BRS Guamirim: cultivar de trigo da classe pão, precoce e de baixa estatura. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, v.42, n.2, p.293-296.

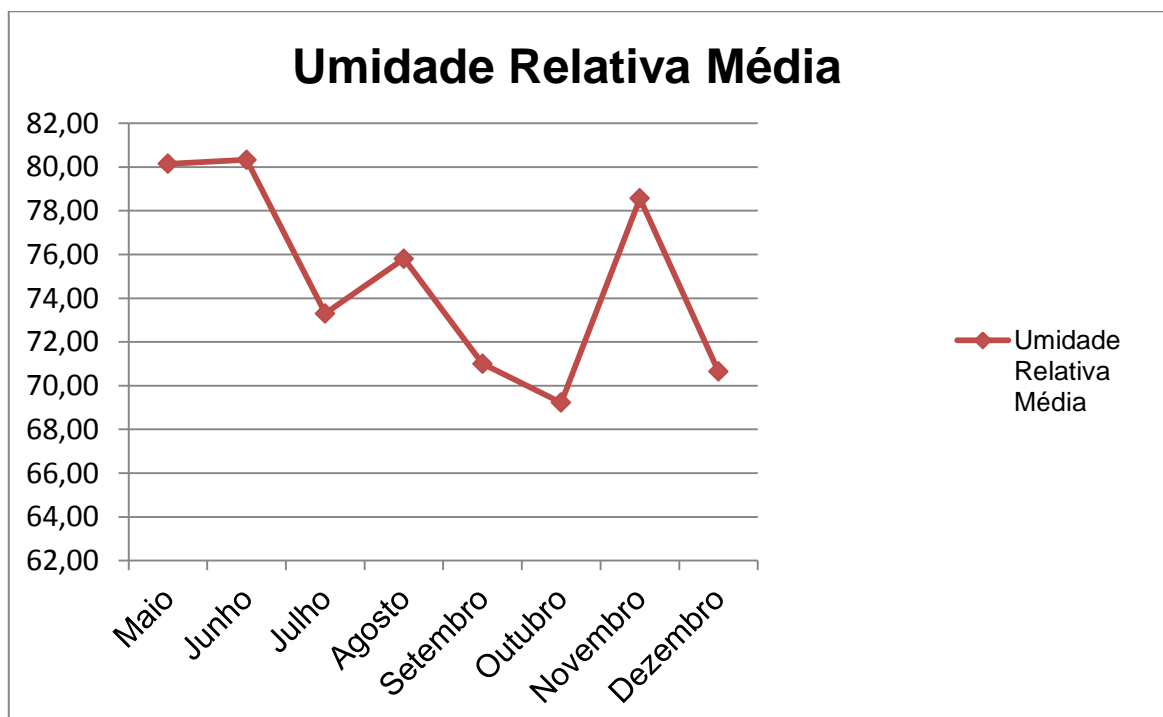
- Silva, A.R., Rêgo, E.R., Cecon, P.R. (2011a) Tamanho de amostra para caracterização morfológica de frutos de pimenteira. *Horticultura Brasileira* 29: 125-129.
- Silva, A.R., Cecon, P.R., Rêgo, E.R., Nascimento, M. (2011b) Avaliação do coeficiente de variação experimental para caracteres de frutos de pimenteiras. *Revista Ceres*, vol. 58(2): 168-171.
- Silva, G.O; Carvalho, A.D.F.; Vieira, J.V.; Benin, G. (2011c) Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. *Bragantia*, Campinas, v. 70, n. 3, p.494-501.
- Silva Filho, J.G., Fonseca, M.E.N., Boiteux, L.S. (2010) Marcadores funcionais relacionados com a coloração de fruto em espécies de *Capsicum*: Análise de polimorfismos na região promotora do gene codificador da Capsantina-capsorubina sintase. *Horticultura Brasileira*. 28: 2630-2635.
- Simeão, R.M., Sturion, J.A, Resende, M.D.V., Fernandes, J.S.C., Neiverth, D.D., Ulbrich, A.L. (2002) Avaliação genética em erva-mate pelo procedimento BLUP individual multivariado sob interação genótipo x ambiente. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, v. 37, n. 11, p. 1589-1596.
- Sudré, C.P., Cruz, C.D., Rodrigues, R., Riva, E.M., Amaral Júnior, A.T., Silva, D.J.H., Pereira, T.N.S. (2006) Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. *Horticultura Brasileira*, 24: 88-93.
- Tewksbury, J. J.; Nabhan, G.P. (2001) Directed deterrence by capsaicin in chillies. *Nature*, 412: 403-404.
- Tong, N., Bosland, P. W. (1999) *Capsicum tovarii*, a new member of the *Capsicum baccatum* complex. *Euphytica*, v. 109, n. 2, p. 71-77.

- Thul, S. T.; Darokar, M.P.; Shasany, A. K.; Khanuja, S.P.S. (2011) Molecular profiling for genetic variability in *Capsicum* species based on ISSR and RAPD markers. *Mol Biotechnol*.
- Vasconcelos, C.S.; Barbieri, R.L.; Neitzke,R.S.; Daniela Priori,D.; Fischer, S.Z.; Mistura, C.C. (2012) Determinação da dissimilaridade genética entre acessos de *Capsicum chinense* com base em características de flores. *Revista Ceres*, Viçosa, v. 59, n.4, p. 493-498.
- Vilela, N.J.; Ribeiro, C.S.C.R.; Madail, J.C.M. (2008) Eficiência técnico-econômica de quatro sistemas de produção de pimentas *Capsicum*. Brasília. *Comunicado Técnico*.
- Wahyuni, Y.; Ballester, A-R.; Tikunov, Y.; Vos, R.C.H.; Pelgrom, K.T.B.; Maharijaya, A.; Sudarmonowati, E.; Bino, R.J.; Bovy, A.G. (2012) Metabolomics and molecular marker analysis to explore pepper (*Capsicum* sp.) biodiversity. *Metabolomics* 9:130–144.

ANEXO



Temperaturas média, máxima e mínima durante a condução do experimento, no período de maio e dezembro de 2012, na área de convênio da UENF com a PESAGRO-RIO/Estação Experimental de Campos (EEC). Campos dos Goytacazes, RJ, 2012. Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia (Inmet)



Umidade relativa média registrada durante a condução do experimento, no período de maio e dezembro de 2012, na área de convênio da UENF com a PESAGRO-RIO/Estação Experimental de Campos (EEC). Campos dos Goytacazes, RJ, 2012. Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia (Inmet)