

USO DOS MÉTODOS GENEALÓGICO E *SINGLE SEED DESCENT*
(SSD) PARA OBTENÇÃO DE LINHAS DE PIMENTÃO
RESISTENTES À MANCHA BACTERIANA.

ELAINE MANELLI RIVA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY
RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ

MARÇO – 2006

USO DOS MÉTODOS GENEALÓGICO E *SINGLE SEED DESCENT*
(SSD) PARA OBTENÇÃO DE LINHAS DE PIMENTÃO
RESISTENTES À MANCHA BACTERIANA.

ELAINE MANELLI RIVA

“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 Doutor em Produção Vegetal”.

Orientadora: Prof^a Rosana Rodrigues

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO – 2006

USO DOS MÉTODOS GENEALÓGICO E *SINGLE SEED DESCENT*
(SSD) PARA OBTENÇÃO DE LINHAS DE PIMENTÃO
RESISTENTES À MANCHA BACTERIANA.

ELAINE MANELLI RIVA

“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 Doutor em Produção Vegetal”.

Aprovada em 31 de março de 2006.

Comissão Examinadora:

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Melhoramento de Plantas) – UENF

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Genética e Melhoramento) – UENF

Prof. Frederico de Pina Matta (D.Sc., Genética e Melhoramento) – CCA – UFES

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

*À minha mãe Neuza (in memoriam) e ao meu pai Elçon,
pelo amor, pela sabedoria e pela confiança depositada em mim.*

*Ao meu irmão Eduardo,
pela amizade, apoio e presença constante.*

*Ao meu marido Eduardo,
pelo amor incondicional, meu porto seguro.*

Dedico

*A toda a minha família, presente em todos os instantes, mesmo na
distância, pelo apoio e carinho.*

Ofereço

AGRADECIMENTOS

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

À Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ, pela concessão da bolsa de estudos.

À professora Rosana Rodrigues, exemplo de profissional e dedicação ao trabalho, pela orientação precisa em todos os momentos e pela amizade.

Ao professor Messias Gonzaga Pereira, pela orientação, conselhos e sugestões que aperfeiçoaram este trabalho.

Aos professores membros da banca examinadora, por sua importante contribuição.

Aos professores das disciplinas cursadas durante o curso de pós-graduação.

Ao José Manoel e sua equipe, João, Jocimar, Enildo, Marquinhos e demais companheiros, pela valiosa ajuda na condução dos experimentos em casa de vegetação e em campo (sem essa equipe, o trabalho não seria possível).

Ao Jader e sua equipe, que estiveram sempre a disposição para ajudar nas colheitas na PESAGRO.

Aos professores Alexandre Pio Viana, Antônio Teixeira do Amaral Júnior, José Tarcísio Thiébaud e Rogério Daher, pela disponibilidade em ajudar sempre que necessário.

Aos Professores do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo, onde realizei o curso de graduação em Agronomia e, de maneira especial, ao Professor José Carlos Lopes, quem me despertou para a pesquisa científica e foi um dos responsáveis por mais esta conquista.

À equipe imprescindível, Layla, Isadelma, André, Paulo, Fatinha, Patrícia, Luciana, Daniel, Guilherme, André e cia., amigos presentes sempre.

À turma querida da biblioteca, Luciane, Vângela, Conceição, Paloma e agregados.

Aos vizinhos “de porta” (LTA) pelo agradável convívio.

Ao LEAG, pelos dados climatológicos cedidos.

À Cláudia e Aminthia, que serão para sempre minha irmã e minha sobrinha, pela amizade e carinho em todos os momentos.

Aos padrinhos Moema e Paulão, por serem minha família escolhida pelo coração.

À amiga Silda Morelli pela correção da tese e por ser sempre minha maninha.

À *Japagirl* preferida, Mina, presença inesquecível.

A todos os amigos queridos e inesquecíveis que colaboraram para a realização desse trabalho, de manhã, à tarde, à noite e madrugada (Cíntia, Rozana, Marlon, Rebeca, Leandro, Mina, Silda, Cláudia e todos mais que foram “encontrados” pelos corredores da Uenf e “levados” para a sala 110... perdão se a memória esqueceu alguém, o coração, não.

Às amigas de república durante o doutorado, Nádia, Sheila, Mônica (Jamantinha) e Kely, que sempre estarão em meu coração.

Aos companheiros Pombo-móvel e Berinjela-móvel, pelo transporte.

Aos amigos celinenses, pelo incentivo e presença nos momentos necessários.

Aos amigos e funcionários da UENF que estiveram sempre por perto, ajudando, trazendo alegrias e tornando menos árduo o trabalho.

A todos aqueles, que, de uma forma ou de outra, contribuíram para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. A espécie <i>Capsicum annuum</i> L.	4
2.1.1. Origem, dispersão e domesticação	4
2.1.2. Botânica	5
2.1.3. Importância econômica	6
2.2. Doenças: um fator limitante	7
2.2.1. Mancha bacteriana: histórico, importância e métodos de controle	8
2.3. Melhoramento de <i>Capsicum annuum</i> L. para resistência à mancha bacteriana	11
2.4. Os métodos genealógico e <i>single seed descent</i> no melhoramento	

de plantas	15
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
3.1. Genótipos utilizados	20
3.2. Métodos de melhoramento utilizados	20
3.2.1. Método Genealógico (<i>Pedigree</i>)	21
3.2.1.1. Delineamento experimental	21
3.2.1.2. Avaliação da reação à mancha bacteriana	22
3.2.1.3. Avaliação de características agronômicas	22
3.2.1.4. Análises estatísticas e parâmetros genéticos	
avaliados	23
3.2.1.5. Ganhos por seleção	28
3.2.2. Método <i>Single Seed Descent</i> – SSD	29
3.2.2.1. Primeira Etapa – geração F ₃	29
3.2.2.2. Segunda Etapa – geração F ₄	30
3.2.2.3. Terceira Etapa – geração F ₅	30
3.2.2.4. Quarta Etapa – geração F ₆	30
3.2.2.4.1. Delineamento experimental	30
3.2.2.4.2. Avaliação da reação à mancha bacteriana	30
3.2.2.4.3. Avaliação de características agronômicas	31
3.2.2.4.4. Análises estatísticas e parâmetros genéticos	
avaliados	32
3.2.2.4.5. Ganhos por seleção	34
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	37
4.1. Método Genealógico (<i>Pedigree</i>)	37
4.1.1. Análise do método Genealógico	39
4.1.1.1. Linhas e pais intercalares	38

4.1.1.2. Famílias com testemunhas intercalares	44
4.1.2. Ganhos por seleção	47
4.1.2.1. Seleção entre e dentro de linhas	48
4.1.2.2. Seleção massal	49
4.1.2.3. Seleção combinada	49
4.2. Método <i>Single Seed Descent</i> – SSD	50
4.2.1. Características avaliadas	52
4.2.2. Análise de variância	59
4.2.2.1. Reação à mancha bacteriana	59
4.2.2.2. Peso total de frutos, número total de frutos e peso médio de frutos	61
4.2.2.3. Comprimento de frutos, diâmetro de frutos e relação comprimento / diâmetro de frutos	62
4.2.2.4. Altura e diâmetro da copa das plantas	63
4.2.3. Estimativas de parâmetros genéticos	63
4.2.4. Comparação entre médias	67
4.2.4.1. Reação à mancha bacteriana	67
4.2.4.2. Peso total de frutos, número total de frutos e peso médio de frutos	71
4.2.4.3. Comprimento de frutos, diâmetro de frutos e relação comprimento / diâmetro de frutos	74
4.2.4.4. Altura e diâmetro da copa das plantas	79
4.2.5. Ganhos por seleção	79
4.2.5.1. Seleção entre e dentro de linhas	82
4.2.5.2. Seleção combinada	82
5. RESUMO E CONCLUSÕES	87
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	91

RESUMO

RIVA, E. M.; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março, 2006. Uso dos métodos genealógico e *Single Seed Descent* (SSD) para obtenção de linhas de pimentão resistentes à mancha bacteriana. Professora orientadora: Rosana Rodrigues. Professor conselheiro: Messias Gonzaga Pereira.

O pimentão tem seu rendimento prejudicado devido à ocorrência da mancha bacteriana, causada pela bactéria *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. O presente trabalho objetivou avançar gerações e selecionar genótipos superiores de pimentão utilizando-se os métodos de melhoramento Genealógico (*Pedigree*) e *Single Seed Descent* (SSD) a partir da população segregante derivada do cruzamento entre os acessos de *Capsicum annuum* L. UENF 1421 (suscetível à mancha bacteriana, não pungente e apresentando características de produção e qualidade do fruto que atendem ao mercado) e UENF 1381 (resistente à mancha bacteriana e pungente). Considerando-se o **método genealógico**, utilizou-se o esquema experimental de linhas sem repetições, intercaladas com testemunhas, com repetições. Foram utilizadas 56 linhas F_{2:3} e quatro repetições dos genitores. Para a avaliação da reação à mancha bacteriana foi utilizado o isolado ENA 4135 e a inoculação foi realizada aos 42 dias após o transplante, em uma das folhas do terço médio superior da planta, por meio da infiltração de suspensão bacteriana, na concentração de

10^3 ufc/mL, em $1,0 \text{ cm}^2$ do mesofilo. Após três semanas da inoculação, as folhas foram coletadas e digitalizadas utilizando-se *scanner*. A área foliar com sintomas foi analisada por meio do *software* Quant (Vale et al., 2003). As características peso total de frutos, número total de frutos e peso médio de frutos foram avaliadas. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do *software* Genes (Cruz, 2001), considerando-se os procedimentos Linhas e pais intercalares e Famílias com testemunhas intercalares. Os resultados demonstraram haver variabilidade significativa para as linhas em todas as características. Considerando-se a característica reação à mancha bacteriana, por meio da seleção entre e dentro, selecionaram-se as linhas F_{2:3} 105, 111, 125, 157, 226, 260, 282, 288, 313, 475 e 517, proporcionando ganhos genéticos em torno de -40,0%. Utilizando-se seleção massal, os indivíduos 041, 105, 118, 209, 341, 379, 434, 475 e 517, foram selecionados. O ganho obtido por seleção foi em torno de -28,0%. A seleção combinada permitiu selecionar as linhas 111, 260 e 313, promovendo ganhos genéticos em torno de -266,0%. Considerando-se o **método SSD**, o experimento foi conduzido em condições de casa de vegetação para avançar as gerações (F₃ a F₅) e campo (geração F₆) para seleção de linhas. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições. A avaliação da reação à mancha bacteriana foi semelhante àquela realizada para o método genealógico, porém a inoculação foi feita aos 56 dias após o transplante, na concentração de 10^5 ufc/mL. Transcorridos cinco dias após a inoculação das plantas, foram realizadas sete avaliações visuais, atribuindo-se notas de acordo com os sintomas apresentados pelas plantas, sendo 1 e 2, considerados resistentes, e 3 a 5, suscetíveis. Estes valores foram utilizados para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença, por meio do *software* AVACPD (Torres e Ventura, 1991). Outras características avaliadas foram: peso total de frutos, número total de frutos, peso médio de frutos, comprimento de frutos, diâmetro de frutos, relação entre comprimento e diâmetro de frutos, altura das plantas, diâmetro da copa das plantas e presença de capsaicina. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do *software* Genes (Cruz, 2001). Os resultados demonstraram haver variabilidade significativa para as linhas em todas as características. As estimativas de herdabilidade foram expressivas, superiores a 50% para todas as características, sugerindo boas perspectivas

para seleção. Considerando-se a característica reação à mancha bacteriana, por meio da seleção entre e dentro, sobressaíram-se as seguintes linhas F₆: 011, 021, 032, 104, 114, 183, 214, 226, 239, 251, 301, 316, 399, 434, 470, 474, 517 e 527. Por meio da seleção combinada, as linhas F₆ 008, 032, 100, 104, 168, 214, 239, 301, 316, 339, 399, 428, 434, 470, 474, 504, 512 e 517 foram selecionadas. Os ganhos por seleção alcançaram valor máximo de -38,29% e a eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro foi superior a unidade. Dentre estas seleções, as linhas F₆ 032, 251, 316, 339, 399, 434, 504 e 517 não apresentaram capsaicina, sendo potencialmente recomendadas como genótipos de pimentão resistentes à mancha bacteriana. As linhas 226, 434 e 517 foram selecionadas tanto na geração F_{2:3} (método genealógico) quanto na geração F₆ (método SSD).

ABSTRACT

RIVA, E. M.; D.Sc. ; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March, 2006. Use of the genealogic and *Single Seed Descent* (SSD) methods for attainment of sweet pepper lines resistant to the bacterial spot. Advisor: Rosana Rodrigues. Counsellor: Messias Gonzaga Pereira.

The sweet pepper has its wronged income because of the occurrence of the bacterial spot, caused for the *Xanthomonas campestris pv. vesicatoria* bacterium. The present work objectified to advance generations and to select superior sweet pepper genotypes using the breeding methods Genealogic (Pedigree) and Single Seed Descent (SSD) from the segregating population derivative of the cross between the accesses of *Capsicum annuum* L. UENF 1421 (susceptible to the bacterial spot, pungent and presenting characteristic of production and quality of the fruit that takes care of the market) and UENF 1381 (resistant to the bacterial spot disease and pungent). Considering the genealogic method, it was used the experimental scheme of lines without repetitions, intercalated with witnesses with repetitions. It had been used 56 lines F_{2:3} and 4 repetitions of the genitors. For the evaluation of the reaction to the bacterial spot, the isolated ENA 4135 was used and the inoculation was carried through to the 42 days after the transplant, in one of leaves of average terse superior of the plant, by means of the infiltration of bacterial suspension, in the 10³ ufc/mL concentration, in 1,0 cm² of the mesophyll. After three weeks of

the inoculation, the leaves had been collected and digitalized using the scanner. The foliar area with symptoms was analyzed by means of the Quant software (Valle et al., 2003). The characteristics total weight of fruits, total number of fruits and average weight of fruits had been evaluated. The statistical analyses had been carried through with the aid of Gene software (Cruz, 2001), considering the procedures Lines and intercalate parents and Families with intercalate witnesses. The results had demonstrated to have significant variability for the lines in all the characteristics. Considering the characteristic reaction to the bacterial spot disease, by means of the selection methods among and within, the lines had been selected: F_{2:3} 105, 111, 125, 157, 226, 260, 282, 288, 313, 475 e 517, providing genetic profits around - 40.0%. Using massal selection, the individuals 041, 105, 118, 209, 341, 379, 434, 475 and 517, were selected. The profit gotten for the selection was around - 28.0%. The combined selection allowed selecting lines 111, 260 and 313, promoting genetic profits around - 266.0%. Considering the SSD method, the experiment was carried out in greenhouse conditions to advance the generations (F₃ the F₅) and field (F₆ generation) for the selection of lines. It was used experimental delineation in randomized blocks, with three repetitions. The evaluation of the reaction to the bacterial spot disease was similar to that one carried through for the genealogic method, however the inoculation was made to the 56 days after the transplant, in the concentration of 10⁵ ufc/mL. Passed five days after the inoculation of the plants, had been carried through seven visual evaluations, attributing notes in accordance with the symptoms presented for the plants, being 1 and 2, considered resistant ones, and the 3 to 5, susceptible. These values had been used to calculate the area below of the curve of progress of the disease, by means of AVACPD software (Torres e Ventura, 1991). Other evaluated characteristics were: total weight of fruits, total number of fruits, average weight of fruits, length of fruits, diameter of fruits, relation between length and diameter of fruits, height of the plants, diameter of the pantry of the plants and presence of capsaicin. The statistical analyses had been carried through with the aid of Gene software (Cruz, 2001). The results had demonstrated to have significant variability for the lines in all the characteristics. The estimates of heritability had been expressive, superior 50% for all the characteristics, suggesting good perspectives for selection. Considering the

characteristic reaction to the bacterial spot disease, by means of the selection methods among and within, become prominent the following lines F_6 : 011, 021, 032, 104, 114, 183, 214, 226, 239, 251, 301, 316, 399, 434, 470, 474, 517 and 527. By means of the combined selection, the lines F_6 008, 032, 100, 104, 168, 214, 239, 301, 316, 339, 399, 428, 434, 470, 474, 504, 512 and 517 had been selected. The profits for selection had reached maximum value of - 38.29% and the efficiency of the combined selection in relation to the selection methods among and within the unit was superior. Amongst these selections, the lines F_6 032, 251, 316, 339, 399, 434, 504 and 517 had not presented capsaicin, being recommended potentially as sweet pepper genotypes resistant to the bacterial spot disease. The lines 226, 434 and 517 had been selected in such a way in the $F_{2:3}$ generation (genealogic method) how much in the F_6 generation (method SSD).

1. INTRODUÇÃO

O gênero *Capsicum* originou-se nos trópicos americanos, onde cinco espécies foram domesticadas (Pickersgill, 1997) e vêm sendo utilizadas sob diferentes formas por uma ampla gama de povos ao redor do planeta (Luz, 2001).

O pimentão (*Capsicum annuum* L.) está entre as dez hortaliças de maior importância mundial, sendo seu cultivo uma atividade significativa para o setor agrícola brasileiro (Reifschneider, 2000), com especial destaque para o Estado do Rio de Janeiro (Aguiar et al., 2003). A importância econômica de pimentões vem crescendo no Brasil e em diversos países, com aumento do consumo *in natura* e do processamento de molhos, temperos e conservas (Azevedo et al., 2005).

Contudo, o pimentão tem seu rendimento prejudicado já algum tempo por vários fatores limitantes (Maringoni e Kimati, 1987). Mesmo com os diversos cuidados e a inclusão de novas tecnologias ao sistema de produção da cultura, os problemas fitossanitários ainda representam um sério entrave à produtividade e um risco potencial de perdas para o produtor (Azevedo et al., 2005).

Entre as doenças consideradas mais destrutivas da cultura, responsável por perdas significativas em pimentão, cita-se a mancha bacteriana, causada pela bactéria *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. A infecção e o desenvolvimento da doença são favorecidos por longos períodos de chuva, baixa resistência das cultivares nacionais e ineficiência do controle químico, que é freqüentemente realizado por meio de antibióticos, os quais favorecem o aparecimento de raças resistentes (Aguiar et al., 2000). A mancha bacteriana ocorre em todos os

estádios de desenvolvimento do pimentão, mas é mais prejudicial na fase de mudas em casa de vegetação e em folhas, ramos e frutos das plantas adultas, os quais apresentam sintomas tipicamente necróticos (Kimura e Carmo, 1996).

Entre os métodos de controle recomendados, a utilização de cultivares resistentes é um dos mais eficientes, devido ao baixo custo que representa para os produtores, a melhoria na qualidade final do produto para o consumidor, a redução na poluição ambiental e no uso de agrotóxicos (Silva, 2003).

Para o pimentão, o número de cultivares disponíveis com resistência a doenças está abaixo do desejável (Silva, 2003). Desse modo, há um crescente interesse em desenvolver cultivares de pimentão com resistência à doença (Sahin e Miller, 1998). Porém, uma cultivar resistente necessita ser tão boa quanto as outras que dominam o mercado na ausência da doença, ou ela não será adotada, por melhor que seja o nível de resistência que possa apresentar (Reifschneider e Lopes, 1998).

Estudos para resistência à mancha bacteriana em pimentão envolvendo o conhecimento do seu controle genético, identificação de fontes de resistência e busca por cultivares resistentes têm sido conduzidos no exterior e no Brasil (Cook e Stall, 1963; Ribeiro et al., 1982; Stall e Cook, 1996; Juhász, 2002; Costa et al., 2002a; Sudré, 2003; Riva et al., 2004a; Riva-Souza et al., 2005).

Costa et al. (2002a) indicaram o acesso UENF 1381 e a combinação UENF 1421 x UENF 1381 como superiores para resistência à mancha bacteriana e características agrônômicas para frutos pungentes. Estes mesmos autores, através da análise de cruzamentos dialélicos, proposta por Griffing (1956), observaram que principalmente efeitos aditivos estão envolvidos no controle genético da resistência à mancha bacteriana, tanto em folhas como em frutos, o que caracteriza a possibilidade da fixação dessa resistência em gerações futuras, por meio de seleção.

Em um programa de melhoramento, vários métodos para escolha de progenitores e condução das gerações segregantes estão disponíveis.

Para plantas autógamas, o método genealógico, também conhecido como *pedigree* (Nilsson, 1914) é um dos mais usados (Allard, 1971). Este método tem por princípio a seleção individual de plantas na população segregante, baseando-se na avaliação de cada progênie separadamente. A seleção com teste de progênie maximiza a eficiência da seleção. Como vantagens, esse método

permite o controle do grau de parentesco entre as seleções; o descarte de indivíduos inferiores em gerações precoces; a utilização de dados obtidos para estudos genéticos e possibilita o treinamento de melhoristas. Porém, como desvantagens, permite a condução de uma única geração por ano, tornando o método moroso, exige elevada demanda de mão-de-obra e campo experimental e requer pessoal qualificado para selecionar tipos desejáveis (Borém, 2001).

Uma modificação do método genealógico, denominado *Single Seed Descent* (SSD) foi descrito por Brim (1966). Neste método, a população segregante é conduzida em ambientes não representativos das condições em que seriam cultivadas comercialmente (Fehr, 1987). A principal característica do SSD é a redução do tempo requerido para obtenção de linhagens homozigóticas, uma vez que os processos de avaliação e seleção de genótipos só se iniciam após a obtenção das linhagens em homozigose, e assim, várias gerações podem ser conduzidas num ano (Borém, 2001). Uma das vantagens do método é exigir apenas uma área restrita para a condução das populações segregantes (Ramalho et al., 1993), como casas de vegetação.

O presente trabalho objetivou avançar gerações e selecionar genótipos superiores de pimentão utilizando-se os métodos de melhoramento Genealógico (*Pedigree*) e *Single Seed Descent* (SSD) a partir da população segregante derivada do cruzamento entre os acessos de *Capsicum annuum* L. UENF 1421 (suscetível à mancha bacteriana) e UENF 1381 (resistente à mancha bacteriana).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A espécie *Capsicum annuum* L.

2.1.1. Origem, dispersão e domesticação

Acredita-se que o nome *Capsicum* possa ser originado do latim, de *capsa* ou *cápsula* que significa “caixa”. Porém, *Capsicum* também pode ser originado da palavra grega *kaptein* ou *kapto*, que significa morder e o nome teria sido escolhido fazendo referência a pungência dos frutos (Andrews, 1995; Basu e De, 2003).

De acordo com os estudos de Nikolai Vavilov, o centro de origem do gênero *Capsicum* localiza-se entre o sul do México e a América Central, incluindo as Antilhas (Lam-Sanchez, 1992). Esse gênero é composto por 20 a 30 espécies, das quais cinco são cultivadas: *Capsicum annuum* L., *Capsicum frutescens* L., *Capsicum chinense* Jacq., *Capsicum baccatum* L. e *Capsicum pubescens* R. e P. (IBPGR, 1983; Govindarajan, 1985; Viñals et al., 1996).

As espécies de *Capsicum* podem ter sido selecionadas em áreas originais, designadas de centros primários, e posteriormente introduzidas em áreas diferentes, onde, pelo processo de seleção, continuam gerando novos tipos morfológicos, sendo essas novas áreas chamadas centros secundários. O centro primário de diversidade de *Capsicum annuum* var. *annuum*, que é a forma domesticada mais variável e largamente cultivada, inclui o México e a América Central. Centros secundários existem no sudeste e no centro da Europa, na África, na Ásia e em partes da América. O Brasil é um importante centro secundário de espécies domesticadas, onde se observa considerável diversidade de *Capsicum annuum* var. *annuum* (Reifschneider, 2000).

Acredita-se que *C. annuum* tenha sido domesticada no México (Pickersgill, 1997), sendo que a área de abrangência original desta espécie durante a era pré-Colombiana variava do Sul do México até a Colômbia. Com o passar dos tempos, essa espécie de provável origem Mesoamericana se tornou cultivada em praticamente todos os países do mundo (Andrews, 1995).

Exclusivo das Américas, o gênero *Capsicum* se expandiu com grande velocidade por outras partes do mundo a partir do século XVI, quando a movimentação das populações européias entre as comunidades indígenas foi intensificada (Luz, 2001). Os pássaros também podem ter contribuído para a dispersão das espécies de *Capsicum* (De Witt e Bosland, 1997).

2.1.2. Botânica

A taxonomia do gênero *Capsicum* é complexa, devido a grande variabilidade de formas existentes nas espécies cultivadas e a diversidade de critérios utilizados em sua classificação. É uma Angiospermae, Dicotyledonea, pertencente à divisão Spermatophyta, ordem Solanales, família Solanaceae, subfamília Solanoideae e tribo Solaneae (Viñals *et al.*, 1996).

Fazendo-se referência especialmente a espécie mais cultivada, *Capsicum annuum* var. *annuum* é autógama e diplóide com $2n = 24$ cromossomos (Heiser Júnior, 1976), considerada planta perene, porém cultivada como cultura anual (Filgueira, 2000) e inclui as variedades mais comuns do gênero *Capsicum*, como pimentões doces, pimentas doces para páprica, pimenta 'jalapeño' e outras, além de algumas cultivares ornamentais (Reifschneider, 2000).

As flores são isoladas, pequenas e hermafroditas. Os frutos são bagas ocas de formato cônico ou cúbico, de cores vermelha, amarela, dentre outras, quando maduros (Filgueira, 2000). Algumas populações silvestres de frutos pequenos possuem polpa mole. O pedicelo é pendente ou inclinado, na fase de antese. A corola é branca, muito clara, sem manchas na parte basal dos lóbulos, que são eretos. O cálice pode apresentar-se enrugado em populações com frutos grandes e possuir dentes bem pronunciados, resultantes do prolongamento de suas próprias nervuras, não existindo constrição na junção do cálice com o pedicelo. As sementes são cor de palha (Casali e Couto, 1984).

2.1.3. Importância econômica

As hortaliças, diferentemente dos grãos, ocupam áreas pequenas e têm grande inserção na agricultura familiar, chegando a ocupar cerca de 800 mil hectares. O cultivo de hortaliças gera cerca de 2,5 milhões de empregos no campo, produzindo aproximadamente 15 milhões de toneladas de produtos anualmente, com uma grande contribuição no agronegócio brasileiro. Além da importância como agronegócio, as hortaliças possuem grande valor alimentício, uma vez que são fontes de vitaminas, sais minerais e muitos outros produtos de importância para a saúde humana, como os licopenos, recentemente identificados como produtos protetores contra doenças degenerativas (Queiroz, 2003).

Dentre as hortaliças, o pimentão é cultivado praticamente em todo o mundo, destacando-se os países grandes produtores, como China, Tailândia, Coreia do Sul, Índia, Japão, México, Estados Unidos e o Brasil (Henz, 2004).

No Brasil, o cultivo do pimentão é uma atividade significativa para o setor agrícola. Cerca de 12.000 ha são cultivados com esta hortaliça, com uma produção de, aproximadamente, 280 mil toneladas de frutos em todos os Estados brasileiros, concentrando-se em São Paulo e Minas Gerais, que plantam, em conjunto, cerca de 5.000 ha, alcançando uma produção de 120 mil toneladas (Ribeiro e Cruz, 2002). O Estado do Rio de Janeiro produz em torno de 24 mil toneladas, alcançando valores de aproximadamente 10 milhões de reais (IBGE, 2003). O agronegócio de pimentão também exerce importância na agricultura familiar e na integração pequeno agricultor-agroindústria (Ribeiro, 2004). A produção de sementes envolve recursos da ordem de 1,5 milhões de dólares (Ribeiro e Cruz, 2002).

A importância do pimentão é atribuída às suas propriedades de acentuar sabor, aroma e cor de diversos pratos na culinária. Considerando o consumo dos frutos verdes e *in natura*, o pimentão é a hortaliça de maior riqueza em vitamina C, até 180 mg em 100g de pimentão, ultrapassando o teor de tradicionais fontes desta vitamina, como as frutas cítricas (Lúcio et al., 2003).

Existem também algumas variedades de *C. annuum* L. que produzem metabólitos secundários na placenta dos frutos, os quais são denominados capsaicinóides e condicionam a característica de pungência (“ardência”) nestes frutos (Harvell e Bosland, 1997). A presença de pungência em *C. annuum* L. é controlada por um gene dominante (C) e a ausência de pungência pelo gene

recessivo (c). Esta é uma das características mais importantes em *C. annuum* L., tornando a disponibilidade de dados sobre pungência um importante critério para seleção de genótipos (Jarret et al., 2003). Além de suas propriedades pungentes, os compostos capsaicinóides também têm sido estudados e usados com propósitos medicinais e militares, como cremes analgésicos e *spray* defensivo (Law, 1983, citado por Karnka et al., 2002). Os melhoristas têm dispensado esforços para desenvolver variedades completamente “doces”, porém é difícil distinguir plantas de pimentão ocasionalmente pungentes daquelas completamente não pungentes, pois há uma carência em pesquisas sobre as condições de cultivo que afetam o desenvolvimento da pungência (Minamiyama et al., 2005).

2.2. Doenças: um fator limitante

As plantas, em geral, estão sujeitas a um variado número de doenças e pragas. O pimentão não é exceção. Apesar dos diversos cuidados e das inovações tecnológicas envolvidas no sistema de produção da cultura, os problemas fitossanitários ainda representam um sério obstáculo à produtividade e um risco potencial de perdas para o produtor. Diversas doenças são observadas tanto em cultivo protegido como em campo aberto, como as viroses, a murcha de fitófтора, a antracnose, o oídio, a murcha bacteriana (Azevedo et al., 2005) e a mancha bacteriana, uma das mais importantes (Jones et al., 2000).

Entre as viroses, pode-se citar o PVY, vírus do mosaico do pimentão, uma das mais importantes viroses, que impede o plantio de pimentões suscetíveis no Centro-Sul do país. Sua incidência é mais acentuada no período em que a temperatura oscila entre 18 e 22 °C, quando a proliferação do vetor é grande (Kurozawa e Pavan, 1997). A Embrapa Hortaliças conduz um programa de melhoramento para resistência a esse vírus (Reifschneider, 2000). A obtenção de variedades resistentes ao mosaico amarelo causado pelo potyvirus *Pepper Yellow Mosaic Virus* (PepYMV) também é considerada uma das prioridades do melhoramento de pimentão. A Universidade Federal de Lavras desenvolve pesquisas neste sentido (Valle et al., 2002). O PepYMV foi relatado ocorrendo em híbridos suscetíveis de pimentão na região serrana do Espírito Santo, abrangendo os municípios de Vargem Alta, Venda Nova do Imigrante e Domingos Martins (Ávila et al., 2004).

A murcha do pimentão, causada pelo fungo *Phytophthora capsici* Leonian (Santos e Goto, 2004), constitui-se na principal doença fúngica da cultura, no Brasil, sendo destrutiva à maioria das cultivares e híbridos disponíveis (Ribeiro et al., 2002, Valle et al., 2002). O programa de melhoramento da Hortícolas está concentrado na resistência a esta doença e lançou alguns genótipos resistentes, entre os quais, 'Hércules'. O híbrido 'Martha', lançado pela Embrapa Hortaliças, também é resistente (Reifschneider, 2000). Outra doença fúngica é a antracnose, causada por *Colletotrichum gloeosporioides* (Kurosawa e Pavan, 1997), considerada uma doença comum, de ocorrência generalizada no Brasil, especialmente quando o período de cultivo coincide com chuvas e incidência de clima quente e úmido. Nessas condições, a antracnose é altamente destrutiva e causa perdas de até 100% na produção de frutos (Azevedo et al., 2005) e tem sido alvo de pesquisas (Chagas e Tokeshi, 2001). O oídio também é uma importante doença do pimentão (Lima et al., 2004), principalmente em estufas (Blat et al., 2003). Seu controle por meio de fungicidas tem se apresentado ineficaz, tornando a resistência genética uma melhor alternativa (Blat et al., 2002).

Entre as doenças bacterianas, cita-se a murcha bacteriana, causada por *Pseudomonas solanacearum* (*Ralstonia solanacearum*), que é uma enfermidade de importância limitada na maioria dos centros produtores de pimentão, afetando, ocasionalmente, na fase de viveiros (Kimura, 1984a). Entretanto, há relatos de destruição das culturas, a ponto de limitar plantios em algumas áreas (Kurosawa e Pavan, 1997). Outra bacteriose que contribui grandemente para a limitação do cultivo do pimentão é a mancha bacteriana, devido aos danos causados pela bactéria à cultura e a sua dificuldade de controle.

2.2.1. Mancha bacteriana: histórico, importância e métodos de controle

A mancha bacteriana é a principal bacteriose do pimentão em regiões ou épocas com alta umidade e temperatura na faixa de 25 – 28 °C, com alta incidência no Brasil, nas regiões Sudeste e Sul, durante o verão, principalmente porque chove muito e as variedades e híbridos mais plantados são suscetíveis (Kurozawa e Pavan, 1997). A temperatura máxima limitante ao desenvolvimento da bactéria encontra-se acima de 35°C, e a mínima é inferior a 16°C (Carmo et al., 1996a).

A relação entre taxonomia e evolução envolvendo os membros do gênero *Xanthomonas* associado com pimentão tem gerado controvérsias desde a sua descrição original em 1921 (Jones et al., 2000). *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* foi considerada por mais de 70 anos como um organismo homogêneo (Dye et al., 1964), todavia, Stall et al. (1994), ressaltaram sua divisão em dois grupos geneticamente diferenciados por características fisiológicas, bioquímicas e patológicas, denominados grupo A e grupo B. Vauterin et al. (1995), classificou os membros do grupo A como *Xanthomonas axonopodis* pv. *vesicatoria*, e os membros do segundo grupo como *Xanthomonas vesicatoria*. Posteriormente, identificaram-se quatro grupos, incluindo *Xanthomonas axonopodis* pv. *vesicatoria* (grupos A e C), *Xanthomonas vesicatoria* (grupo B) e *Xanthomonas gardneri* (grupo D) (Jones et al., 1998; Jones et al., 2000). Atualmente, a classificação proposta para o agente causador da mancha bacteriana em pimentão é *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* (Jones et al., 2004).

Xanthomonas campestris pv. *vesicatoria* é uma bactéria gram-negativa, baciliforme, móvel por meio de um flagelo polar, formadora de colônia amarela lisa em meio de nutriente-ágar (Kurozawa e Pavan, 1997). Devido a sua importância, seu genoma já foi seqüenciado, sendo constituído por um cromossomo circular com 5,17 Mb e quatro plasmídeos (Thieme et al., 2005).

As plantas podem ser afetadas pela bactéria em quaisquer estádios de desenvolvimento (Kurozawa e Pavan, 1997). A penetração no tecido foliar se dá por meio dos estômatos e ferimentos e a colonização dos espaços intercelulares é localizada, induzindo sintomas visíveis, como lesões encharcadas que mais tarde se tornam necroses, resultando em desfolha e frutos severamente manchados, conduzindo a perdas economicamente importantes para a cultura (Thieme et al., 2005). A desfolha resulta em menor produtividade e na exposição dos frutos à queima pela incidência direta de raios solares (Reifschneider, 2000). Os danos diretos causados sobre os frutos são mais raros, uma vez que a bactéria deve penetrar através de lesões provocadas por insetos e/ou outros danos mecânicos. Nesses casos, os frutos mostram pústulas necróticas de 3 a 6 mm de diâmetro, tornando-os comercialmente imprestáveis (Viñals et al., 1996).

A bactéria pode permanecer em resíduos vegetais, ervas daninhas e outras plantas cultivadas que sejam suas hospedeiras (Viñals et al., 1996). Em sementes armazenadas é possível sobreviver e manter sua viabilidade por mais

de 10 anos (Kimura, 1984a), além de servir como fonte de inóculo (Bashan et al., 1982). A disseminação se dá por meio de correntes de ar, insetos e principalmente pela água, tornando o controle da doença ainda mais difícil (Viñals et al., 1996). Mesmo com poucas plantas afetadas a doença pode se espalhar por todo o campo de cultivo, com auxílio de ventos fortes (Reifschneider, 2000), principalmente ao final da tarde. A chuva é um fator determinante na evolução da epidemia de mancha bacteriana do pimentão, não só por promover a disseminação como também por criar ótimas condições para a penetração e a infecção (Carmo et al., 1996a). Apesar da inexistência de dados quantitativos, observações preliminares sugerem que baixos níveis de contaminação bacteriana em sementes podem gerar severas epidemias da doença no campo (Carmo et al., 1996b).

A ocorrência da mancha bacteriana em pimentão foi relatada pela primeira vez no Brasil em 1947, na região Nordeste, sendo considerada, desde então, uma das doenças de hortaliças mais difundidas no país, encontrada praticamente em todos os Estados do Brasil (Batista, 1947; Frenhani et al., 1972; Kimura, 1984b; Kimura e Carmo, 1996).

No Brasil, não existem informações quantitativas dos prejuízos advindos da doença, porém têm-se observado, freqüentemente, perdas significativas quando a doença incide nos viveiros, ou quando o ciclo da cultura coincide com períodos chuvosos. Os agricultores chegam a abandonar culturas inteiras porque os métodos de controle comumente utilizados são ineficientes (Kimura e Carmo, 1996).

Algumas medidas recomendadas para o controle da mancha bacteriana são a rotação de culturas, excluindo-se plantas solanáceas, por dois ou três anos, e a utilização de sementes sadias (Kurozawa e Pavan, 1997). Carmo et al. (1996b) sugerem que, para o controle efetivo da mancha bacteriana do pimentão, não se tolera sementes com qualquer nível de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. Outros métodos de controle propostos são o plantio em locais não sujeitos à cerração ou muito orvalho em épocas de temperaturas amenas e pouco chuvosas; plantio em ambiente protegido em épocas quentes e chuvosas e pulverização periódica com antibióticos (Kimura, 1984a).

O controle químico é ainda dificultado pela ocorrência alta e freqüente de estirpes resistentes ao sulfato de estreptomicina (Pohronezny, 1992; Quezado-

Duval et al., 2003) e ao cobre (Buonaurio et al., 1993; Aguiar et al., 2000; Aguiar et al., 2003; Quezado-Duval et al., 2003; Obradovic et al., 2004). Silva et al. (2003), estudando o efeito de cultivar e de pulverizações com produtos químicos e biológicos sobre a mancha bacteriana e o desenvolvimento da cultura do pimentão, observaram que o oxiclreto de cobre inibiu o desenvolvimento vegetativo das plantas, e o biofertilizante AGROBIO estimulou o desenvolvimento vegetativo, porém não se verificou eficiência no controle da doença com nenhum desses produtos. Já o híbrido 'Magali R' foi significativamente superior às cultivares 'Magda' e 'Cascadura Itaipu', quanto ao vigor das plantas e quanto à resistência à mancha bacteriana.

Um dos principais métodos de controle de doenças de plantas é a resistência genética, por meio de mecanismos de defesa da própria planta (Menten, 1990). Para a resistência ocorrer, ambos os organismos interagindo precisam expressar o gene de resistência da planta e o gene bacteriano de avirulência, sendo que, vários laboratórios mostraram que a proteína de avirulência bacteriana funciona como elicitor que é percebido dentro da célula da planta (Ulla e Ackerveken, 1997).

A praticidade da resistência genética está na premissa de que o controle já vem "embutido" na semente adquirida, com a vantagem de reduzir a contaminação do ambiente e dos alimentos pelo uso dos agrotóxicos (Lopes e Ávila, 2002).

2.3. Melhoramento de *Capsicum annuum* L. para resistência à mancha bacteriana

A busca por resistência a múltiplas doenças em pimentão tem atraído grande atenção por parte dos pesquisadores (Poulos, 1994; Pickersgill, 1997), tornando a cultura prioritária para a incorporação de resistência a doenças (Mello, 2004). É grande o interesse do setor público no desenvolvimento de populações e linhagens que podem se constituir em material básico a ser utilizado pelos setores privado e público (Ribeiro, 2004). Desta forma, destaca-se o melhoramento do pimentão para resistência à mancha bacteriana (Jones et al., 2002; Costa et al., 2002a; Costa e Rodrigues, 2002; Juhász et al., 2001; Juhász et al., 2002; Sudré, 2003; Noda et al., 2003; Riva et al., 2004a; Riva et al., 2004b; Rodrigues et al., 2004; Riva-Souza et al., 2005).

Para o desenvolvimento de variedades resistentes faz-se necessário além de conhecer a cultura em questão, conhecer o agente etiológico da doença e seus patótipos. Todavia, constatou-se que, para *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, existe, na literatura, uma enorme discrepância sobre a denominação de seus patótipos, conhecidos como raça ou estirpe (Cook e Stall, 1969).

Reifschneider et al. (1985) estabeleceram a divisão dos patótipos da bactéria em oito grupos. Considerando-se a terminologia raças, já foram relatadas a ocorrência de 11 raças de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* descritas para pimentão (Jones et al., 1995; Kousik e Ritchie, 1995; Jones et al., 1998; Sahin e Miller, 1998; Kousik e Ritchie, 1999; Sahin, 2001).

As raças da bactéria foram classificadas baseando-se na reação hipersensível (RH) em três linhas quase-isogênicas da cultivar de pimentão *Early Calwonder* (ECW), contendo, cada uma, um gene para resistência. As raças 1 e 4 possuem o gene para avirulência *avrBs3* e elicitam a RH em plantas de ECW – 30R. Já as raças 0, 1, 2 e 3 possuem o *avrBs2* e elicitam a RH em plantas com o gene de resistência *Bs2* (ECW – 20R). Observa-se que o gene *Bs2* oferece uma ampla taxa de resistência contra as raças patogênicas da bactéria (Kousik e Ritchie, 1996). Foi verificado que a combinação de mais de um gene de resistência está associada com maior nível de resistência na planta. A raça 4 foi menos severa na isolinha ECW 12R, que contém os genes *Bs1* e *Bs2*, do que nas isolinhas ECW, ECW 10R (contém o gene *Bs1*) e ECW 20R (contém o gene *Bs2*). Resultados similares foram verificados para a raça 3, que foi menos severa na isolinha ECW 13R (contendo os genes *Bs1* e *Bs3*) e na isolinha ECW 123R, (contendo os genes *Bs1*, *Bs2* e *Bs3*) em relação às isolinhas ECW, ECW 10R, ECW 20R e ECW 30R (o qual contém o gene *Bs3*) Kousik e Ritchie (1999).

Estudos sobre o controle genético desta característica estão sendo desenvolvidos por diversos pesquisadores no Brasil e no exterior, destacando sua complexidade, uma vez que a resistência à mancha bacteriana em pimentão pode ser governada por um único gene ou por vários genes. Adamson e Sowell Júnior (1983) afirmam que existem diferentes genes para resistência no patossistema *Capsicum*– *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*.

Walkes e O'Garro (1996) citam que a resistência em *Capsicum annum* L. à *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, está associada com a reação de hipersensibilidade (RH). Minsavage et al. (1990) observaram sintomas típicos de

RH quando os espaços intercelulares de folhas de pimentão eram infiltradas com suspensão bacteriana na concentração de $10^8 - 10^9$ ufc/ml.

A hipersensibilidade parece ser muito difundida na natureza e ocorre em associações incompatíveis bactéria-planta (Romeiro, 1995). É resultante da morte de um número limitado de células do hospedeiro que se encontram circundando os sítios de infecção. Na sua forma clássica, mostra-se como uma pequena necrose, visível a olho nu, podendo ocorrer em diferentes órgãos das plantas. A RH ocorre somente em interações incompatíveis, envolvendo a infecção da planta por vírus, bactérias e fungos (Pascholati e Leite, 1995). Bactérias presentes no local da expressão da RH são isoladas pelos tecidos necróticos e morrem rapidamente (Pascholati e Leite, 1994). Do ponto de vista fisiológico, a planta hipersensível é extremamente suscetível, mas, do ponto de vista do melhorista, é extremamente resistente, uma vez que o patógeno, nestas condições, causa danos reduzidos à planta (Camargo, 1995). Este mesmo autor, citando Keen (1990), relata que a hipersensibilidade é um tipo de resistência quase sempre monogênico.

Cook e Stall (1963) encontraram no PI (*Plant Introduction*) 163192, resistência à mancha bacteriana, controlada por apenas um gene de caráter dominante. Este resultado foi confirmado por Adamson e Sowell Júnior (1983), que sugeriram, ainda, ser a resistência do PI 322719 devida a um outro gene dominante. Para PI 163189, os autores indicaram que dois genes podem estar envolvidos no controle da resistência, e anteriormente, os autores já haviam detectado a ocorrência de fatores aditivos em associação com um gene dominante (Adamson e Sowell Júnior, 1982). Kim e Hartmann (1985) concluíram que, no PI 271322, a resistência por hipersensibilidade era controlada por um gene dominante, denominado *Bs3*.

Relatos relacionados a genes recessivos controlando a resistência à mancha bacteriana em pimentão também ocorrem na literatura. Sowell Júnior e Dempsey (1977) verificaram que, no PI 271322, a resistência também se mostrou recessiva. Ribeiro et al. (1982) identificaram alto nível de resistência genética de natureza recessiva à mancha bacteriana na variedade de pimenteira Santaka (*Capsicum annuum* L.). Souza (1998) sugeriu o controle da resistência à mancha bacteriana efetuado por um ou poucos locos gênicos, sendo os alelos recessivos. Hibberd et al. (1998) verificaram herança do tipo poligênica, governada por genes

recessivos e do tipo monogênica, controlada por um gene dominante, para reação à mancha bacteriana em pimentão, utilizando diferentes isolados da bactéria *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. Jones et al. (2002), estudando a herança da resistência à mancha bacteriana nas gerações ECW 12346, ECW 123, F₁, F₂ e retrocruzamentos, inoculadas com a raça 6 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *vesicatoria*, identificaram dois genes recessivos determinando a resistência, designados de *bs5* e *bs6*. O genótipo ECW 12346 foi desenvolvido com resistência derivada de ECW 123 (*Early Calwonder* contendo os genes *Bs1*, *Bs2* e *Bs3*), PI 271322 (*bs5*) e Pep 13 (*bs6*). Esse número de genes se aproxima daquele encontrado por Riva et al. (2004a), que trabalhando com populações segregantes do cruzamento entre UENF 1421 e UENF 1381 verificaram que três genes recessivos eram responsáveis pela resistência à mancha bacteriana. Juhász (2002), estudando gerações segregantes derivadas do cruzamento 'Apolo' x BGH 1772, verificou a presença de herança poligênica e recessiva para resistência à mancha bacteriana.

Esforços têm sido dispensados no sentido de identificar fontes de resistência à mancha bacteriana. Stall (1981) cita que fontes de resistência podem ser selecionadas avaliando-se as plantas resistentes através da contagem do número de lesões nas folhas, após a inoculação por infiltração de suspensão bacteriana pouco concentrada. Escala de notas (Sudré, 2003; Riva et al., 2004a) e programas de computador para análise de imagens também têm sido utilizados. Lobo et al. (2005), estudando componentes da resistência à mancha bacteriana em tomate, verificaram que o número de lesões e o período latente apresentaram-se como caracteres fáceis e rápidos de serem avaliados, e estes componentes podem explicar, em grande parte, a resistência observada nos genótipos avaliados pelo sistema de notas.

Bongiolo Neto et al. (1986b), avaliando genótipos de *Capsicum*, observaram que os genótipos CNPH 183, CNPH 187 e CNPH 703 são as três fontes de resistência mais promissoras para todas as regiões brasileiras, sendo o genótipo CNPH 703 imune a todos os grupos da bactéria, apesar de não ter apresentado reação de hipersensibilidade a nenhum deles. Os genótipos CNPH 188, CNPH 189 e CNPH 695 também são de grande valor, devido à distribuição geográfica dos grupos da bactéria. Para a região Sudeste, podem ser indicados CNPH 188 e CNPH 695 e para a região Nordeste, CNPH 189 (hipersensível ao

grupo 3). Costa et al. (2002a) indicaram o parental UENF 1381 e a combinação UENF 1421 x UENF 1381 como superiores para resistência à mancha bacteriana e características agronômicas para frutos pungentes. Sudré (2003) identificou os acessos UENF 1381, UENF 1496, UENF 1498, UENF 1558, UENF 1573, UENF 1578 e UENF1585 como fontes promissoras para resistência à mancha bacteriana em pimentão.

O Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), desenvolve um programa de melhoramento genético de pimentão visando incorporar resistência à mancha bacteriana. As progênies F₁₃ e F₁₄, selecionadas do cruzamento interespecífico entre *C. annuum* e *C. chinense*, apresentaram maior resistência e capacidade produtiva, quando comparadas à testemunha suscetível 'Cascadura Ikeda', em condições de ocorrência da doença e verificou-se que a capacidade de produção de frutos está relacionada aos níveis de resistência do hospedeiro ao patógeno (Noda et al., 2003).

2.4. Os métodos Genealógico e *Single Seed Descent* no melhoramento de plantas

A condição fundamental para execução de um programa de melhoramento é a existência de variabilidade genética, a qual pode ser obtida através de cruzamentos entre parentais divergentes. Ressalta-se a habilidade do melhorista para selecionar as plantas segregantes, sendo importante proporcionar condições favoráveis para expressão dos caracteres. Dessa forma, no caso da resistência a doenças, torna-se necessária a realização de inoculações para identificar indivíduos resistentes, quando a doença não ocorre naturalmente (Bueno et al., 2001). A maior eficiência dos programas de melhoramento está relacionada com a escolha do método adequado de condução das populações segregantes (Raposo et al., 2000). Esta escolha pode ser facilitada através do uso dos modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas, descritos na literatura (Mather e Jinks, 1982; Vencovsky e Barriga, 1992; Cruz e Regazzi, 2001; Cruz e Carneiro, 2003).

O método genealógico, também denominado *Pedigree* foi inicialmente proposto por Nilsson (1914), que observou que o meio mais efetivo para se obter um genótipo uniforme era por meio da avaliação de sua progênie. Neste método os tipos superiores são selecionados nas gerações segregantes, sendo mantido

um registro de todas as relações entre os progenitores e as respectivas progênies. A seleção é iniciada na geração F_2 , onde se espera que cada indivíduo seja diferente dos demais. Nas gerações F_3 e F_4 , ainda persiste heterozigose, e a seleção é praticada escolhendo-se as melhores plantas dentro das melhores famílias. Nas gerações F_5 e F_6 , espera-se que a maioria das famílias esteja em homozigose para uma grande parte dos locos, enfatizando 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, então o registro da genealogia possibilitará a escolha de um indivíduo das famílias relacionadas, para dar prosseguimento ao método, descartando-se os demais (Allard, 1971; Fehr, 1987).

Como vantagens, este método permite o controle do grau de parentesco entre as seleções; o descarte de indivíduos inferiores em gerações precoces; a utilização de dados obtidos para estudos genéticos e possibilita o treinamento de melhoristas. Porém, como desvantagens, podem ser citadas: este método não pode ser conduzido em ambientes onde a variabilidade genética para a característica a ser selecionada não se expresse, por exemplo, não há seleção para resistência a doenças quando o patógeno não está presente (Fehr, 1987), implicando na condução de uma única geração por ano, tornando o método moroso; exige elevada demanda de mão-de-obra e campo experimental; e requer pessoal qualificado para selecionar tipos desejáveis (Borém, 2001).

Uma modificação do método genealógico, denominado *Single Seed Descent* (SSD), ou seja, descendência por uma única semente, foi descrito por Brim (1966), sendo também denominado genealógico modificado. Este método consiste em avançar as gerações segregantes até um nível satisfatório de homozigose, tomando uma única semente de cada indivíduo de uma geração para estabelecer a geração subsequente (Brim, 1966). A principal característica do SSD é a redução do tempo requerido para obtenção de linhagens homozigóticas, uma vez que os processos de avaliação e seleção só se iniciam após a obtenção das linhagens em homozigose, e assim, várias gerações podem ser conduzidas num ano (Borém, 2001), em ambientes não representativos das condições em que seriam cultivadas comercialmente (Fehr, 1987).

A seleção em gerações avançada beneficia-se da maior variância genética aditiva presente, que é maximizada na população final, uma vez que,

cada linhagem na população final corresponde a uma planta F_2 diferente. Porém, a variância genética na população pode ser reduzida se mais de uma linhagem na população final corresponder a uma mesma planta F_2 (Fehr, 1987; Borém, 2001).

Suas vantagens referem-se à rapidez em atingir o nível desejado de homozigose; fornecer máxima variância genética entre linhagens na população final; ser de fácil condução; não exigir registro das genealogias; pode ser conduzido fora da região de adaptação e requer pequena demanda de área e mão-de-obra. Como desvantagens apresenta pequena oportunidade de seleção nas gerações precoces e não se beneficia da seleção natural quando esta é favorável (Borém, 2001).

Uma das limitações do SSD é a reduzida exploração da variabilidade na geração F_2 , pois, mesmo cada planta sendo amostrada, apenas uma semente não representa toda a variabilidade de cada indivíduo F_2 . Considerando-se cruzamentos convergentes, em que a diversidade genética entre os genitores é limitada, o grau de parentesco entre os indivíduos F_2 é relativamente alto e, conseqüentemente, a variabilidade entre sementes F_3 provenientes do mesmo indivíduo F_2 é relativamente baixa, provavelmente uma única semente seja suficiente para representar a variabilidade em cada F_2 . Entretanto, o mesmo não acontecerá em cruzamentos divergentes (Borém, 2001).

Estudos sobre os métodos de melhoramento vêm sendo conduzidos ao longo dos anos e diversas cultivares, resultantes de programas de melhoramento envolvendo o método genealógico e o SSD, foram liberadas para várias culturas.

Luedders et al. (1973) conduziram um estudo visando determinar entre os métodos *Bulk*, teste de geração precoce e genealógico, qual seria o mais adequado para o avanço de gerações visando produzir linhagens superiores de soja. Não foram observadas diferenças significativas para as linhagens obtidas, devidas aos métodos utilizados. Salmon et al (1978) verificaram que o método genealógico e o teste de geração precoce são igualmente eficientes para seleção visando rendimento em *Triticale*. Visando o melhoramento de trigo, Knott e Kumar (1975) compararam por meio de testes de rendimento, linhas derivadas do método genealógico, avançando até a geração F_5 , e do método SSD, avançando até a geração F_6 . Os autores observaram considerável eficiência do método SSD. Muehlbauer et al. (1981) compararam os métodos *Bulk* e SSD por simulação em computador, visando determinar qual deles mantinha maior variância genética

aditiva após quatro gerações de autofecundação. Na geração F_6 , a variância genética aditiva no método SSD foi maior que no método *Bulk*. Esta diferença foi atribuída a perda de variabilidade genética durante o avanço de gerações. Estudando a variabilidade de genótipos de soja obtidos através de dois processos de seleção, Pereira (1983) verificou que a seleção pelo método SSD foi mais eficiente que a seleção pelo método genealógico, uma vez que os genótipos obtidos pelo primeiro método foram superiores agronomicamente, principalmente no aspecto de qualidade da semente.

A linhagem F_7 Tx 401-08, oriunda de uma população de tomateiro segregando para resistência a doenças, cor, firmeza e teor de sólidos solúveis foi obtida por meio do método SSD (Giordano et al., 1997).

Raposo et al. (2000), comparando métodos de condução de populações segregantes em feijoeiro, concluíram que os métodos *Bulk* e SSD são mais vantajosos para os melhoristas, considerando sua facilidade e flexibilidade de condução. Almeida et al. (2001) desenvolveram a cultivar de soja, BRS 183, a partir de uma seleção na geração F_4 , conduzida pelo método SSD.

Métodos como genealógico e SSD têm sido usados no programa de melhoramento de trigo conduzido pelo Instituto Agrônomo do Paraná – IAPAR, a mais de 26 anos (Riede et al., 2001).

A cultivar de feijão comum IAPAR 80 foi desenvolvida pelo método *pedigree* por meio da seleção de plantas na geração F_2 , obtida de cruzamentos múltiplos entre linhas resistentes às principais doenças encontradas no Paraná (Moda-Cirino et al., 2001a). O método genealógico também foi utilizado para obtenção da cultivar de feijão IPR 88 Uirapuru, adaptada às condições climáticas do Estado do Paraná (Moda-Cirino et al., 2001b). As cultivares de soja UFVS – 2001 (Sedyama et al., 2001a), UFVS – 2002 (Sedyama et al., 2001b) e UFVS – 2003 (Sedyama et al., 2001c) foram desenvolvidas a partir de seleções realizadas em linhas homozigotas obtidas pelo método SSD. Cultivares de espécies autógamas como arroz (Sant’Ana et al., 2001; Cutrim et al., 2002), alface (Della Vecchia et al., 1992; Della Vecchia et al., 1999), tomate (Carrijo, 1991), feijão-vagem (Leal, 1990; Leal e Bliss, 1990) e alógama, como moranga (Della Vecchia et al., 1991) foram desenvolvidas utilizando-se o método genealógico; e cultivares de trigo (Riede et al. 2002), utilizando-se o método SSD.

Costa et al. (2002b), estudando a eficiência de métodos de seleção (seleção massal modificada, famílias derivadas de populações nas gerações F₃ e F₄ e genealógico) em gerações segregantes de feijoeiro-comum para resistência à antracnose e rendimento, concluíram que a eficiência do método varia com o critério utilizado para avaliação.

Ribeiro et al. (2003), utilizando o método genealógico, selecionaram três linhagens F₇ de pimenta 'Jalapeño' com elevado rendimento, acima de 50t/ha; alto conteúdo de capsaicina, superior a 30000 *Scoville Heat Unit*; frutos com formato típico de jalapeño e aroma acentuado, arquitetura de planta compacta e resistentes a murcha-bacteriana, tospovírus e PepYMV. Carvalho et al. (2003) avaliaram 30 famílias de tomateiro obtidas por meio do método genealógico, onde mereceu destaque a família UFU 06.

O programa de melhoramento genético de *Capsicum* da Embrapa Hortaliças está avançando gerações utilizando o método SSD, visando resistência à murcha-de-fitóftora (Ribeiro et al., 2004).

Nada impede também, que os métodos de melhoramento possam ser utilizados em conjunto, visando melhor atender as expectativas dos programas de melhoramento. A seleção pelo método genealógico em gerações iniciais, aliada ao método SSD nas gerações subseqüentes, tem mostrado maior eficiência, tanto em tempo quanto em progresso genético, em relação ao uso desses métodos isoladamente (Tigchelaar, 1986; citado por Vencovsky et al., 2001).

A cultivar de cevada 'MN 698' foi obtida por meio dos métodos *Bulk* e genealógico (Caierão e Sperotto, 2006). A seleção massal e o método genealógico foram utilizados para o desenvolvimento das cultivares de trigo 'CD-110' (Marchioro et al., 2004a) e 'CD - 111' (Marchioro et al., 2004b), da Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola - COODETEC. A cultivar de tomate 'Redenção' para processamento industrial, resistente a geminivírus e tospovírus, foi selecionada empregando-se os métodos *Bulk* e seleção de plantas individuais com controle da genealogia (Ferraz et al., 2003). A cultivar de feijão comum, IAPAR 81, foi obtida a partir da utilização dos métodos genealógico e SSD (Moda-Cirino et al., 2001c).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Genótipos utilizados

Os genótipos utilizados nesta pesquisa constituíram-se da geração segregante formada por sementes $F_{2:3}$, obtidas a partir do cruzamento UENF 1421 x UENF 1381, no período de novembro de 2001 a abril de 2002, em área de convênio da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF com a Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro – PESAGRO-RIO / Estação Experimental de Campos dos Goytacazes (Riva et al., 2004a). O acesso UENF 1421 (não pungente) é suscetível à mancha bacteriana, apresentando características de produção e qualidade do fruto que atendem ao mercado. O acesso UENF 1381 (pungente) é uma pimenta da espécie *C. annuum* e vem sendo utilizado como fonte de resistência à mancha bacteriana no programa de melhoramento de pimentão desenvolvido pelo Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias – CCTA da UENF (Costa et al., 2002a; Sudré, 2003; Riva et al., 2004a).

3.2. Métodos de melhoramento utilizados

O método Genealógico ou *Pedigree* (Nilsson, 1914; Allard, 1971; Fehr, 1987; Bueno et al., 2001; Borém, 2001) e o método *Single Seed Descent* (SSD) (Brim, 1966; Fehr, 1987; Bueno et al., 2001; Borém, 2001) foram utilizados para avançar as gerações. A escolha destes métodos foi feita com base nos resultados de estimativas de parâmetros genéticos, como herdabilidade no

sentido restrito em torno de 50,77% e no sentido amplo em torno de 82,54%; e no número mínimo de genes controlando a resistência à mancha bacteriana, o qual foi estimado em três. Estas estimativas foram obtidas por meio de análise de gerações considerando os genitores UENF 1421 e UENF 1381, realizada em etapa anterior neste programa de melhoramento (Riva, 2002; Riva et al., 2003; Riva et al., 2004a).

3.2.1. Método Genealógico (*Pedigree*)

Pelo método genealógico foram cultivadas 56 linhas $F_{2:3}$, oriundas da seleção dos indivíduos da geração F_2 , realizada com auxílio do *software* Genes (Cruz, 2001) para resistência a mancha bacteriana. Como padrão de suscetibilidade à mancha bacteriana foi utilizado o acesso UENF 1421 e como padrão de resistência, o acesso UENF 1381, cujas reações à doença já foram verificadas anteriormente (Costa et al., 2002a; Costa e Rodrigues, 2002; Riva et al., 2004a), sendo considerados como testemunhas.

3.2.1.1. Delineamento experimental

O experimento foi realizado na área de convênio da UENF com a PESAGRO-RIO / Estação Experimental de Campos, em condições de campo, no período de outubro de 2003 a junho de 2004.

Para a formação das mudas foram usadas bandejas de isopor de 128 células, semeando-se quatro sementes por célula, em substrato próprio para hortaliças (Plantmax[®]). O espaçamento utilizado foi de 1,0 m entre linhas e 0,8 m entre plantas dentro das linhas. As plantas foram dispostas no campo, considerando-se as 56 linhas $F_{2:3}$, sem repetição, intercaladas com as testemunhas (UENF 1421 e UENF 1381) com repetições. Foram mantidas 56 linhas com plantas $F_{2:3}$, quatro linhas com plantas do acesso UENF 1421 e quatro linhas com plantas do acesso UENF 1381, considerando-se 10 plantas por linha, totalizando 640 plantas, em uma área de aproximadamente 512 m². A saber, utilizando-se quatro “blocos”, cada um constou de 14 linhas $F_{2:3}$ e uma linha de cada testemunha, num total de 16 linhas. A bordadura foi constituída por plantas da geração F_2 . Os tratos culturais efetuados durante o cultivo foram aqueles recomendados para a cultura (Filgueira, 2000).

3.2.1.2. Avaliação da reação à mancha bacteriana

Para avaliação da reação à mancha bacteriana foi utilizado o isolado ENA 4135, resistente ao cobre (Aguiar et al., 2000), caracterizado em testes prévios como raça T1P3 (Riva et al., 2004b), com base nos genótipos diferenciadores propostos por Jones et al. (1998). O isolado preservado em meio DYGS + óleo mineral, foi recuperado cultivando-se em meio DYGS líquido, sob agitação por um período de 36 horas a 28°C (Rodrigues Neto et al., 1986). Em seguida, a suspensão bacteriana foi transferida para placas de Petri contendo meio DYGS sólido, com auxílio de alça de Drigalsky. Após um período de 36 horas de crescimento em estufa bacteriológica, à temperatura de 28°C, as colônias bacterianas foram suspensas em água estéril e sua concentração de células ajustada para 10^3 ufc/mL, com auxílio de espectrofotômetro utilizando-se o comprimento de onda de 600nm (Aguiar et al., 2000).

A inoculação foi feita aos 42 dias após o transplante, em uma das folhas do terço médio superior da planta, por meio da infiltração de suspensão bacteriana, na concentração de 10^3 ufc/mL, em um cm^2 do mesófilo. (Bongiolo Neto et al., 1986a; Juhász, 2002; Costa et al., 2002a; Sudré, 2003; Riva et al., 2004a).

As folhas foram coletadas três semanas após a inoculação, seguindo-se a digitalização das mesmas, por meio de *scanner* (Juhász, 2002; Riva et al., 2004a). As imagens digitalizadas foram submetidas à análise por meio do *software* QUANT (Vale et al., 2003), obtendo-se as porcentagens das áreas doentes e sadias, considerando-se $1,0 \text{ cm}^2$ de área foliar inoculada.

3.2.1.3. Avaliação de características agronômicas

As características agronômicas avaliadas em duas colheitas foram as seguintes:

Peso total de frutos (g/planta) – foi obtido por meio da soma dos pesos dos frutos colhidos em cada planta da parcela durante as colheitas.

Número total de frutos – foi obtido por meio da soma do número total de frutos colhidos em cada planta da parcela durante as colheitas.

Peso médio de frutos (g/fruto) – foi obtido pela divisão do peso total de frutos colhidos durante as colheitas em cada planta pelo respectivo número total de frutos.

3.2.1.4. Análises estatísticas e parâmetros genéticos avaliados

As análises estatísticas foram realizadas e os parâmetros genéticos estimados, considerando-se os procedimentos: a) Linhas e pais intercalares e b) Famílias com testemunhas intercalares por meio do *software* Genes (Cruz, 2001).

a) Linhas e pais intercalares

A análise de variância foi realizada para os genitores UENF 1421 e UENF 1381 e para a geração segregante F_{2:3}, considerando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mathbf{m} + l_i + e_i + p_{ij} + \mathbf{d}_{ij}, \text{ em que:}$$

\mathbf{m} = média geral da geração (genitor ou linha segregante);

l_i = efeito genético atribuído à *i*-ésima linha. Para os genitores este efeito é inexistente;

e_i = efeito ambiental entre fileiras (de um genitor ou de linhas segregantes);

p_{ij} = efeito genético atribuído à *j*-ésima planta da *i*-ésima linha. Para os genitores este efeito é inexistente;

\mathbf{d}_{ij} = efeito ambiental entre plantas dentro de fileiras (de um genitor ou de linhas segregantes).

O resultado da análise de variância é apresentado conforme os esquemas a seguir, considerando-se os efeitos fixos, uma vez que houve seleção em F₂.

⇒ Para genitores

Tabela 1 – Esquema da análise de variância para os genitores UENF 1421 e UENF 1381, considerando a análise linhas com pais intercalares e esperanças dos quadrados médios para as características estudadas

Fonte de Variação	UENF 1421 (p ₁)			UENF 1381 (p ₂)		
	GL	QM	E(QM)	GL	QM	E(QM)
Entre linhas	p ₁ – 1	QMEp ₁	$\mathbf{q}_{Dp_1} + k_2 \mathbf{q}_{Ep_1}$	p ₂ – 1	QMEp ₂	$\mathbf{q}_{Dp_2} + k_3 \mathbf{q}_{Ep_2}$
Dentro de linhas	N – p ₁	QMDp ₁	\mathbf{q}_{Dp_1}	N – p ₂	QMDp ₂	\mathbf{q}_{Dp_2}

Sendo:
$$N = \sum_{i=1}^{p_1} n_i$$

$$q_{Dp_1} = s_{ed}^2$$

$$q_{Ep_1} = s_{ee}^2$$

$$k_2 = \frac{N - \left(\frac{1}{N} \sum_{i=1}^{p_1} n_i^2 \right)}{p_1 - 1}$$

Obs.: Para p_2 e k_3 , substitui-se p_1 por p_2 .

⇒ **Para linhas $F_{2:3}$**

Tabela 2 – Esquema da análise de variância para as linhas $F_{2:3}$, oriundas do cruzamento UENF 1421 x UENF 1381, considerando a análise linhas com pais intercalares e esperanças dos quadrados médios para as características estudadas

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)
Entre linhas	$l - 1$	QMEI	$q_{Dl} + k_1 q_{El}$
Dentro de linhas	$N - l$	QMDI	q_{Dl}

Sendo:
$$N = \sum_{i=1}^l n_i$$

$$q_{Dl} = q_{gd} + s_{ed}^2$$

$$q_{El} = q_{ge} + s_{ee}^2$$

$$k_1 = \frac{N - \left(\frac{1}{N} \sum_{i=1}^l n_i^2 \right)}{l - 1}$$

Em que:

q_{gd} = componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica entre plantas dentro de linhas;

q_{ge} = componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica entre linhas;

s_{ed}^2 = variância ambiental entre plantas dentro de linhas;

s_{ee}^2 = variância ambiental entre linhas.

Com estas informações, os seguintes parâmetros genéticos foram estimados para a geração segregante F_{2:3}:

- Variância fenotípica entre

$$\hat{s}_{fe}^2 = \frac{QMEI - QMDI}{k_1}$$

- Variância fenotípica dentro

$$\hat{s}_{fd}^2 = QMDI$$

- Variância ambiental entre

$$\hat{s}_{ee}^2 = \frac{1}{2} \left(\frac{QMEp_1 - QMDp_1}{k_2} + \frac{QMEp_2 - QMDp_2}{k_3} \right)$$

- Variância ambiental dentro

$$\hat{s}_{ed}^2 = \frac{1}{2} (QMDp_1 + QMDp_2)$$

- Componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica entre

$$\hat{q}_{ge} = \hat{s}_{fe}^2 - \hat{s}_{ee}^2$$

- Componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica dentro

$$\hat{q}_{gd} = \hat{s}_{fd}^2 - \hat{s}_{ed}^2$$

- Componente quadrático que expressa a variabilidade aditiva

$$\hat{q}_a = \frac{\hat{q}_{ge} - F\hat{q}_{gd}}{F(1+F)} \quad F = \text{nível de endogamia (Geração } F_3 \Rightarrow F = 1/2)$$

- Componente quadrático que expressa a variabilidade devida aos desvios de dominância

$$\hat{q}_d = \frac{2F\hat{q}_{gd} - (1-F)\hat{q}_{ge}}{F(1-F^2)}$$

- Coeficiente de determinação genotípico no sentido amplo entre

$$H_{ae}^2 = \frac{\hat{q}_{ge}}{\hat{s}_{fe}^2}$$

- Coeficiente de determinação genotípico no sentido amplo dentro

$$H_{ad}^2 = \frac{\hat{q}_{gd}}{\hat{s}_{fd}^2}$$

- Coeficiente de determinação genotípico no sentido restrito entre

$$H_{re}^2 = \frac{\hat{q}_{ae}}{\hat{s}_{fe}^2}$$

- Coeficiente de determinação genotípico no sentido restrito dentro

$$H_{rd}^2 = \frac{\hat{q}_{ad}}{\hat{s}_{fd}^2}$$

- Coeficiente de determinação genotípico restrito total

$$H_{rt}^2 = \frac{\hat{q}_{at}}{\hat{s}_{ft}^2}$$

b) Famílias com testemunhas intercalares

A análise de variância foi realizada segundo os modelos:

$$Y_{ij} = \mathbf{m} + T_i + \mathbf{e}_{ij}$$

para as testemunhas, em que:

Y_{ij} = valor da característica para a i-ésima testemunha na j-ésima repetição;

\mathbf{m} = média geral das testemunhas;

T_i = efeito da i-ésima testemunha ($i = 1, 2, \dots, te$); e

\mathbf{e}_{ij} = erro aleatório que incide sobre as testemunhas.

$$y_i = \mathbf{m}_l + L_i + \mathbf{e}_i$$

para as linhas F_{2:3}, em que:

y_i = valor da característica para a i-ésima linha;

\mathbf{m}_l = média geral das linhas;

L_i = efeito da i-ésima linha; e

\mathbf{e}_i = erro aleatório que incide sobre as linhas.

A análise de variância foi realizada conforme o esquema a seguir:

Tabela 3 – Esquema da análise de variância considerando-se a análise Famílias com testemunhas intercalares e esperanças dos quadrados médios para as características estudadas nas linhas F_{2:3}, oriundas do cruzamento UENF 1421 x UENF 1381

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)
Linhas	l-1	QML	$s_e^2 + q_l$
Testemunhas	t-1	QMTe	$s_e^2 + kq_t$
Resíduo	t(r-1)	QMR	s_e^2

Onde:

l = número de linhas F_{2:3};

t = número de testemunhas;

r = número de blocos (repetições).

As estimativas dos parâmetros genéticos para as linhas F_{2:3} foram obtidas pelas seguintes expressões matemáticas:

- Variância fenotípica

$$\hat{s}_f^2 = QML$$

- Variância ambiental

$$\hat{s}_e^2 = QMR$$

- Componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica

$$\hat{q}_l = QML - QMR$$

- Coeficiente de determinação genotípico

$$H^2 = \frac{\hat{q}_l}{\hat{s}_f^2}$$

- Coeficiente de variação genético

$$CV_g \% = \frac{100\sqrt{\hat{q}_l}}{\bar{x}} \quad \bar{x} = \text{média das linhas F}_{2:3}$$

- Coeficiente de variação ambiental

$$CV_e \% = \frac{100\sqrt{\hat{s}_e^2}}{\bar{x}}$$

- Índice de variação

$$CV_g / CV_e = \sqrt{\frac{\hat{q}_l}{\hat{s}_e^2}}$$

3.2.1.5. Ganhos por seleção

As estimativas de ganhos por seleção foram obtidas por meio do *software* Genes (Cruz, 2001), considerando-se as estratégias: a) seleção entre e dentro de linhas; b) seleção massal e c) seleção combinada.

a) Seleção entre e dentro de linhas

$$GS_e = H_{re}^2 DS \quad \text{sendo: } DS = \bar{x}_{ls} - \bar{x}_o, \quad \text{em que:}$$

\bar{x}_{ls} = média das linhas selecionadas.

\bar{x}_o = média original da população sob seleção

$$GS_d = H_{rd}^2 DS_m \quad \text{sendo:}$$

$$DS_m = \frac{1}{s} \sum_{i=1}^s DS_i = \frac{1}{s} \sum_{i=1}^s (\bar{x}_{ind(i)} - \bar{x}_{ls(i)}), \quad \text{em que:}$$

s = número de linhas selecionadas;

$\bar{x}_{ls(i)}$ = média da i -ésima linha selecionada;

$\bar{x}_{ind(i)}$ = média dos indivíduos superiores dentro da linha i .

b) Seleção massal

$$GS = H_r^2 DS \quad \text{sendo: } DS = \bar{x}_{is} - \bar{x}_o, \quad \text{em que:}$$

\bar{x}_{is} = média dos indivíduos selecionados, desconsiderando-se a linha a que pertencem;

\bar{x}_o = média original da população sob seleção.

c) Seleção combinada

$$IC_{ij} = H_{rd}^2 (Y_{ij} - \bar{Y}_i) + H_{re}^2 (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})$$

IC_{ij} = Índice combinado;

Y_{ij} = valor observado na i-ésima linha no j-ésimo bloco;

\bar{Y}_i = média da i-ésima linha;

$\bar{Y}_{..}$ = média geral.

$$GS = DS$$

DS = diferencial de seleção obtido a partir dos valores dos valores (IC) referentes aos indivíduos selecionados.

3.2.2. Método Single Seed Descent – SSD

Por meio do método SSD, a geração segregante $F_{2:3}$, obtida a partir do cruzamento UENF 1421 x UENF 1381, foi cultivada em casa de vegetação até se alcançar a geração F_5 e a geração F_6 foi cultivada em condições de campo, na área de convênio da UENF com a PESAGRO-RIO/Estação Experimental de Campos. Para a formação das mudas foram usadas bandejas de isopor de 128 células, semeando-se três sementes por célula, em substrato próprio para hortaliças (Plantmax[®]). A porcentagem de germinação considerada foi de 85%.

3.2.2.1. Primeira etapa – geração F_3

O experimento foi montado em casa de vegetação, no período de fevereiro a agosto de 2003, sendo utilizadas 223 plantas $F_{2:3}$, considerando-se duas plantas por vaso, num total de 446. Durante a condução da geração F_3 , foram observados frutos de cor amarela em uma das plantas da linha 118, indicando variabilidade para cor dos frutos. Também foi observada variabilidade para formato dos frutos em algumas plantas, convencendo-se então, conduzir separadamente as duas plantas do vaso, que apresentavam variabilidade (planta 1 e planta 2) na geração seguinte, proporcionando assim, maior número de plantas.

3.2.2.2. Segunda etapa – geração F₄

Para obtenção da geração F₄, o experimento foi montado em casa de vegetação, no período de setembro de 2003 a março de 2004. Foram mantidas 277 plantas F₄, considerando-se duas plantas por vaso, totalizando 554 plantas. Os frutos foram colhidos por planta e as sementes F₅ extraídas manualmente, para o plantio da geração F₅.

3.2.2.3. Terceira etapa – geração F₅

No período de setembro de 2004 a março de 2005 foram cultivadas as plantas da geração F₅. Das 277 plantas F₄, 12 não germinaram e então foram mantidas 265 plantas F₅, considerando-se duas plantas por vaso, totalizando 530 plantas. As sementes F₆ foram extraídas manualmente para o plantio da geração F₆.

3.2.2.4. Quarta etapa – geração F₆

3.2.2.4.1. Delineamento experimental

A geração F₆ foi conduzida em condições de campo, no período de abril a novembro de 2005. O espaçamento utilizado foi de 0,8 m entre fileiras e 0,5 m dentro de fileiras. O delineamento experimental adotado foi em blocos ao acaso com testemunhas adicionais, com três repetições. Uma vez que o grande número de linhas F₆ obtidas inviabilizava a condução do experimento, foram escolhidas as linhas F₆ que não apresentavam variação para formato de frutos para dar continuidade ao programa. Cada bloco foi formado por 79 linhas F₆ e mais duas linhas com os genitores UENF 1421 e UENF 1381, com cinco plantas por linha, totalizando 1215 plantas, numa área de aproximadamente 500m². Além disso, foi considerada uma linha para bordadura. Os tratos culturais efetuados durante o cultivo foram aqueles recomendados para a cultura (Filgueira, 2000).

3.2.2.4.2. Avaliação da reação à mancha bacteriana

Para avaliação da reação à mancha bacteriana foi utilizado o procedimento anteriormente descrito, com algumas modificações. A partir da concentração de células bacterianas ajustada para 10⁸ ufc/mL, retirou-se um microlitro (μL), que foi adicionado à 100 mL de água destilada, ajustando-se novamente a concentração para 10⁵ ufc/mL. A inoculação foi feita aos 56 dias após o transplante, utilizando-

se o método de infiltração de suspensão bacteriana no mesofilo (Bongiolo Neto et al., 1986a; Juhász, 2002; Costa et al., 2002a; Sudré, 2003; Riva et al., 2004a).

Procedeu-se a avaliação das folhas por meio de sete observações das mesmas a partir do quinto dia após a inoculação, com intervalos de um dia, conferindo notas de 1 a 5 para os sintomas no local da inoculação, a saber, 1 e 2, resistentes e 3 a 5, suscetíveis, considerando-se como um ponto de truncagem a nota dois, pois o maior número de plantas do genitor suscetível UENF 1421 encontrava-se acima desta nota e o genitor resistente, UENF 1381, apresentou somente plantas com nota dois. A nota 1 era conferida quando não havia qualquer sintoma visível; a nota 2 era considerada quando o local apresentava-se de cor esbranquiçada ou amarela clara; a nota 3 era aplicada para folhas com cor amarela mais definida ou alguns pontos de necrose; para a nota 4, os sintomas eram manchas necrosadas de maior tamanho em relação à nota 3 e finalmente a nota 5 era dada para folhas totalmente necrosadas no local da inoculação.

Posteriormente, os valores das notas foram utilizados para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), por meio do *software* AVACPD (Torres e Ventura, 1991). Foram realizadas sete avaliações durante 17 dias e todos esses dados foram considerados para o cálculo da AACPD.

3.2.2.4.3. Avaliação de características agronômicas

Foram realizadas duas colheitas para avaliação das características agronômicas e cinco colheitas para extração de sementes. As seguintes características foram avaliadas:

Peso total de frutos (g/planta) – foi obtido por meio da soma dos pesos dos frutos colhidos em cada planta da parcela durante as colheitas.

Número total de frutos – foi obtido por meio da soma do número total de frutos colhidos em cada planta da parcela durante as colheitas.

Peso médio de frutos (g/fruto) – foi obtido pela divisão do peso total de frutos colhidos durante as colheitas em cada planta pelo respectivo número total de frutos.

Comprimento de frutos (mm) – foi obtido em uma amostra aleatória de cinco frutos por planta, totalizando 25 frutos por parcela. As medições foram feitas no eixo longitudinal do fruto com auxílio de paquímetro.

Diâmetro de frutos (mm) – foi obtido em uma amostra aleatória de cinco frutos por planta, totalizando 25 frutos por parcela. As medições foram feitas com auxílio de paquímetro no eixo transversal do fruto, considerando-se o maior diâmetro. Os mesmos frutos avaliados para comprimento foram também para diâmetro.

Relação comprimento/diâmetro de frutos – foi obtida pela divisão do valor do comprimento pelo diâmetro dos 25 frutos amostrados.

Altura da planta (cm) – foi obtida medindo-se do colo até a parte mais alta da planta, com auxílio de trena, em três plantas da parcela, aos 104 dias após o transplântio.

Diâmetro da planta (cm) – foi obtido medindo-se o maior diâmetro da planta, com auxílio de trena, em três plantas da parcela, aos 104 dias após o transplântio.

Presença ou ausência de capsaicina – foi verificada por meio da imersão de uma porção da placenta (aproximadamente 1cm) retirado dos frutos verdes em uma solução de 3mL de vanadato de amônio. Após alguns minutos, a coloração marrom/preto da placenta indicava a presença de capsaicina e quando não havia alteração de cor, sugeria-se ausência de capsaicina. Para o preparo da solução de vanadato de amônio, 1,0 g de vanadato de amônio foi dissolvido em 100mL de água destilada e adicionaram-se 15 mL de ácido clorídrico.

3.2.2.4.4. Análise estatística e parâmetros genéticos avaliados

Como na geração F₆ as linhas já podiam ser utilizadas com repetições, foi utilizado o delineamento blocos com testemunhas adicionais. As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do *software* Genes (Cruz, 2001).

A análise de variância foi realizada considerando-se além das linhas F₆, os genitores UENF 1421 e UENF 1381 como testemunhas. O modelo estatístico utilizado foi:

$$Y_{ij} = \mathbf{m} + G_i + b_j + \mathbf{e}_{ij}$$

sendo:

Y_{ij} = valor do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

\mathbf{m} = média geral;

G_i = efeito do i-ésimo tratamento ($i = 1, 2, 3, \dots, g$), sendo que o número total de tratamentos equivale a soma das linhas F₆ avaliadas e os genitores UENF 1421 e UENF 1381 utilizados como testemunhas;

b_j = efeito do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, b$);

e_{ij} = erro aleatório.

O esquema do resultado da análise de variância é mostrado na Tabela 4. Os efeitos foram considerados fixos, pois houve seleção em F_6 .

Tabela 4 – Esquema da análise de variância considerando o delineamento blocos com testemunhas adicionais e esperanças dos quadrados médios para as características estudadas na população F_6 , oriunda do cruzamento UENF 1421 x UENF 1381

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)	F
Blocos	$b - 1$	QMB	$s_e^2 + t s_b^2$	-
Tratamentos	$G - 1$	QMT	$s_e^2 + b q_G$	QMT/QMR
Genótipos	$g - 1$	QMG	$s_e^2 + b q_g$	QMG/QMR
Testemunhas	$te - 1$	QMTe	$s_e^2 + b q_{te}$	QMTe/ QMR
Gen. x Test.	1	QMGr	$s_e^2 + b q_{Gte}$	QMGr/QMR
Resíduo	$(b - 1)(G - 1)$	QMR	s_e^2	-
Total	$bt - 1$	-	-	-

Onde:

b = número de blocos (repetições);

G = número de tratamentos (genótipos e testemunhas);

g = número de genótipos avaliados;

te = número de testemunhas avaliadas.

As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas pelas seguintes expressões matemáticas:

- Variância fenotípica média

$$\hat{s}_f^2 = \frac{QMT}{b}$$

- Variância ambiental média

$$\hat{s}_e^2 = \frac{QMR}{b}$$

- Componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica média

$$\hat{q}_G = \frac{QMT - QMR}{b}$$

- Coeficiente de determinação genotípico, baseado na média de genótipos

$$H^2 = \frac{\hat{q}_G}{\hat{s}_f^2}$$

- Correlação intraclasse

$$\hat{r} = \frac{\hat{q}_G}{\hat{q}_G + \hat{s}_e^2}$$

- Coeficiente de variação genético

$$CV_G \% = \frac{100\sqrt{\hat{q}_G}}{\bar{x}} \quad \bar{x} = \text{média dos genótipos}$$

- Índice de variação

$$CV_G / CV_e = \sqrt{\frac{\hat{q}_G}{\hat{s}_e^2}}$$

3.2.2.4.5. Ganhos por seleção

Os ganhos por seleção foram calculados e as linhas F₆ foram selecionadas pelos procedimentos: a) seleção entre e dentro de linhas e b) seleção combinada, utilizando-se o *software* Genes (Cruz, 2001).

a) Estimativas de ganhos de seleção e identificação das unidades de seleção entre linhas

$$GS_e = H_m^2 DS \quad \text{e} \quad GS_e \% = \frac{100GS_e}{\bar{x}_o}$$

GS_e = ganho por seleção entre;

h_m^2 = coeficiente de determinação genotípico em nível de médias de linhas;

$DS = \bar{x}_s - \bar{x}_o$: diferencial de seleção;

\bar{x}_o : média original;

\bar{x}_s : média dos indivíduos selecionados.

Estimativas de ganhos de seleção e identificação das unidades de seleção dentro de linhas

$$GS_d = H_d^2 DS_m \quad \text{e} \quad GS_d \% = \frac{100GS_d}{\bar{x}_o}$$

GS_d = ganho por seleção dentro;

h_d^2 = coeficiente de determinação genotípico em nível de parcela (entre plantas dentro de linhas);

DS_m = diferencial de seleção médio dentro das várias parcelas das linhas selecionadas.

$$\text{Ganho por seleção total} \Rightarrow GS_T = GS_e \% + GS_d \%$$

b) Seleção combinada

$$GS = DS_I$$

DS_I = diferencial de seleção baseado no índice combinado, ou seja:

$$DS_I = \bar{I}_s - \bar{I}, \quad \text{em que:}$$

\bar{I}_s = valor médio do índice, considerando-se apenas os indivíduos selecionados;

\bar{I} = valor médio do índice (igual a zero, para os índices considerados na análise).

Índices

$$\text{Índice 1: } G_{ijk} = \mathbf{b}_i(Y_{ijk} - Y_{ij.}) + \mathbf{b}_l(Y_{i..} - Y_{...})$$

$$\text{Índice 2: } G_{ijk} = \mathbf{b}_i(Y_{ijk} - Y_{.j.}) + \mathbf{b}_l(Y_{i..} - Y_{...})$$

No primeiro índice, o valor do indivíduo é considerado em relação à média da parcela e, no segundo, em relação a média do bloco.

G_{ijk} = preditor do valor genético do indivíduo;

b_i = peso do valor individual no índice;

b_l = peso do valor da linha no índice;

Y_{ijk} = observação no k -ésimo indivíduo, avaliado na i -ésima linha do j -ésimo bloco;

$Y_{ij.}$ = observação em relação a média da parcela;

$Y_{.j.}$ = observação em relação a média do bloco;

$Y_{i..}$ = observação da i -ésima linha;

$Y_{...}$ = total geral.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Método Genealógico (*Pedigree*)

No período de desenvolvimento das plantas da geração F_{2:3}, no campo, entre outubro de 2003 a junho de 2004, foram registrados os dados climatológicos referentes à temperatura e umidade relativa, pela Estação Agroclimatológica da UENF (Figuras 1 e 2).

A temperatura média durante o período de desenvolvimento do experimento ficou em torno de 23,3 °C e a máxima em torno de 30 °C durante boa parte do experimento. Estas temperaturas são consideradas adequadas para a condução da cultura. Para o pimentão no estágio de mudas, a melhor temperatura é de 26 °C a 30 °C, e o melhor crescimento é obtido com a temperatura de 27 °C (Pádua et al., 1984).

Na época da inoculação das plantas com a bactéria *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, cuja infecção é favorecida por temperaturas altas, a temperatura máxima atingiu o valor de 29,3 °C, que garantiu uma ótima condição para o desenvolvimento da doença.

A umidade relativa média manteve-se em torno de 81,0% durante os meses de outubro de 2003 a junho de 2004. No mês da inoculação das plantas (janeiro/2004), a umidade relativa média foi de 83,3%, a máxima alcançou o valor de 98,3% e a mínima permaneceu em 56,8%. A incidência e a severidade da mancha bacteriana em pimentão estão associadas aos ambientes com temperatura e umidade elevadas (Noda et al., 2003).

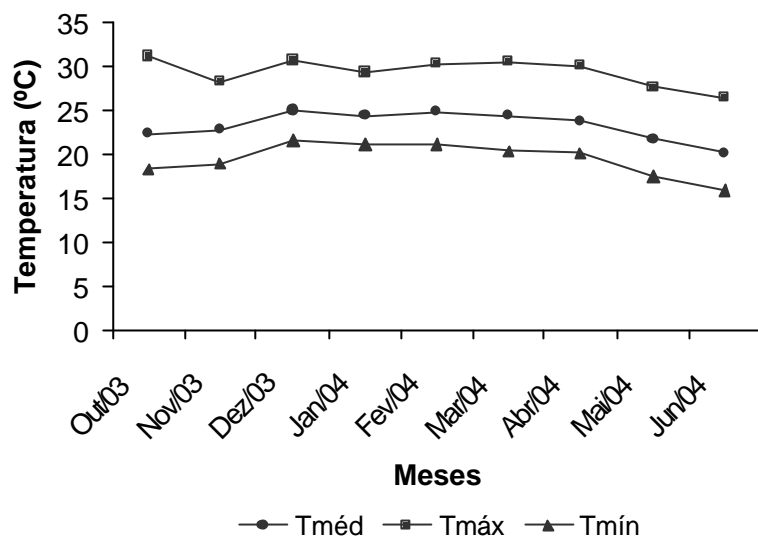


Figura 1 – Temperatura média (Tméd), máxima (Tmáx) e mínima (Tmín) no período de desenvolvimento da geração F_{2:3}, segundo o método de melhoramento Genealógico, Campos dos Goytacazes, 2004.

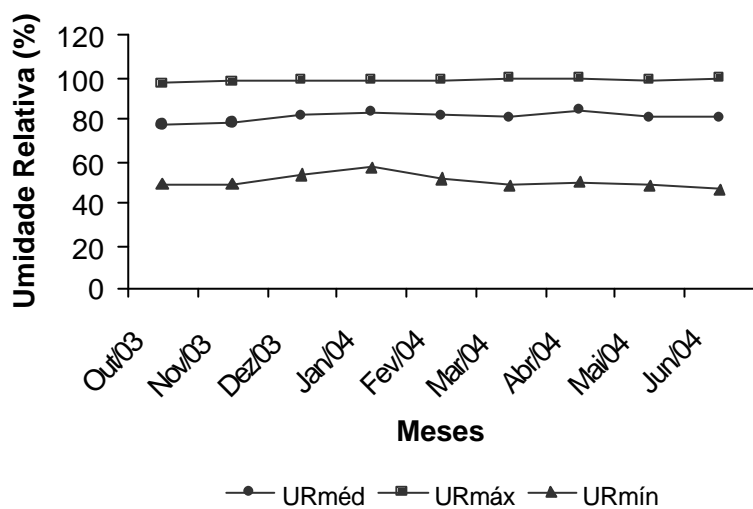


Figura 2 – Umidade relativa média (URméd), máxima (URmáx) e mínima (URmín) no período de desenvolvimento da geração F_{2:3}, segundo o método de melhoramento Genealógico, Campos dos Goytacazes, 2004.

A combinação dos fatores climáticos temperatura e umidade foram altamente favoráveis à cultura e a ocorrência da doença.

4.1.1. Análise do método genealógico

Os dados obtidos do experimento conduzido pelo método genealógico foi analisado considerando-se os procedimentos: a) Linhas e pais intercalares e b) Famílias com testemunhas intercalares.

4.1.1.1. Linhas e pais intercalares

O genitor UENF 1421 apresentou-se uniforme estatisticamente em nível de 5% de probabilidade pelo teste F, para as características reação à mancha bacteriana considerando os valores em porcentagem (RMB%) e em cm^2 (RMBcm^2) de área com sintomas, confirmando as expectativas de que o mesmo encontrava-se em homozigose. O mesmo foi observado para o genitor UENF 1381 (Tabela 5). Ao contrário, para a geração segregante $F_{2:3}$, verificou-se diferença altamente significativa entre as linhas, em nível de 1% de probabilidade pelo teste F (Tabela 6).

A existência de variabilidade na população pode viabilizar novos ciclos de seleção. A média do genitor UENF 1421, considerado suscetível, foi 22,21 para RMB% e 0,23 para RMBcm^2 , valores bastante superiores ao genitor resistente, UENF 1381, que apresentou o valor médio de 1,80 para RMB% e 0,02 para RMBcm^2 (Tabela 5). A geração $F_{2:3}$ permaneceu com a média de 9,66 para RMB% e 0,10 para RMBcm^2 (Tabela 6). Verificou-se que estes valores ocupam uma posição intermediária entre os genitores, contudo, estão mais próximos do valor médio alcançado pelo genitor resistente UENF 1381, demonstrando que a seleção realizada considerando o método genealógico está sendo eficiente para melhorar a média da população selecionada.

Os resultados indicaram que a reação à mancha bacteriana pode ser avaliada tanto em porcentagem quanto em cm^2 , por permitirem chegar às mesmas conclusões. Sugere-se que a avaliação em porcentagem seja considerada em estudos posteriores em detrimento da avaliação em cm^2 , cujos valores permaneceram próximos a zero. A porcentagem fornece valores numéricos de maior magnitude, facilitando os cálculos e interpretação dos resultados.

Tabela 5 – Resumo da análise de variância para a característica reação à mancha bacteriana, considerando-se as gerações paternas (UENF 1421 e UENF 1381) de acordo com o procedimento linhas e pais intercalares. Campos dos Goytacazes, 2004

FV	GL	UENF 1421 ¹	UENF 1421 ²	UENF 1381 ¹	UENF 1381 ²
Entre linhas	3	123,38 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,94 ^{ns}	0,00009 ^{ns}
Dentro de linhas	24	57,27	0,06	1,33	0,0001
Média		22,21	0,23	1,80	0,02

¹ Avaliação em %

² Avaliação em cm²

^{ns} Não significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 6 – Resumo da análise de variância para a característica reação à mancha bacteriana, considerando-se a geração F_{2:3} de acordo com o procedimento linhas e pais intercalares. Campos dos Goytacazes, 2004

FV	GL	RMB (%)	RMB (cm ²)
Entre linhas	55	482,40**	0,05**
Dentro de linhas	336	101,14	0,01
Média		9,66	0,01

** Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Considerando as características relacionadas à produção, não foi detectada diferença significativa entre as linhas do genitor UENF 1421 e entre as linhas do genitor UENF 1381, em nível de 5% de probabilidade pelo teste F, para PTF e para PMF. Porém, para a característica NTF, houve diferença significativa em nível de 1% de probabilidade pelo teste F, em ambos os genitores (Tabela 7). A variabilidade no número de frutos das plantas pode ter sido devido à natureza poligênica da característica, altamente influenciada pelas condições ambientais.

Para a geração F_{2:3}, foi verificada diferença significativa em nível de 1% de probabilidade pelo teste F, para as características PTF, NTF e PMF, sugerindo a existência de variabilidade genética entre as linhas F_{2:3} (Tabela 8). Riva (2002) verificou que no mínimo, seis e oito genes podem estar envolvidos no controle genético das características PTF e NTF, respectivamente, nesta população.

A média da geração F_{2:3} para PTF (503,29 g) foi superior ao genitor UENF 1421 (335,99 g) e ao genitor UENF 1381 (223,38 g). Para NTF, a geração F_{2:3} (45,25) superou o genitor UENF 1421 (23,76), porém foi inferior ao genitor UENF 1381 (68,58). Em relação ao PMF, o valor de maior magnitude foi verificado para

Tabela 7 – Resumo da análise de variância para as características peso total de

frutos¹ (g), número total de frutos² e peso médio de frutos³ (g), considerando-se as gerações paternas (UENF 1421 e UENF 1381) de acordo com o procedimento linhas e pais intercalares. Campos dos Goytacazes, 2004

FV	GL	UENF 1421			UENF 1381		
		PTF ¹	NTF ²	PMF ³	PTF ¹	NTF ²	PMF ³
Entre linhas	3	150259,01 ^{ns}	833,10**	6,77 ^{ns}	33259,62 ^{ns}	3725,25**	0,22 ^{ns}
Dentro linhas	24	17960,57	108,16	5,02	9963,07	1098,00	0,18
Médias		335,99	23,76	14,76	223,38	68,58	3,29

^{ns} Não significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F.

** Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 8 – Resumo da análise de variância para as características peso total de frutos¹ (g), número total de frutos² e peso médio de frutos³ (g), considerando-se a geração F_{2:3} de acordo com o procedimento linhas e pais intercalares. Campos dos Goytacazes, 2004

FV	GL	PTF ¹	NTF ²	PMF ³
Entre linhas	55	368394,07**	3905,51**	253,52**
Dentro linhas	336	38476,00	432,53	15,03
Médias		503,29	45,25	12,65

** Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

o genitor UENF 1421 (14,76 g), seguido da geração F_{2:3} (12,65 g), que superou em boa parte o genitor UENF 1381 (3,29 g) (Tabelas 7 e 8).

A variância fenotípica encontrou-se presente em maior magnitude dentro das linhas F_{2:3} para todas as características avaliadas, exceto para PMF. A variância ambiental também esteve predominantemente distribuída dentro das linhas F_{2:3}. O componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica (CQVG) apresentou maiores valores dentro das linhas F_{2:3} para RMB% e RMBcm². Para PTF, houve predominância do CQVG entre linhas F_{2:3}. Considerando-se NTF e PMF, as maiores estimativas do CQVG foram registradas entre as linhas F_{2:3} (Tabela 9). Estas considerações justificam a realização de seleção dentro de linhas nas gerações iniciais de autofecundação. Para características agrônômicas em linhas F₅ e F₆ de soja, Backes et al. (2002)

Tabela 9 – Estimativas de parâmetros genéticos para as características reação à

mancha bacteriana (RMB), peso total de frutos (PTF), número total de frutos (NTF) e peso médio de frutos (PMF), avaliadas na geração F_{2:3} obtida do cruzamento entre UENF 1421 e UENF 1381, por meio do procedimento linhas e pais intercalares. Campos dos Goytacazes, 2004

Parâmetros Genéticos ¹	Características				
	RMB (%)	RMB (cm ²)	PTF	NTF	PMF
\hat{S}_{fe}^2	68,91	0,0071	36839,41	390,55	25,35
\hat{S}_{fd}^2	101,14	0,0104	38476,00	432,53	15,03
\hat{S}_{ee}^2	8,88	0,0009	9175,93	227,92	0,34
\hat{S}_{ed}^2	29,30	0,0030	13961,82	603,08	2,60
\hat{q}_{ge}	60,03	0,0062	27663,47	162,63	25,00
\hat{q}_{gd}	71,84	0,0074	24514,17	0,00	12,43
\hat{q}_a	32,15	0,0034	20541,85	330,55	25,05
\hat{q}_d	111,53	0,0114	28486,50	0,00	0,00
H_{ae}^2	87,11	87,30	75,09	41,64	98,62
H_{ad}^2	71,03	70,78	63,71	0,00	82,68
H_{re}^2	46,65	47,31	55,76	84,63	98,81
H_{rd}^2	15,89	16,15	26,69	38,21	83,32
H_n^2	28,36	28,79	40,91	60,24	93,05

¹ \hat{S}_{fe}^2 = Variância fenotípica entre; \hat{S}_{fd}^2 = Variância fenotípica dentro; \hat{S}_{ee}^2 = Variância ambiental entre; \hat{S}_{ed}^2 = Variância ambiental dentro; \hat{q}_{ge} = Componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica entre; \hat{q}_{gd} = Componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica dentro; \hat{q}_a = Componente quadrático que expressa a variabilidade aditiva; \hat{q}_d = Componente quadrático que expressa a variabilidade devida aos desvios de dominância; H_{ae}^2 = Coeficiente de determinação genotípico amplo entre; H_{ad}^2 = Coeficiente de determinação genotípico amplo dentro; H_{re}^2 = Coeficiente de determinação genotípico restrito entre; H_{rd}^2 = Coeficiente de determinação genotípico restrito dentro; H_n^2 = Coeficiente de determinação genotípico restrito total.

verificaram maior distribuição das variâncias fenotípica, ambiental e genotípica entre linhas.

A estimativa do componente quadrático que expressa a variabilidade aditiva apresentou-se inferior em relação ao componente quadrático que expressa a variabilidade devido aos desvios de dominância para as características RMB%, $RMBcm^2$ e PTF (Tabela 9). A presença de desvios devido à dominância pode trazer complicações aos processos de seleção, uma vez que fenótipos superiores podem ser atribuídos a indivíduos com *loci* em heterozigose. Contudo, tal fato não é demasiadamente preocupante, por ainda se tratar da geração $F_{2:3}$, onde são esperados genes em heterozigose. Abreu (2005) chegou a verificar estimativas de variância de dominância superiores a variância aditiva em população F_5 de tomateiro.

A obtenção do coeficiente de determinação genotípico (CDG) é primordial para o trabalho do melhorista, pois ele fornece a proporção da variabilidade genotípica presente na variância fenotípica total, medindo assim, a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico (Ramalho et al., 1993). O CDG foi estimado no sentido amplo e restrito, considerando a média da geração (entre linhas) e indivíduo dentro da linha, e o CDG restrito total, que se baseia no indivíduo, desprezando-se a linha.

As estimativas do CDG no sentido amplo entre linhas foram superiores a 75,0% para RMB%, $RMBcm^2$, PTF e PMF. Para NTF, permaneceu em torno de 40,0% (Tabela 9). Os valores para CDG dentro de linhas também foram expressivos, superiores a 60,0%, exceto para NTF, que apresentou valor zero.

Altas estimativas de CDG entre e dentro de linhas são indicativos de que a superioridade fenotípica pode estar relacionada com a superioridade genotípica, proporcionando maior confiança ao processo de seleção entre e dentro de linhas. Entretanto, deve-se atentar para a seleção dentro de linhas, pois as estimativas de CDG no sentido restrito dentro foram mais baixas, inferiores a 40,0%, para as características RMB%, $RMBcm^2$, PTF e NTF.

A variabilidade dentro de linhas pode não ser totalmente de caráter herdável, contribuindo para isso, a variância ambiental e o componente quadrático que expressa a variabilidade devido aos desvios de dominância, ainda presentes. As estimativas de CDG restrita do indivíduo foram inferiores para RMB% e $RMBcm^2$, em relação às características de produção, ressaltando-se o alto valor

para PMF (93,05%). Dessa forma, segundo as estimativas de CDG, espera-se alcançar maior eficiência com a seleção entre linhas.

4.1.1.2. Famílias com testemunhas intercalares

Considerando-se o esquema de famílias com testemunhas intercalares, as linhas F_{2:3} foram representadas no ensaio uma única vez e os genitores UENF 1421 e UENF1381, utilizados como testemunhas, foram repetidos quatro vezes.

Estas testemunhas têm por finalidade prover estimativas das variações ambientais, que serão extrapoladas como componente da variação fenotípica entre linhas; e proporcionar correções dos valores fenotípicos das linhas, admitindo-se que as fileiras adjacentes a cada grupo de testemunhas sejam beneficiadas ou prejudicadas pelo mesmo efeito ambiental (Cruz, 2001), além de permitir a obtenção de parâmetros genéticos (Backes et al., 2002). Entretanto, Souza et al. (2000), avaliando linhas de feijoeiro em diferentes delineamentos, constataram que o uso de testemunhas intercalares não proporciona melhoria na precisão experimental.

Para a característica reação à mancha bacteriana nas linhas F_{2:3}, foi verificada por meio do teste F, diferença significativa em nível de 5% de probabilidade para RMB% e em nível de 1% de probabilidade para RMBcm², evidenciando a presença de variabilidade genética nesta geração e confirmando seu potencial para continuar com os procedimentos de seleção. Para as testemunhas, UENF 1421 e UENF 1381, observou-se diferença significativa pelo teste F, em nível de 1% de probabilidade (Tabela 10), confirmando as expectativas, pois os genitores são contrastantes em relação a resistência à mancha bacteriana.

Considerando a reação à mancha bacteriana avaliada em porcentagem de área com sintomas, o valor do coeficiente de variação (CV) geral foi 30,17% e 31,10% para linhas F_{2:3}. Para as testemunhas, o valor foi 24,92%. Os dois primeiros valores são considerados muito altos e o último, alto, de acordo com a classificação proposta por Gomes e Garcia (2002), que relacionaram como baixos, valores de CV inferiores a 10%, médios, quando de 10 a 20%, altos, entre 20 e 30% e muito altos, acima de 30%. Entretanto, estes autores citam que algumas características, como teores de nutrientes em análises de solos pobres podem apresentar CV acima de 50%. O mesmo raciocínio pode ser aplicado para

Tabela 10 – Resumo da análise de variância para a característica reação à mancha bacteriana (RMB), considerando-se os genitores (UENF 1421 e UENF 1381) e a geração F_{2:3} de acordo com o procedimento famílias com testemunhas intercalares. Campos dos Goytacazes, 2004

FV	GL	RMB (%)	RMB (cm²)
Famílias	55	66,28*	0,007**
Testemunhas	1	846,25**	0,088**
Resíduo	6	8,84	0,001
Total	62		
Média geral		9,85	0,10
Média famílias		9,56	0,10
Média testemunhas		11,93	0,12
CV (%) geral		30,17	29,77
CV (%) famílias		31,10	30,66
CV (%) testemunhas		24,92	24,72

* Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F

** Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F

a análise em cm². Estes valores podem ser devido a influência das condições ambientais. Contudo, ainda assim, foi possível a identificação de diferenças significativas entre os tratamentos.

Em estudos de divergência genética de tomateiro infestado por diferentes populações de traça-do-tomateiro, Moreira et al. (2005) verificaram valores muito altos para CV, variando de 35,18% para período larval em dias, 36,27% para número de pupas fêmeas, 40,46% para número de minas pequenas, 54,70% para número de pupas macho e 56,59% para peso de pupas macho.

Considerando as médias para RMB% (9,56) e para RMBcm² (0,10), percebeu-se que a média das linhas F_{2:3} foi relativamente inferior a média apresentada pelas testemunhas, no caso, os genitores, indicando que a seleção para resistência à mancha bacteriana nesta população provavelmente está sendo eficiente (Tabela 10).

Para a característica PTF, houve diferença significativa em nível de 5% de probabilidade pelo teste F para linhas F_{2:3}. Para as testemunhas não foi verificada diferença significativa em nível de 5% de probabilidade pelo teste F (Tabela 11). O menor número de frutos do genitor UENF 1421 pode ter sido compensado pelo grande número de frutos do genitor UENF 1381. Os valores de CV geral (20,13%) foi considerado alto e para linhas F_{2:3} (19,01%) foi considerado médio, e para testemunhas (34,25%), muito alto (Gomes e Garcia, 2002). Porém, considerando

Tabela 11 – Resumo da análise de variância para as características peso total de frutos¹ (g), número total de frutos² e peso médio de frutos³ (g), considerando-se os genitores (UENF 1421 e UENF 1381) e a geração F_{2:3} de acordo com o procedimento famílias com testemunhas intercalares. Campos dos Goytacazes, 2004

FV	GL	PTF¹	NTF²	PMF³
Famílias	55	37007,27*	390,55 ^{ns}	25,3506**
Testemunhas	1	25362,02 ^{ns}	4016,32**	263,58**
Resíduo	6	9176,22	227,92	0,35
Total	62			
Média geral		475,83	45,36	12,20
Média famílias		503,85	45,25	12,65
Média testemunhas		279,68	46,17	9,02
CV (%) geral		20,13	33,28	4,84
CV (%) famílias		19,01	33,36	4,62
CV (%) testemunhas		34,25	32,70	6,55

* Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F

** Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F

^{ns} Não-significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F

a natureza poligênica desta característica, estes valores podem ser considerados razoáveis. Em avaliação de clones de batata-doce, para produtividade de raízes tuberosas foi observado CV de 46,64%, para peso de ramas, o CV alcançou valor de 52,72% e para produtividade comercial, 59,02% (Cardoso et al., 2005). Para produtividade em tomateiro, Faria et al. (2003) verificaram valor de CV de 21,2%, e em melão o CV permaneceu em 12,1%.

Para NTF, não houve diferença significativa em nível de 5% de probabilidade pelo teste F para linhas F_{2:3}, porém, para as testemunhas que incluem os genitores, foi verificada diferença significativa em nível de 1% de probabilidade pelo teste F (Tabela 11). O valor do CV geral foi 33,28%, para linhas F_{2:3}, o CV foi 33,36% e para testemunhas, 32,70%. Todos estes valores são classificados como muito altos (Gomes e Garcia, 2002). Amaral et al. (1997), avaliando o CV como medida da precisão experimental em citros, verificaram que a variável número de frutos por planta foi aquela que apresentou os maiores valores.

Para PMF, as linhas F_{2:3} e as testemunhas apresentaram diferenças significativas em nível de 1% de probabilidade pelo teste F (Tabela 11). Contrariando as características citadas acima, PMF apresentou valores de CV baixos, obedecendo o critério de Gomes e Garcia (2002). O CV geral foi de

4,84%, para linhas F_{2:3}, 4,62% e para testemunhas, 6,65%. Em melão, Faria et al. (2003) identificaram CV de 10,4% para número de frutos.

Para as características PTF, NTF e PMF, os valores médios foram superiores na geração F_{2:3} em relação aos valores médios das testemunhas, sugerindo a existência de plantas produtivas nesta geração (Tabela 11).

A variância fenotípica foi composta em grande parte pelo componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica, tendo a variância ambiental pequena contribuição para a variância total das características (Tabela 12). Os valores para CDG foram superiores a 40,0% para todas as características, reforçando a maior participação da variabilidade de origem genotípica na variação fenotípica total e demonstrando o potencial para ganhos genéticos por meio de procedimentos de seleção nesta população (Tabela 12). O coeficiente de variação genético, parâmetro que fornece uma comparação da variabilidade genética disponível para a seleção (Backes et al., 2002), mostrou os maiores valores (superiores a 70,0%) para a característica reação à mancha bacteriana (RMB% e RMBcm²) (Tabela 12). A relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental, também conhecida como índice de variação foi superior a unidade para as características RMB%, RMBcm², PTF e PMF, apresentando a maior magnitude pra PMF (Tabela 12). Altas estimativas dos CDG associadas a relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental, superior a unidade, refletem uma situação bastante favorável à seleção (Cruz e Regazzi, 2001).

4.1.2. Ganhos por seleção

Partindo-se do princípio que a seleção somente será eficiente se existir variabilidade genética (Falconer e Mackay, 1996), e após a confirmação da existência de variabilidade na geração F_{2:3} analisada por meio dos procedimentos citados anteriormente, procedeu-se a seleção para resistência à mancha bacteriana.

A intensidade de seleção entre e dentro das linhas F_{2:3} utilizada foi 20%, considerando como critério de seleção o decréscimo nas médias originais para a característica reação a mancha bacteriana, ou seja, o objetivo era selecionar indivíduos apresentando os menores valores fenotípicos, obtendo-se ganho por seleção no sentido negativo. As linhas foram selecionadas e as estimativas de

Tabela 12 – Estimativas de parâmetros genéticos para as características reação à mancha bacteriana (RMB), peso total de frutos¹ (g), número total de frutos² e peso médio de frutos³ (g), avaliadas na geração F_{2:3}, obtida do cruzamento UENF 1421 x UENF 1381, por meio do procedimento famílias com testemunhas intercalares. Campos dos Goytacazes, 2004

Parâmetros Genéticos ¹	Características				
	RMB (%)	RMB (cm ²)	PTF	NTF	PMF
\hat{S}_f^2	66,28	0,0070	37007,27	390,55	25,35
\hat{S}_e^2	8,84	0,0009	9176,22	227,92	0,35
\hat{q}_g	57,45	0,0061	27831,05	162,63	25,00
H^2	86,67	67,22	75,20	41,64	98,62
CV_g	79,30	80,12	33,11	28,18	39,51
CV_g / CV_e	2,54	2,61	1,74	0,84	8,46

¹ \hat{S}_f^2 = Variância fenotípica; \hat{S}_e^2 = Variância ambiental; \hat{q}_g = Componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica; H^2 = Coeficiente de determinação genotípico; CV_g = Coeficiente de variação genético (%); CV_g / CV_e = Índice de variação.

ganhos de seleção foram obtidas considerando-se as estratégias de seleção: i. seleção entre e dentro de linhas; ii. seleção massal e iii. seleção combinada.

4.1.2.1. Seleção entre e dentro de linhas

Foram selecionadas 11 linhas F_{2:3} e dentro de cada linha foi selecionada uma única planta. As linhas selecionadas foram 105, 111, 125, 157, 226, 260, 282, 288, 313, 475 e 517 (Tabela 13).

Para a avaliação da reação à mancha bacteriana em porcentagem da área foliar com sintomas (RMB%), o ganho para a seleção entre foi de -38,33% e para a seleção dentro, o ganho foi de -2,02%, totalizando -40,35%.

Para a avaliação da reação à mancha bacteriana em cm² da área foliar com sintomas (RMBcm²), o ganho foi de -38,87% e para a seleção dentro, o ganho foi de -2,05%, gerando um ganho total de -40,92%.

Verificou-se que o ganho obtido por seleção entre linhas superou o ganho alcançado com a seleção praticada dentro das linhas. Sedyama et al. (1999) recomendam que a seleção dentro de linhas seja praticada somente até as gerações F₃ e F₄, uma vez que após estas gerações, as famílias já mostram boa uniformidade, devido a presença da maioria dos *loci* em homozigose.

4.1.2.2. Seleção massal

Por meio desta estratégia, 11 indivíduos foram selecionados para resistência à mancha bacteriana, sendo dois deles pertencentes à linha 550. Além desta linha sobressaíram-se as linhas 041, 105, 118, 209, 341, 379, 434, 475 e 517. O ganho obtido por seleção foi de -27,65% para RMB% e de -28,07% para RMBcm² (Tabela 13).

4.1.2.3. Seleção combinada

Foram selecionadas três linhas, 111, 260 e 313. Todos os sete indivíduos pertencentes à linha 111 foram selecionados e nas linhas 260 e 313 foram selecionados dois indivíduos em cada uma (Tabela 13).

O ganho por seleção foi de -266,20% para RMB% e -265,55% para RMBcm². Verificou-se que a eficiência da seleção combinada em relação a seleção entre e dentro foi de 6,6 para avaliação em porcentagem e 6,5 para avaliação em cm². Em relação a seleção massal, a seleção combinada apresentou a eficiência de 9,6 para porcentagem e 9,5 para cm². Sampaio et al. (2000) observaram ganhos genéticos similares para a seleção individual e a seleção combinada em *Pinus caribaea* pv. *Hondurensis*.

Noda et al. (2003) relataram que o método genealógico vem sendo usado desde 1976 pelo Instituto de Pesquisas da Amazônia (INPA), no programa de melhoramento genético do pimentão visando incorporar resistência à *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. Os pesquisadores apresentaram os resultados obtidos envolvendo progênies F₁₃ e F₁₄ do cruzamento interespecífico entre *C. annuum* e *C. chinense*, denominado HP – 12. As progênies selecionadas apresentaram maior resistência e capacidade produtiva, quando comparadas à testemunha suscetível ('Cascadura Ikeda'), em condições de ocorrência da doença, e os autores verificaram que a capacidade de produção de frutos estava relacionada aos níveis de resistência do hospedeiro ao patógeno. A seleção realizada pelo método genealógico foi eficiente e propiciou ganhos consistentes. Informações sobre ganhos de seleção permitem avaliar a eficiência dos métodos de melhoramento, bem como o êxito do material melhorado (Cruz e Regazzi, 2001).

Estes indivíduos selecionados poderão ser utilizados para avançar a próxima geração, F_{3:4}, com boas perspectivas de ganhos. Por meio da seleção

Tabela 13 – Seleção de linhas F_{2:3} resultantes do cruzamento entre UENF 1421 e UENF 1381 e ganhos obtidos por seleção. Campos dos Goytacazes, 2004

Seleção entre e dentro	Seleção massal	Seleção combinada
105 (1)*	041 (1)	111 (7)
111 (1)	105 (1)	260 (2)
125 (1)	118 (1)	313 (2)
157 (1)	209 (1)	-
226 (1)	341 (1)	-
260 (1)	379 (1)	-
282 (1)	434 (1)	-
288 (1)	475 (1)	-
313 (1)	517 (1)	-
475 (1)	550 (2)	-
517 (1)	-	-
GS RMB% = -40,57%	GS RMB% = -27,65%	GS RMB% = -266,20%
GS RMBcm² = -40,92%	GS RMBcm² = -28,07%	GS RMBcm² = -265,55%

* O número entre parênteses refere-se ao número de plantas selecionadas dentro da respectiva linha.

combinada, os ganhos a curto prazo são maiores, sendo também maior a probabilidade de redução da variabilidade. Considerando-se a seleção entre e dentro, os ganhos a curto prazo são menores, mas a possibilidade de se obter linhas resistentes é maior. Então, apesar do ganho expresso pela seleção combinada ser de maior magnitude, sugere-se o avanço da geração F_{3:4} utilizando-se todas as linhas selecionadas nas três estratégias de seleção, objetivando a manutenção da variabilidade genética, uma vez que ainda são gerações iniciais de autofecundação.

4.2. Método *Single Seed Descent* – SSD

Durante o período de desenvolvimento, no campo, dos genitores UENF 1421, UENF 1381 e das linhas F₆ oriundas deste cruzamento, foram registrados pela Estação Agroclimatológica da UENF, os dados climatológicos referentes a temperaturas e umidade relativa. Estas informações encontram-se nas Figuras 3 e 4.

As temperaturas verificadas permaneceram dentro da faixa indicada para o bom desenvolvimento da cultura. No período da inoculação das plantas, temperaturas em torno de 28°C contribuíram para que a infecção e a expressão

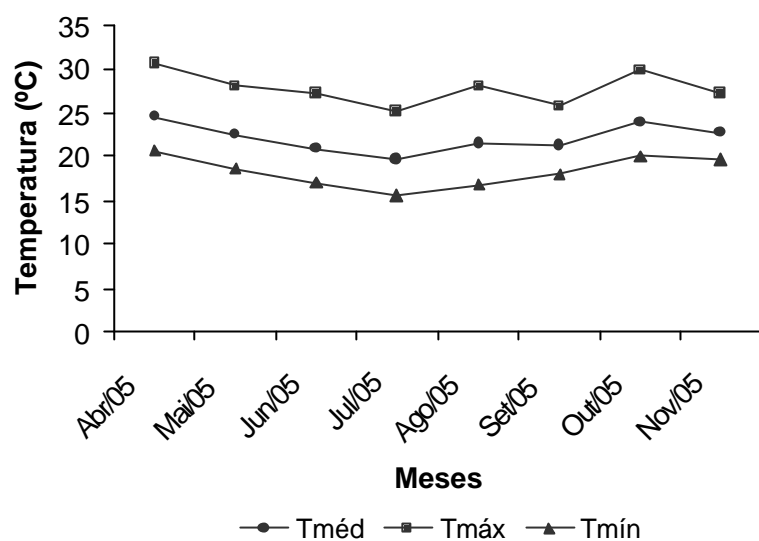


Figura 3 – Temperatura média (Tméd), máxima (Tmáx) e mínima (Tmín) no período de desenvolvimento das linhas F₆, segundo o método de melhoramento SSD, Campos dos Goytacazes, 2005.

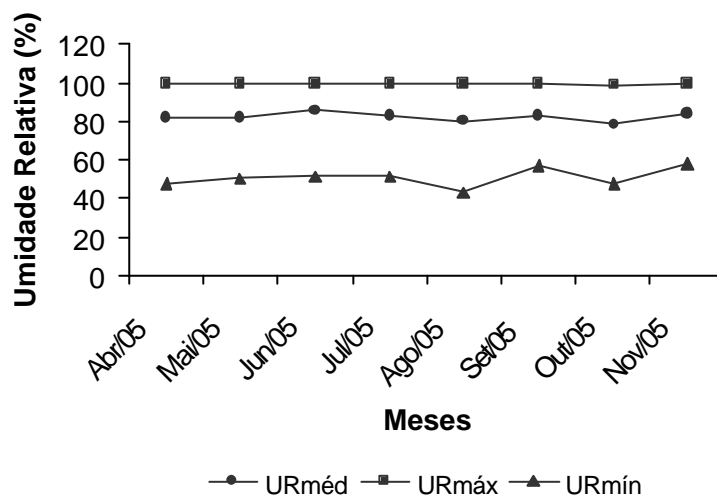


Figura 4 – Umidade relativa média (URméd), máxima (URmáx) e mínima (URmín) no período de desenvolvimento das linhas F₆, segundo o método de melhoramento SSD, Campos dos Goytacazes, 2005.

dos sintomas fosse possível, assegurando que a avaliação foi feita em boas condições para a manifestação da doença.

A umidade relativa máxima manteve-se em torno de 99,52% no período de abril a novembro de 2005, enquanto a mínima atingiu 50,41%. A umidade relativa média alcançou o valor de 82,02%, sendo verificado 80,2% no mês de agosto, referente à inoculação das plantas. Blanco et al. (1997) afirmam que condições de alta umidade relativa contribuem para o bom desenvolvimento das plantas.

Em regiões ou épocas com alta umidade e temperatura na faixa de 25 °C a 28 °C, a mancha bacteriana torna-se a principal doença do pimentão. Nas Regiões Sudeste e Sul do Brasil, ocorre alta incidência da doença durante o verão, principalmente considerando-se que as variedades e híbridos mais plantados são suscetíveis (Kurozawa e Pavan, 1997).

4.2.1. Características avaliadas

As características reação à mancha bacteriana, avaliada por meio de notas (NOTA) e pela área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), seguida da classificação quanto à resistência ou suscetibilidade das linhas (RES MB), o peso e o número de total de frutos (PTF e NTF), o peso médio dos frutos (PMF), o comprimento e o diâmetro dos frutos (CF e DF), a relação entre o comprimento e o diâmetro dos frutos (CF/DF), a altura e o diâmetro da copa das plantas (ALTP e DIAC) e a presença ou ausência de capsaicina (CAPS) podem ser verificadas para todas as linhas F₆ e genitores (UENF 1421 e UENF 1381) na Tabela 14.

Os genitores apresentaram-se com características já esperadas. UENF 1421 foi considerado suscetível à mancha bacteriana, com frutos maiores, mais pesados e em menor número, além de doces, ou seja, sem capsaicina. Suas plantas alcançaram maior altura com menor diâmetro de copa. UENF 1381 mostrou-se resistente à mancha bacteriana, confirmando outros resultados obtidos na literatura (Costa et al., 2002a; Sudré, 2003; Riva et al., 2004a), com frutos menores, mais leves e em maior número. Verificou-se neste acesso a presença de capsaicina, conferindo a pungência característica dos frutos e as plantas apresentaram-se mais baixas e com maior diâmetro de copa.

Tabela 14 – Médias das 11 características avaliadas nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381). Campos dos Goytacazes, 2005

Nº	LINHA	NOTA ¹	AAC PD	REA MB	PTF	NTF	PMF	CF	DF	CF/DF	ALTP	DIAC	CAPS
1	08	1,84	15,13	R ^{2/}	214,17	19,37	11,06	81,53	22,37	3,64	58,11	70,78	P ^{3/}
2	11	1,60	14,60	R	381,33	45,00	8,47	57,91	21,74	2,66	45,89	61,79	P
3	21	1,47	15,31	R	244,00	35,02	6,97	39,22	21,94	1,79	41,80	54,61	P
4	26	1,83	16,17	R	219,01	37,97	5,77	50,55	20,88	2,42	47,61	55,33	P
5*	32	1,58	13,87	R	176,58	18,10	9,76	69,94	25,37	2,76	52,72	63,94	A
6	41	1,67	16,02	R	241,67	23,73	10,18	61,31	25,46	2,41	48,17	59,89	-
7	68	1,70	15,20	R	196,25	17,27	11,36	70,05	24,79	2,83	39,72	52,83	A
8	74	1,87	15,80	R	78,50	11,67	6,73	58,77	19,80	2,97	33,72	43,83	A
9	81	2,00	22,57	R	127,50	20,18	6,32	66,63	18,25	3,65	31,61	50,33	P
10	83	2,20	19,07	S	173,17	17,40	9,95	50,94	26,86	1,90	43,17	46,33	P
11	93	3,33	26,70	S	209,42	26,10	8,02	55,53	22,72	2,44	37,22	50,67	P
12	95	2,86	18,93	S	162,83	27,53	5,91	54,09	18,90	2,86	40,17	54,33	P
13	97	2,89	23,10	S	100,08	17,57	5,70	41,11	20,39	2,02	33,83	44,61	P
14	98	3,37	25,73	S	224,33	23,00	9,75	56,94	26,31	2,16	39,39	53,67	P
15	100	1,93	18,87	R	279,83	37,13	7,54	58,87	23,13	2,55	45,17	49,44	P
16	104	1,53	13,20	R	220,00	27,93	7,88	36,99	26,01	1,43	47,39	61,72	P
17	114	1,48	14,35	R	188,00	22,40	8,39	69,58	22,74	3,06	36,94	48,78	P
18	118 A	2,13	18,18	S	250,83	26,32	9,53	63,43	20,87	3,04	45,11	50,89	P
19	118 V	2,42	19,5	S	163,17	27,10	6,02	50,42	21,73	2,32	40,22	50,50	-
20	126	2,19	18,10	S	221,17	31,17	7,10	51,22	21,03	2,44	38,83	46,56	P
21	132	1,83	15,78	R	136,67	13,64	10,02	56,17	23,70	2,37	35,17	35,83	A
22	143	2,33	19,40	S	190,67	28,00	6,81	52,15	22,71	2,30	38,83	46,44	-
23	155	1,98	18,78	R	163,25	20,73	7,88	67,99	26,37	2,58	47,33	48,94	A
24	168	1,60	15,13	R	223,67	36,27	6,17	45,42	24,37	1,86	44,83	60,39	A
25	174	1,30	13,50	R	213,67	34,87	6,13	71,74	19,28	3,72	42,06	58,50	A

...continuação.

26	183	1,57	14,27	R	250,50	22,33	11,22	57,07	28,39	2,01	52,28	56,67	P
27	188	2,42	18,42	S	171,25	28,42	6,03	52,84	19,80	2,67	42,78	53,22	P
28	191	1,83	16,32	R	150,08	16,30	9,21	56,16	27,48	2,04	39,56	56,06	A
29	192	2,40	19,47	S	211,42	21,83	9,68	52,14	27,24	1,91	55,11	64,33	P
30	195	1,90	18,15	R	231,83	33,62	6,88	40,13	22,95	1,75	47,33	64,61	P
31	199	2,13	18,93	S	256,08	43,90	5,83	67,00	20,70	3,24	51,28	70,33	P
32	204	1,73	15,60	R	280,25	31,55	8,88	61,48	21,80	2,82	41,67	57,94	P
33	209	1,72	15,78	R	274,67	35,52	7,73	60,35	20,57	2,93	43,50	57,50	P
34	214	1,48	14,65	R	391,33	58,73	6,66	51,58	20,38	2,53	51,22	62,61	P
35	226	1,64	13,93	R	223,39	17,02	13,13	74,50	28,11	2,65	46,44	51,94	S
36	234	1,92	18,25	R	306,08	29,50	10,38	56,97	26,74	2,13	49,94	57,50	P
37	238	2,38	18,93	S	251,67	50,53	4,98	43,72	20,14	2,17	47,79	61,17	P
38	239	1,43	14,17	R	393,92	48,88	8,06	57,92	21,14	2,74	47,06	61,78	P
39	241	2,08	20,83	S	240,83	30,33	7,94	43,55	26,57	1,64	59,00	67,33	P
40	251	1,62	14,62	R	187,33	22,27	8,41	62,02	23,50	2,64	43,06	44,94	A
41	258	1,93	16,43	R	280,67	35,80	7,84	51,03	26,30	1,94	54,44	63,44	P
42	280	2,00	17,07	R	160,75	26,20	6,14	44,09	23,84	1,85	38,06	51,39	-
43	282	1,79	18,80	R	152,25	11,58	13,15	70,74	25,56	2,77	40,61	48,56	A
44	301	1,18	12,40	R	306,22	33,20	9,22	60,00	27,93	2,15	44,44	53,56	P
45	307	2,31	23,33	S	335,50	47,17	7,11	55,42	21,66	2,56	50,28	62,67	P
46	309	2,13	17,67	S	273,00	30,07	9,08	64,83	23,60	2,75	48,78	60,67	S
47	311	2,24	16,72	S	227,33	19,72	11,53	52,78	32,96	1,60	47,89	45,89	P
48	313	1,90	17,81	R	224,22	46,29	4,84	47,79	18,78	2,54	44,50	53,33	P
49	316	1,08	12,25	R	187,25	15,02	12,47	98,33	25,82	3,81	37,89	38,50	A
50	332	2,00	16,05	R	265,42	26,61	9,97	61,00	23,79	2,56	41,39	44,89	P
51	334	2,17	20,47	S	311,00	37,87	8,21	75,61	22,00	3,44	53,06	49,11	P
52	337	3,07	23,07	S	305,67	67,00	4,56	56,37	18,22	3,09	42,78	55,22	P
53	339	1,62	15,80	R	340,67	34,00	10,02	84,87	24,73	3,43	46,67	56,89	A
54	353	2,33	18,40	S	254,00	35,27	7,20	48,93	23,63	2,07	47,89	59,83	A

...continuação.

55	385	1,92	17,92	R	303,08	25,75	11,77	71,64	26,09	2,75	59,00	67,39	P
56	399	1,27	13,53	R	308,67	31,18	9,90	70,67	27,27	2,59	49,22	51,94	A
57	408	1,87	16,43	R	257,06	25,58	10,05	91,58	22,07	4,15	51,83	60,22	A
58	414	1,78	15,80	R	252,50	33,13	7,62	35,83	28,92	1,24	47,22	56,89	P
59	422	1,80	15,47	R	232,17	37,45	6,20	76,27	17,48	4,36	60,39	74,78	P
60	425	2,13	16,33	S	264,78	19,84	13,35	89,39	27,07	3,30	52,22	49,83	A
61	426	1,93	15,60	R	241,33	41,87	5,76	50,32	16,52	3,05	48,89	58,44	P
62	428	1,92	16,92	R	211,86	22,12	9,58	57,30	25,28	2,27	56,67	57,83	P
63	434	1,20	12,73	R	239,42	38,13	6,28	56,27	19,96	2,82	46,17	67,56	A
64	447	2,53	18,03	S	156,72	21,28	7,36	61,35	24,71	2,48	49,89	56,61	P
65	463	1,70	14,97	R	213,25	19,98	10,67	70,02	27,48	2,55	50,61	60,22	P
66	470	1,27	13,07	R	388,33	56,00	6,93	46,30	26,04	1,78	42,72	65,83	P
67	474	1,40	13,47	R	277,00	18,93	14,63	69,64	29,09	2,39	38,72	46,89	P
68	480	2,83	21,38	S	152,72	15,46	9,88	70,05	24,58	2,85	40,92	42,57	A
69	486	2,12	16,93	S	253,33	35,40	7,16	61,95	24,07	2,57	39,89	60,06	P
70	500	1,72	15,32	R	256,25	32,48	7,89	67,76	25,93	2,61	45,00	52,67	P
71	504	1,69	14,66	R	165,25	17,70	9,34	57,79	34,26	1,69	38,00	42,44	A
72	507	3,50	24,38	S	113,75	24,85	4,58	57,62	20,17	2,86	39,33	44,33	P
73	512	1,89	19,35	R	182,08	27,12	6,71	44,90	28,92	1,55	43,17	52,78	P
74	517	1,30	13,52	R	140,17	14,72	9,52	48,25	27,39	1,76	43,55	46,61	A
75	520	2,73	18,20	S	207,25	32,35	6,41	40,07	20,24	1,98	44,05	51,50	A
76	525	2,10	16,94	S	208,92	21,04	9,93	53,79	26,42	2,04	44,61	53,28	-
77	527	1,56	13,94	R	202,50	32,03	6,32	45,16	23,98	1,88	42,22	48,94	P
78	529	2,00	16,83	R	100,17	25,88	3,87	48,71	21,19	2,30	36,50	40,22	P
79	544	2,27	21,83	S	81,75	25,35	3,22	38,45	15,91	2,42	32,83	38,33	P
80	UENF 1421	3,62	26,00	S	201,53	8,69	27,19	66,54	35,82	1,86	42,83	32,33	A
81	UENF 1381	2,00	15,67	R	125,25	49,83	2,51	35,42	15,07	2,35	29,61	45,00	P

¹NOTA = Nota para reação à mancha bacteriana, variando de 1 a 5; AACPD = Área abaixo da curva de progresso da doença; REA MB = Reação à mancha bacteriana; PTF = Peso total de frutos (g/planta); NTF = Número total de frutos; PMF = Peso médio de frutos (g/planta); CF = Comprimento do fruto (mm); DF = Diâmetro do fruto (mm); CF/DF = Relação CF/DF; CAPS = Presença ou ausência de capsaicina; ALT PLT = Altura da planta (m); DIA COP = Diâmetro da copa da planta (cm).

²R = Resistente; S = Suscetível.

³P = Presença de capsaicina; A = Ausência de capsaicina; S = Segregante; - = Não determinado.

* Linhas em negrito indicam plantas resistentes e sem capsaicina.

Para as linha F₆ observou-se grande variabilidade nas médias para a característica PTF, iniciando-se em um valor mínimo de 78,50 g/planta e atingindo um valor máximo de 393,92 g/planta, superando inclusive o genitor UENF 1421, que alcançou o valor médio de 201,53 g/planta. A característica NTF permaneceu entre 11,67 e 67,00 frutos por planta e para PMF a variação ocorreu entre 3,38 e 14,93 gramas por fruto. Acentuada variabilidade também foi detectada para as características CF, DF e CF/DF.

A característica ALTP distribuiu-se de um valor mínimo de 31,61 cm até um valor máximo de 60,39 cm. Para DIAC, verificou-se valores entre 35,83 e 74,78 cm.

Das 79 linhas F₆ analisadas, 51 foram resistentes à mancha bacteriana (64,56%). Dentre estas, 17 não apresentaram capsaicina (33,33%), tidas como “doces”. Duas linhas consideradas resistentes (41 e 280) não foram avaliadas para presença de capsaicina. As linhas consideradas “doces” e resistentes foram 032, 068, 074, 132, 155, 168, 174, 191, 251, 282, 316, 339, 399, 408, 434, 504 e 517. Para a linha 226, resistente à mancha bacteriana foi verificada segregação para presença ou ausência de capsaicina. Para as linhas 011, 091, 104, 114, 183, 204, 282, 334, 470, 474, 480, 512, 520 e 527, os resultados referentes à presença ou ausência de capsaicina foram obtidos em apenas uma repetição, e por isso, não foram incluídos na Tabela 15.

Considerando-se as linhas F₆ e os genitores avaliados em três repetições pode-se visualizar na Tabela 15 que 66,66% das linhas são pungentes (contém capsaicina) e 30,16% são “doces” (ausência de capsaicina). Segregação foi observada somente para duas linhas (226 e 309), ou seja, 3,17%. Este fato pode ser devido a alguma taxa de heterozigose ainda presente na geração F₆.

Os genitores UENF 1421 e UENF 1381 possuem frutos de cor vermelha, quando maduros. O mesmo foi verificado para a geração híbrida e para as linhas F₆. Entretanto, a linha 118 A, apresentou frutos de cor amarela nas geração F₃, conduzida em casa de vegetação, com formato semelhante ao genitor UENF 1421. Nas gerações F₄ e F₅, o mesmo não foi observado, porém, em três plantas da parcela da linha 118 A do bloco II na geração F₆ foram verificados novamente frutos de cor amarela, contudo com formato mais alongado. Os frutos da linha 118 V apresentaram-se vermelhos em todas as gerações.

Tabela 15 – Presença (pungência) ou ausência de capsaicina verificada em 63 linhas F₆ obtidas do cruzamento entre UENF 1421 e UENF 1381. Campos dos Goytacazes, 2005

Pungência	Linhas F ₆ (UENF 1421 x UENF 1381)
SIM (66,66%)	008, 021, 026, 081, 083, 093, 095, 097, 098, 100, 118 A, 126, 188, 192, 195, 199, 209, 214, 234, 238, 239, 241, 258, 301, 307, 311, 313, 332, 337, 385, 414, 422, 426, 428, 447, 463, 486, 500, 507, 529, 544, UENF 1381
NÃO (30,16%)	032, 068, 074, 132, 155, 168, 174, 191, 251, 316, 339, 353, 399, 408, 425, 434, 504, 517, UENF 1421
Segregante (3,17%)	226, 309

A coloração dos frutos maduros de *Capsicum* é determinada pela presença dos pigmentos carotenóides. Os pigmentos predominantes no fruto vermelho são capsantina e capsorubina, sintetizadas pela enzima capsantina-capsorubina sintase. Estudos clássicos determinaram que a cor vermelha dos frutos maduros é dominante sobre a cor amarela e é controlada por um único gene, denominado *y*. Contudo, a relação do locus *y* com o gene que codifica para capsantina-capsorubina sintase (CCS) foi estudada e determinou-se que existe correspondência entre os dois genes, sendo que há uma deleção em CCS em plantas com o alelo recessivo *y*. Em cruzamento entre plantas com frutos vermelhos e plantas com frutos brancos, progênies com frutos vermelhos possuíam o alelo sem deleção no locus CCS, enquanto progênies apresentando frutos com coloração laranja, amarela e branca possuíam o alelo com deleção. Houve efeito do *background* genético na segregação para cor do fruto e existem evidências para a ocorrência de múltiplos genótipos para a cor laranja dos frutos em pimentão (Popovsky e Paran, 2000).

4.2.2. Análise de variância

4.2.2.1. Reação à mancha bacteriana

A reação à mancha bacteriana foi avaliada por meio de notas, variando de 1 a 5, sendo 1 e 2 consideradas resistentes e 3 a 5, suscetíveis, considerando-se como um ponto de truncagem a nota dois, pois o maior número de plantas do genitor suscetível UENF 1421 encontrava-se acima desta nota e o genitor resistente, UENF 1381, apresentou somente plantas com nota dois. Com base nas notas atribuídas calcularam-se os valores da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD).

Verificou-se diferença altamente significativa em nível de 1% de probabilidade pelo teste F para os tratamentos (linhas F_6 e genitores), para as linhas F_6 , para as testemunhas e para a comparação entre linhas e testemunhas, tanto para notas quanto para AACPD (Tabela 16).

Os programas de melhoramento de plantas são dependentes do critério pelo qual o material genético é avaliado e uma medida desses critérios pode ser feita pelo coeficiente de variação (CV) (Santos, 2000), valor que compara a dispersão dos dados. Para notas o CV foi 22,47% e para AACPD, 17,19%, valores considerados alto e médio, respectivamente, segundo Gomes e Garcia (2002).

Para as características aqui avaliadas, estes valores de CV não apresentaram grande discrepância de outros encontrados na literatura. Santos et al. (2004), avaliando cultivares de mandioca, verificaram CV de 37,9% para AACPD, calculada a partir da estimativa da severidade da doença na planta inteira, e 31,1% para AACPD, calculada a partir da estimativa da severidade da doença no ramo mais vigoroso.

Aguiar et al. (2003) identificaram para a característica área abaixo da curva de progresso da população residente de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, CV de 12,70% para o isolado ENA 818 e 16,99% para o isolado 4369, em pimentão. Noda et al. (2003) obtiveram valores de CV entre 6,18 e 11,28% para os caracteres de resistência, índice de doença em vários dias, taxa de infecção e taxa de infecção aparente à *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* em pimentão. Para resistência do feijoeiro à *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, avaliada pelo índice de doença, Santos (2000) identificou CV de 19,75% e para diâmetro da lesão em vagem, 24,34%. Avaliando a incidência do míldio em

Tabela 16 – Resumo da análise de variância para 10 características avaliadas nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381). Campos dos Goytacazes, 2005

FV	GL	Quadrados Médios									
		NOTA ¹	AACPD	PTF	NTF	PMF	CF	DF	CF/DF	ALTP	DIAC
BLOCOS	2	1,04	5,03	59984,81	906,43	14,30	820,80	95,96	0,30	176,59	1027,16
TRATAMENTO	80	0,83**	31,01**	14266,44**	387,37**	31,44**	498,69**	45,14**	1,12**	129,49**	213,60**
LIN	78	0,75**	28,94**	14226,18**	364,75**	17,06**	488,50**	37,79**	1,14**	123,80**	197,31**
TESTE	1	3,95,**	150,90**	8727,96 ^{ns}	2538,75**	927,03**	1453,30**	646,05**	0,34 ^{ns}	262,28**	240,67 ^{ns}
LIN X TESTE	1	4,17**	73,12**	22945,39*	0,19 ^{ns}	257,34**	339,14**	17,57 ^{ns}	0,73*	440,41**	1457,39**
RESÍDUO	160	0,19	8,84	5853,16	87,75	3,61	41,06	12,73	0,12	34,14	64,92
Total	242										
Média geral		1,99	17,24	224,46	29,09	7,72	58,40	23,75	2,46	44,68	54,06
Média linhas		1,97	17,15	226,01	29,09	7,77	58,59	23,71	2,47	44,90	54,45
Média teste		2,82	20,69	163,39	29,26	5,58	50,98	25,44	2,00	36,22	38,67
CV (%)		22,18	17,24	34,08	32,20	22,40	10,97	15,02	13,46	13,08	14,90
IV (%)		12,81	9,65	19,68	18,59	12,93	6,33	8,67	7,77	7,55	8,60

** Significativo em nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

* Significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F.

^{ns} Não significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F.

¹ NOTA = Nota para reação à mancha bacteriana, variando de 1 a 5; AACPD = Área abaixo da curva de progresso da doença; PTF = Peso total de frutos; NTF = Número total de frutos; PMF = Peso médio de frutos (g); CF = Comprimento do fruto (mm); DF = Diâmetro do fruto (mm); CF/DF = Relação CF/DF; ALTP = Altura da planta (cm); DIAC = Diâmetro da copa da planta (cm).

cebola, Gonçalves et al. (2004) identificaram CV de 43,9%. Em acessos de *Capsicum* spp., Sudré (2003) observou CV de 27,35% para reação à mancha bacteriana avaliada por meio de notas.

É válido ressaltar que o CV não leva em conta o número de repetições do experimento, sendo então calculado o índice de variação (IV), obtido pela divisão entre o CV e a raiz quadrada do número de repetições do experimento.

Para notas, observou-se um IV de 12,81% e para AACPD, 9,95% (Tabela 16), indicando boa precisão experimental.

A média geral dos tratamentos (linhas F₆ e testemunhas) foi bastante próxima a média das linhas F₆, em torno de 2,00 para notas e 17,00 para AACPD. A média das testemunhas foi superior (2,82 para notas e cerca de 20,69 para AACPD) (Tabela 16).

4.2.2.2. Peso total de frutos, número total de frutos e peso médio de frutos

Para as características peso total de frutos (PTF), número total de frutos (NTF) e peso médio de frutos (PMF), detectou-se diferenças significativas para os tratamentos e entre as linhas F₆ avaliadas, em nível de 1% de probabilidade pelo teste F. Considerando-se os genitores UENF 1421 e UENF 1381 como testemunhas, para PTF, não houve diferença significativa em nível de 5% de probabilidade pelo teste F (Tabela 16). O maior número de frutos, com menor peso de UENF 1381 pode ter compensado o maior peso, porém, em menor número de UENF 1421. Como esperado para testemunhas, para NTF e PMF, houve diferença significativa em nível de 1% de probabilidade pelo teste F. A comparação entre linhas e testemunhas foi significativa em nível de 5% de probabilidade pelo teste F para PTF e não significativa para NTF. Para PMF, houve diferença significativa em nível de 1% de probabilidade pelo teste F (Tabela 16).

Os CV atingiram valores de 34,08% para PTF, 32,20% para NTF, considerados muito altos e 22,40% para PMF, considerado alto (Gomes e Garcia, 2002). Estimativas altas, sugerindo a natureza complexa destas características, provavelmente governadas por maior número de genes e mais influenciadas pelas condições ambientais. Valores mais altos de CV evidenciam alta contribuição de fatores não controláveis sobre a variância total. Contudo, para

todas as características foi possível verificar diferenças significativas em nível de 1% de probabilidade pelo teste F, demonstrando que as linhas são potencialmente diferentes. Procedendo-se o cálculo do IV, obteve-se os seguintes valores, 19,68% para PTF, 18,59% para NTF e 12,93% para PMF, demonstrando boa precisão experimental.

Gomes et al. (2004) verificaram CV de 31,56% para produção de grãos em linhas F₆ de soja. Em feijoeiro, Santos (2000) encontrou valores de CV de 48,86% para peso de vagens por planta, 40,99% para número de vagens por planta e 18,72% para peso médio de vagens. Para número de frutos verdes em tomateiro, verificou-se CV de 36,98% (Aragão et al., 2004). Em inhame, para número de folhas por planta, Oliveira et al. (2004a) verificaram CV de 34% e 43% em duas épocas após o plantio. Sudré (2003), trabalhando com *Capsicum* sp., observou valores de CV de 41,45% para peso de frutos por planta, 64,61% para número de frutos por planta e 23,52% para peso médio do fruto.

4.2.2.3. Comprimento de frutos, diâmetro de frutos e relação comprimento / diâmetro de frutos

Avaliaram-se nas linhas F₆ e nos genitores UENF 1421 e UENF 1381, o comprimento e o diâmetro dos frutos (CF e DF) e a relação entre o comprimento e o diâmetro dos frutos (CF/DF), indicativo da forma dos frutos. Houve diferença significativa em nível de 1% de probabilidade pelo teste F para as características comprimento de frutos (CF), diâmetro de frutos (DF) e relação comprimento/diâmetro de frutos (CF/DF) para tratamentos e linhas F₆ avaliadas. Para as testemunhas UENF 1421 e UENF 1381, somente houve diferença significativa em nível de 1% de probabilidade pelo teste F para CF e DF. A relação CF/DF não apresentou diferenças significativas, como também a comparação entre linhas e testemunhas para DF, demonstrando que as diferenças observadas foram devidas a variação acidental. A comparação entre linhas e testemunhas para CF foi significativa em nível de 1% de probabilidade pelo teste F, e para CF/DF, detectou-se diferença em nível de 5% e CF/DF. Os valores de CV foram de 10,97% para CF, 15,02% para DF e 13,46% para CF/DF, todos considerados médios (Gomes e Garcia, 2002). Considerando-se o IV, para CV obteve-se 6,33%, para DF 8,67% e para CF/DF, 7,77% e CF/DF. Pode-se apontar boa precisão experimental (Tabela 16).

Barbedo et al. (1997) verificaram CV de 8,64% para comprimento e 6,33% para diâmetro de frutos, em pepino. Para comprimento do caule em cultivares de alface, Yuri et al. (2002) observaram CV de 14,11%. Sudré (2003) identificou CV de 8,55% para CF e 6,93% para DF, em acessos de *Capsicum* spp..

4.2.2.4. Altura e diâmetro da copa das plantas

Para as características altura das plantas (ALTP) e diâmetro da copa das plantas (DIAC), houve diferenças significativas em nível de 1% de probabilidade pelo teste F para tratamentos e entre linhas F₆ avaliadas. O mesmo foi observado para ALTP, considerando as testemunhas. Para a característica DIAC, não houve diferença significativa para as testemunhas. Para as interações entre linhas e testemunhas considerando ALTP e DIAC, identificou-se diferença significativa em nível de 1% de probabilidade (Tabela 16).

Os valores de CV para estas características foram considerados médios (Gomes e Garcia, 2002), sendo 13,08% para ALTP e 14,90% para DIAC. O IV para ALTP foi 7,55% e para DIAC, 8,6%, demonstrando boa precisão experimental.

Para altura da planta em inhame, Oliveira et al. (2004a), verificaram CV de 12%. Silveira et al. (2002) observaram CV de 14,96% para altura de mudas de tomateiro. Sudré (2003) encontrou CV de 14,69% e 21,07% para altura da planta e diâmetro da copa, respectivamente, em acessos de *Capsicum* spp..

4.2.3. Estimativas de parâmetros genéticos

Quando se trabalha com programas de melhoramento genético que visam identificar, acumular e fixar genes favoráveis, a manipulação de características quantitativas por meio de endogamia, cruzamentos e/ou seleção, é essencial a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, porque estas permitem identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle das características quantitativas e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada (Cruz e Carneiro, 2003).

Sabendo-se que a variância fenotípica é composta pelo componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica e pela variância atribuída aos desvios proporcionados pelo ambiente, notou-se que, para todas as

características, a maior fração da variância fenotípica foi decorrente da variabilidade genotípica (Tabela 17), o que significa dizer que a maior parte da variabilidade observada foi devida ao potencial genotípico das plantas, indicando que existe variabilidade genética para ser explorada pela seleção.

Valores baixos de variância ambiental indicam um bom controle da área experimental, pois a contribuição indesejável do ambiente para o aumento da variabilidade foi reduzida, contribuindo pouco para a mensuração da variação genotípica, ou seja, a maior porção da variação observada é devida ao potencial genotípico das plantas (Silva, 1997). Acredita-se que as estimativas do componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica envolvam grande parte de variabilidade aditiva e pouca variabilidade atribuída aos desvios da dominância, uma vez que na geração F₆, o componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica é em sua maior parte considerado aditivo (Ramalho et al., 1993).

Em geral, as estimativas do coeficiente de determinação genotípico (CDG) foram altas, ultrapassando 50,0% para todas as características (Tabela 17). O CDG expressa a porcentagem da variância fenotípica que é devida às variações proporcionadas por fatores de natureza genética, ou seja, expressa a confiança do valor fenotípico em prever o valor genético (Cruz e Carneiro, 2003).

A estimativa do CDG, relação entre o componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica e a variância fenotípica, pode variar consideravelmente de acordo com a unidade de seleção, ou da interação genótipo x ambiente. Dessa forma, a comparação de estimativas obtidas em diferentes situações experimentais deve ser realizada com base em uma avaliação cuidadosa do material e métodos empregado (Gomes et al., 2004). O CDG com base na média da linha demonstra que a avaliação de genótipos em populações avançadas contribui para o aumento do mesmo, favorecendo uma maior segurança quanto à seleção de genótipos promissores (Ferreira, 2002).

As estimativas do CDG, considerando como unidade de seleção a média da linha, foram consideradas altas, com o menor valor para PTF (60,55%) e os maiores valores para CF (92,49%) e CF/DF (91,48%). Para reação à mancha bacteriana considerando as notas, o CDG foi de 71,95%, e para AACPD, foi de

Tabela 17 – Estimativas de parâmetros genéticos para 10 características avaliadas em linhas F₆ obtidas do cruzamento UENF 1421 x UENF 1381. Campos dos Goytacazes, 2005

CARACTERÍSTICAS	PARÂMETROS ¹						
	\hat{S}_f^2	\hat{S}_e^2	\hat{q}_G	H^2	\hat{r}	CV_g	CV_g / CV
NOTA²	0,25	0,06	0,18	74,05	48,75	21,86	0,97
AACPD	9,65	2,95	6,70	69,46	43,12	15,09	0,87
PTF	4742,06	1951,05	2791,01	58,86	32,29	23,37	0,69
NTF	121,58	29,25	92,33	75,94	51,27	33,04	1,02
PMF	5,69	1,20	4,48	78,85	55,42	25,47	1,11
CF	162,83	13,69	149,15	91,59	78,41	20,84	1,90
DF	12,60	4,24	8,35	66,31	39,62	12,19	0,81
CF/DF	0,38	0,04	0,34	89,65	74,27	22,79	1,70
ALTP	41,26	11,38	29,88	72,42	46,67	12,18	0,93
DIAC	65,77	21,64	44,13	67,09	40,46	12,20	0,82

¹ \hat{S}_f^2 = Variância fenotípica (média); \hat{S}_e^2 = Variância ambiental (média); \hat{q}_G = Componente quadrático que expressa a variabilidade genotípica média;

H^2 = Coeficiente de determinação genotípico (Unidade de Seleção: média da linha - %); \hat{r} = Correlação intraclassa (Unidade de Seleção: parcela - %);

CV_g = Coeficiente de variação genético (%); CV_g / CV = Índice de variação

² NOTA = Nota para reação à mancha bacteriana, variando de 1 a 5; AACPD = Área abaixo da curva de progresso da doença; PTF = Peso total de frutos; NTF = Número total de frutos; PMF = Peso médio de frutos (g); CF = Comprimento do fruto (mm); DF = Diâmetro do fruto (mm); CF/DF = Relação CF/DF; ALTP = Altura da planta (cm); DIAC = Diâmetro da copa da planta (cm).

66,74% (Tabela 17). Estes valores de CDG demonstram a possibilidade de alcançar êxito na seleção para resistência à mancha bacteriana nesta população.

Riva et al. (2004a) identificaram herdabilidade no sentido restrito de 50,17% estudando a herança da resistência à mancha bacteriana em pimentão na geração F_2 do cruzamento entre UENF 1421 e UENF 1381. Blat et al. (2004) verificaram herdabilidade altas, variando de 51,58% a 80,78% para reação ao oídio em uma população F_2 de *C. baccatum*. Estimativas altas de herdabilidade foram verificadas por Mini e Khader (2004) para as características comprimento de frutos, peso médio de frutos, número de frutos por planta e produção de frutos por planta. Em soja, para altura da planta madura, estimativas de herdabilidade variaram de 0,37 a 0,85 entre cruzamentos, com média de 0,65 na geração F_6 . Na geração $F_{6:7}$, a média da herdabilidade alcançou 0,50 e as estimativas dentro dos cruzamentos oscilaram de 0 a 0,77 (Gomes et al., 2004).

A correlação intraclasse, que envolve a correlação existente entre plantas de uma mesma linha, atingiu valores de 32,29% para PTF a 78,41% para CF, sendo que, para a reação à mancha bacteriana, a correlação foi 48,75% para NOTA e 43,12% para AACPD. Valores mais altos de correlação intraclasse demonstram que a seleção entre linhas F_6 será mais efetiva, visto que as autofecundações fazem com que as plantas da mesma linha tornem-se mais semelhantes.

O CV_g variou de 12,18% para ALTP a 33,04% para NTF. A razão entre o CV_g e o CV, que indica o índice de variação, apresentou valores inferiores a unidade, como 0,69 para PTF a valores superiores a unidade, como 1,90 para CF (Tabela 17). Cruz e Regazzi (2001) afirmam que altas estimativas de CDG e a relação CV_g/CV superior a unidade, refletem uma situação bastante favorável à seleção. Em *C. annuum*, altos valores de coeficiente de variação genotípico foram verificados para produção de frutos por planta, número de frutos por planta e peso médio de frutos indicando maiores possibilidades para melhoramento por seleção (Mini e Khader, 2004).

4.2.4. Comparação entre médias

4.2.4.1. Reação à mancha bacteriana

Os genitores UENF 1421 e UENF 1381 e as linhas F₆ foram agrupados de acordo com o teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974), em nível de 5% de probabilidade.

Para a característica reação à mancha bacteriana avaliada por meio de notas foram obtidos três grupos diferentes (Tabela 18). O menor grupo, “a”, composto por cinco linhas, incluindo o genitor UENF 1421, foi aquele com os maiores valores de notas, indicando plantas mais suscetíveis (3,07 a 3,62). O grupo “b” constou de 13 linhas F₆, apresentando valores de notas intermediários (2,27 a 2,89). O maior grupo, “c”, com 63 linhas, incluindo o genitor UENF 1381, foi representado pelos menores valores (1,08 a 2,24). Conforme o esperado, os genitores ficaram em grupos extremos, confirmando a suscetibilidade de UENF 1421 e a resistência de UENF 1381. Observou-se uma redução de 25,51% do grupo “a” para o grupo “b” para os valores apresentados para a característica reação à mancha bacteriana avaliada por meio de notas. Considerando o grupo “a” em relação ao grupo “c”, houve uma redução de 35,90%.

Foram verificados indivíduos transgressivos para resistência à mancha bacteriana, ou seja, algumas linhas apresentaram-se com valores inferiores ao genitor UENF 1381, considerado resistente. Considerando-se que a resistência à mancha bacteriana nesta população seja controlada por no mínimo três genes de caráter recessivo (Riva et al., 2004a), aparentemente o genitor UENF 1421 apresenta maior “quantidade de alelos dominantes, mas “alguns” *loci* em heterozigose, enquanto que, o genitor UENF 1381 apresenta maior “quantidade” de alelos recessivos, mas “alguns” *loci* em heterozigose. Portanto, na população gerada após o cruzamento entre UENF 1421 e UENF1381, pode estar havendo um aumento da frequência de alelos recessivos e, conseqüentemente, em *loci* homozigóticos recessivos, acarretando no surgimento dos indivíduos transgressivos.

Considerando-se a avaliação da reação à mancha bacteriana por meio da AACPD, a formação dos grupos apresentou algumas diferenças (Tabela 19). Ainda foram detectados três grupos, sendo o menor deles, “a” com nove linhas, incluindo o genitor UENF 1421, com os maiores valores (21,38 a 26,70). O grupo “b” foi composto por 24 linhas F₆, com valores entre 17,81 a 21,38. Com 48 linhas,

Tabela 18 – Médias da característica reação à mancha bacteriana avaliada por meio de notas nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381), agrupadas segundo o procedimento de Scott e Knott (1974). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas	Médias	Linhas	Médias	Linhas	Médias
UENF 1421	3,62 a	525	2,10 c	500	1,72 c
507	3,50 a	241	2,08 c	209	1,72 c
098	3,37 a	UENF 1381	2,00 c	463	1,70 c
093	3,33 a	529	2,00 c	068	1,70 c
337	3,07 a	332	2,00 c	504	1,69 c
097	2,89 b	280	2,00 c	041	1,67 c
095	2,86 b	081	2,00 c	226	1,64 c
480	2,83 b	155	1,98 c	339	1,62 c
520	2,73 b	426	1,93 c	251	1,62 c
447	2,53 b	258	1,93 c	168	1,60 c
188	2,42 b	100	1,93 c	011	1,60 c
118 V	2,42 b	428	1,92 c	032	1,58 c
192	2,40 b	385	1,92 c	183	1,57 c
238	2,38 b	234	1,92 c	527	1,56 c
353	2,33 b	313	1,90 c	104	1,53 c
143	2,33 b	195	1,90 c	214	1,48 c
307	2,31 b	512	1,89 c	114	1,48 c
544	2,27 b	408	1,87 c	021	1,47 c
311	2,24 c	074	1,87 c	239	1,43 c
083	2,20 c	008	1,84 c	474	1,40 c
126	2,19 c	191	1,83 c	517	1,30 c
334	2,17 c	132	1,83 c	174	1,30 c
425	2,13 c	026	1,83 c	470	1,27 c
309	2,13 c	422	1,80 c	399	1,27 c
199	2,13 c	282	1,79 c	434	1,20 c
118 A	2,13 c	414	1,78 c	301	1,18 c
486	2,12 c	204	1,73 c	316	1,08 c

Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade.

Tabela 19 – Médias da característica reação à mancha bacteriana avaliada por meio da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381), agrupadas segundo o procedimento de Scott e Knott (1974). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas	Médias	Linhas	Médias	Linhas	Médias
093	26,70 a	118 A	18,18 b	204	15,60 c
UENF 1421	26,00 a	195	18,15 b	422	15,47 c
098	25,73 a	126	18,10 b	500	15,32 c
507	24,38 a	447	18,03 b	021	15,31 c
307	23,33 a	385	17,92 b	068	15,20 c
097	23,10 a	313	17,81 b	168	15,13 c
337	23,07 a	309	17,67 c	008	15,13 c
081	22,57 a	280	17,07 c	463	14,97 c
544	21,83 a	525	16,94 c	504	14,66 c
480	21,38 b	486	16,93 c	214	14,65 c
241	20,83 b	428	16,92 c	251	14,62 c
334	20,47 b	529	16,83 c	011	14,60 c
118 V	19,50 b	311	16,72 c	114	14,35 c
192	19,47 b	408	16,43 c	183	14,27 c
143	19,40 b	258	16,43 c	239	14,17 c
512	19,35 b	425	16,33 c	527	13,94 c
083	19,07 b	191	16,32 c	226	13,93 c
238	18,93 b	026	16,17 c	032	13,87 c
199	18,93 b	332	16,05 c	399	13,53 c
095	18,93 b	041	16,02 c	517	13,52 c
100	18,87 b	414	15,80 c	174	13,50 c
282	18,80 b	339	15,80 c	474	13,47 c
114	18,78 b	074	15,80 c	104	13,20 c
188	18,42 b	209	15,78 c	470	13,07 c
353	18,40 b	132	15,78 c	434	12,73 c
234	18,25 b	UENF 1381	15,67 c	301	12,40 c
520	18,20 b	426	15,60 c	316	12,25 c

Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade.

incluindo UENF 1381, obteve-se o grupo “c”, cujos valores permaneceram entre 12,25 e 17,67. Para os valores mostrados para a característica reação à mancha bacteriana avaliada por meio da AACPD, verificou-se uma redução de 21,43% do grupo “a” para o grupo “b” e de 37,21% do “a” para o grupo “c”.

Verificou-se que a diferença entre os genitores foi mais consistente com a avaliação por meio da AACPD, evidenciando a importância deste procedimento para complementar as análises. Tal fato pode ser devido a maior abrangência da AACPD. Foram realizadas sete avaliações durante 17 dias e todos esses dados foram considerados para o cálculo da AACPD. Já os resultados das notas são apresentados considerando-se o resultado da última nota da última avaliação. Logo, para a avaliação por meio de notas não há diferença entre uma planta que recebeu apenas uma nota dois no último dia de avaliação e outra que recebeu nota dois desde o terceiro dia de avaliação, por exemplo, contudo permanecendo sem alteração dos sintomas até o último dia de avaliação e continuando com a nota dois. Esta diferença é considerada no cálculo da AACPD, sugerindo seu resultado ser mais substancial. Concluiu-se que notas e AACPD são processos complementares, facilitando o entendimento da reação à doença.

A avaliação de reação à doenças em plantas por meio de notas é relativamente comum. Blat et al. (2005) avaliaram a reação de acessos de pimentão e pimentas ao oídio (*Oidiopsis taurica*) durante a fase de frutificação, utilizando uma escala de notas, variando de 1 (resistente) a 5 (altamente suscetível). Fiorini et al. (2005) estudaram oito populações F₂ de alface quanto à resistência aos nematóides das galhas seguindo uma escala de notas de 1 a 5, referentes à incidência de galhas nas raízes de cada planta. Plantas com notas 1 e 2 foram consideradas resistentes.

Yuri et al. (2004) verificaram o estado fitossanitário das plantas de alface americana, baseando-se em escala visual de notas, variando de 1 a 5 (1 = plantas com as folhas externas altamente atacadas pelo fungo *Bremia lactucae*; 2 = presença abundante de lesões nas folhas externas; 3 = presença moderada de lesões nas folhas externas; 4 = lesões escassas nas folhas externas e 5 = plantas com as folhas externas saudáveis). Oliveira et al. (2004b) identificaram a reação de cultivares de cebola a antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*) por meio de uma escala de notas variando de 0 a 3, com base na severidade da doença expressa pela área foliar lesionada. Noda et al. (2003) avaliaram a resistência a

Xanthomonas campestris pv. *vesicatoria* em pimentão atribuindo notas de 1 a 5 para severidade da doença, onde 1 correspondia a nenhum sintoma aparente e 5, quando mais da metade da quantidade de folhas das plantas já foram atacadas; as necroses já ocupam a maior parte de suas superfícies; a planta já eliminou grande parte das folhas doentes e a planta está com o crescimento estagnado ou morta. Miranda et al. (2003) realizaram avaliações de resistência a insetos em linhagens F₆ de soja, atribuindo notas aos níveis de desfolhamento e de retenção foliar nas progênies.

Já Cavalcanti e Resende (2005), utilizaram a AACPD para estudar a indução da resistência à murcha-de-verticillium em cacauzeiro. Lima et al. (2004) agruparam 104 genótipos de *C. annuum* spp. em cinco níveis de resistência ao oídio (*Oidiopsis taurica*) a partir da determinação, entre outras variáveis, das respectivas AACPD. Paul et al. (2004) utilizaram valores de AACPD para estudar o desenvolvimento da pinta-preta (*Alternaria solani*) do tomateiro sob diferentes regimes de pulverização com calda Viçosa, sendo a severidade avaliada semanalmente por escala diagramática. Em ensaios conduzidos com pimentão e o isolado ENA 818, de *Xanthomonas axonopodis* pv. *vesicatoria*, a comparação entre as médias correspondentes à AACPD revelou que todas as formulações químicas testadas tiveram efeito significativo na redução da severidade da doença, diferindo da testemunha não testada (Aguilar et al., 2003).

4.2.4.2. Peso total de frutos, número total de frutos e peso médio de frutos

As informações referentes as características PTF, NTF e PMF foram utilizadas pra agrupar as linhas por meio do teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974), em nível de 5% de probabilidade.

Para a característica PTF, observou-se a formação de dois grupos para as linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381 (Tabela 20). Foi confirmado o contraste entre os genitores, permanecendo UENF 1421 no grupo formado pelos maiores valores (231,83 a 393,92 g/planta) e UENF 1381 no grupo com os menores valores (78,50 a 227,33 g/planta).

Considerando a característica NTF, foram formados quatro grupos (Tabela 21). O grupo "a" foi o menor, com três linhas, variando entre 56,0 e 67,0 frutos. O grupo "b" conteve sete linhas, incluindo o genitor UENF 1381 com 49,83

Tabela 20 – Médias da característica peso total de frutos (PTF) (g/planta) observada nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381), agrupadas segundo o procedimento de Scott e Knott (1974). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas	Médias	Linhas	Médias	Linhas	Médias
239	393,92 a	118 A	250,83 a	068	196,25 b
214	391,33 a	183	250,50 a	143	190,67 b
470	388,33 a	021	244,00 a	114	188,00 b
011	381,33 a	041	241,67 a	251	187,33 b
339	340,67 a	426	241,33 a	316	187,25 b
307	335,50 a	241	240,83 a	512	182,08 b
334	311,00 a	434	239,42 a	032	176,58 b
399	308,67 a	422	232,17 a	083	173,17 b
301	306,22 a	195	231,83 a	188	171,25 b
234	306,08 a	311	227,33 b	504	165,25 b
337	305,67 a	098	224,33 b	155	163,25 b
385	303,08 a	313	224,22 b	118 V	163,17 b
258	280,67 a	168	223,67 b	095	162,83 b
204	280,25 a	226	223,39 b	280	160,75 b
100	279,83 a	126	221,17 b	447	156,72 b
474	277,00 a	104	220,00 b	480	152,72 b
209	274,67 a	026	219,01 b	282	152,25 b
309	273,00 a	008	214,17 b	191	150,08 b
332	265,42 a	174	213,67 b	517	140,17 b
425	264,78 a	463	213,25 b	132	136,67 b
408	257,06 a	428	211,86 b	081	127,50 b
500	256,25 a	192	211,42 b	UENF 1381	125,25 b
199	256,08 a	093	209,42 b	507	113,75 b
353	254,00 a	525	208,92 b	529	100,17 b
486	253,33 a	520	207,25 b	097	100,08 b
414	252,50 a	527	202,50 b	544	081,75 b
238	251,67 a	UENF 1421	201,53 b	074	078,50 b

Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade.

Tabela 21 – Médias da característica número total de frutos (NTF) observada nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381), agrupadas segundo o procedimento de Scott e Knott (1974). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas	Médias	Linhas	Médias	Linhas	Médias
337	67,00 a	500	32,48 c	183	22,33 d
214	58,73 a	520	32,35 c	251	22,26 d
470	56,00 a	527	32,03 c	428	22,12 d
238	50,53 b	204	31,55 c	192	21,83 d
UENF 1381	49,83 b	399	31,18 c	447	21,28 d
239	48,88 b	126	31,17 c	525	21,04 d
307	47,17 b	241	30,33 d	155	20,73 d
313	46,29 b	309	30,07 d	081	20,18 d
011	45,00 b	234	29,50 d	463	19,98 d
199	43,90 b	188	28,42 d	425	19,84 d
426	41,87 c	143	28,00 d	311	19,72 d
434	38,13 c	104	27,93 d	008	19,37 d
026	37,97 c	095	27,53 d	474	18,93 d
334	37,87 c	512	27,12 d	032	18,10 d
422	37,45 c	118 V	27,10 d	504	17,70 d
100	37,13 c	332	26,61 d	097	17,57 d
168	36,27 c	118 A	26,32 d	083	17,40 d
258	35,80 c	280	26,20 d	068	17,27 d
209	35,52 c	093	26,10 d	226	17,02 d
486	35,40 c	529	25,88 d	191	16,30 d
353	35,27 c	385	25,75 d	480	15,46 d
021	35,02 c	408	25,58 d	316	15,02 d
174	34,87 c	544	25,35 d	517	14,72 d
339	34,00 c	507	24,85 d	132	13,64 d
195	33,62 c	041	23,73 d	074	11,67 d
301	33,20 c	098	23,00 d	282	11,58 d
414	33,13 c	114	22,40 d	UENF 1421	08,69 d

Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade.

frutos. O grupo “c” foi composto por 23 linhas, com valores entre 31,17 e 41,87 frutos. Observou-se no grupo “d” a existência de 48 linhas, incluindo o genitor UENF 1421, com menor número de frutos (8,69).

A característica PMF foi dividida em cinco grupos (Tabela 22). No grupo “a” permaneceu somente o genitor UENF 1421, com o maior peso médio (27,38 g/fruto). O grupo “b” constou de oito linhas F_6 , variando de 11,72 a 14,93 g/fruto. Tomaram parte do grupo “c”, 22 linhas F_6 com peso médio entre 9,15 e 11,10 g/fruto. Para o grupo “d”, contou-se 29 linhas F_6 , variando de 6,60 a 8,87 g/fruto. O último grupo, “e”, foi formado por 21 linhas, incluindo o genitor UENF 1381, com o menor peso (2,52 g/fruto).

4.2.4.3. Comprimento de frutos, diâmetro de frutos e relação comprimento / diâmetro de frutos

Para as características CF, DF e CF/DF, as linhas F_6 e os genitores UENF1421 e UENF 1381 foram agrupados de acordo com o teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974), em nível de 5% de probabilidade.

Considerando-se CF, foram obtidos cinco grupos (Tabela 23). O grupo “a” formado por três linhas F_6 , variando de 89,39 a 98,33 mm. O grupo “b” com duas linhas F_6 . O grupo “c”, do qual fez parte o genitor UENF 1421, constou de 20 linhas e alcançou valores entre 63,43 e 76,27 mm. O grupo “d” foi composto por 37 linhas F_6 , com valores entre 50,32 e 62,02 mm. O grupo “e” conteve 19 linhas, incluindo o genitor UENF 1381, com a menor estimativa, 35,42 mm.

A característica DF formou três grupos (Tabela 24) com os genitores UENF 1421 e UENF1381, permanecendo nas extremidades. O grupo “a” foi composto pelo genitor UENF 1421, com o maior valor (35,82 mm) e mais duas linhas F_6 . O grupo “b” constou de 34 linhas F_6 , variando de 24,07 a 29,09 mm e o grupo “c” conteve 44 linhas incluindo o genitor UENF 1381 com o menor valor (15,07 mm).

Considerando-se a relação CF/DF foram identificados cinco grupos (Tabela 25). Duas linhas F_6 fizeram parte do grupo “a” (4,18 e 4,41) e oito do grupo “b” (3,28 a 3,82). O grupo “c” foi composto por 33 linhas F_6 , com amplitude de 2,54 a 3,15. Do grupo “d”, fizeram parte 19 linhas incluindo o genitor UENF 1381, com o valor de 2,45, e o grupo “e” constou de 19 linhas contando com o

Tabela 22 – Médias da característica peso médio de frutos (PMF) (g/planta) observada nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381), agrupadas segundo o procedimento de Scott e Knott (1974). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas	Médias	Linhas	Médias	Linhas	Médias
UENF 1421	27,38 a	428	09,38 c	434	06,98 d
474	14,93 b	098	09,38 c	470	06,93 d
226	13,81 b	480	09,31 c	126	06,87 d
425	13,67 b	132	09,15 c	512	06,86 d
282	12,32 b	118 A	08,87 d	214	06,63 d
316	12,10 b	517	08,81 d	195	06,60 d
385	11,83 b	334	08,79 d	527	06,40 e
032	11,80 b	114	08,59 d	074	06,32 e
183	11,72 b	011	08,39 d	280	06,32 e
463	11,10 c	204	08,25 d	026	06,23 e
311	10,95 c	251	08,14 d	422	06,19 e
068	10,93 c	093	08,11 d	081	06,00 e
234	10,78 c	500	08,10 d	118 V	06,00 e
041	10,68 c	239	08,10 d	174	05,99 e
339	10,55 c	155	08,07 d	168	05,96 e
083	10,52 c	447	08,02 d	095	05,82 e
525	10,49 c	486	07,75 d	199	05,77 e
008	10,28 c	104	07,72 d	426	05,57 e
191	10,27 c	209	07,72 d	188	05,52 e
520	10,12 c	258	07,68 d	097	05,26 e
408	10,00 c	414	07,63 d	238	05,05 e
301	09,84 c	241	07,57 d	313	04,97 e
309	09,80 c	100	07,56 d	507	04,52 e
399	09,78 c	307	07,13 d	337	04,47 e
332	09,76 c	353	07,09 d	529	03,99 e
192	09,47 c	143	07,06 d	544	03,38 e
504	09,43 c	021	07,00 d	UENF 1381	02,52 e

Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade.

Tabela 23 – Médias da característica comprimento de frutos (CF) (mm) observada nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381), agrupadas segundo o procedimento de Scott e Knott (1974). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas	Médias	Linhas	Médias	Linhas	Médias
316	98,33 a	204	61,48 d	192	52,14 d
408	91,58 a	447	61,35 d	214	51,58 d
425	89,39 a	041	61,31 d	126	51,22 d
339	84,87 b	332	61,00 d	258	51,03 d
008	81,53 b	209	60,35 d	083	50,94 d
422	76,27 c	301	60,00 d	026	50,55 d
334	75,61 c	100	58,87 d	118 V	50,42 d
226	74,50 c	074	58,77 d	426	50,32 d
174	71,74 c	239	57,92 d	353	48,93 e
385	71,64 c	011	57,91 d	529	48,71 e
282	70,74 c	504	57,79 d	517	48,25 e
399	70,67 c	507	57,62 d	313	47,79 e
480	70,05 c	428	57,30 d	470	46,30 e
068	70,05 c	183	57,07 d	168	45,42 e
463	70,02 c	234	56,97 d	527	45,16 e
032	69,94 c	098	56,94 d	512	44,90 e
474	69,64 c	337	56,37 d	280	44,09 e
114	69,58 c	434	56,27 d	238	43,72 e
155	67,99 c	132	56,17 d	241	43,55 e
500	67,76 c	191	56,16 d	097	41,11 e
199	67,00 c	093	55,53 d	195	40,13 e
081	66,63 c	307	55,42 d	520	40,07 e
UENF 1421	66,54 c	095	54,09 d	021	39,22 e
309	64,83 c	525	53,79 d	544	38,45 e
118 A	63,43 c	188	52,84 d	104	36,99 e
251	62,02 d	311	52,78 d	414	35,83 e
486	61,95 d	143	52,15 d	UENF 1381	35,42 e

Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade.

Tabela 24 – Médias da característica diâmetro de frutos (DF) (mm) observada nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381), agrupadas segundo o procedimento de Scott e Knott (1974). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas	Médias	Linhas	Médias	Linhas	Médias
UENF 1421	35,82 a	282	25,56 b	011	21,74 c
504	34,26 a	041	25,46 b	118 V	21,73 c
311	32,96 a	032	25,37 b	307	21,66 c
474	29,09 b	428	25,28 b	529	21,19 c
414	28,92 b	068	24,79 b	239	21,14 c
512	28,92 b	339	24,73 b	126	21,03 c
183	28,39 b	447	24,71 b	026	20,88 c
226	28,11 b	480	24,58 b	118 A	20,87 c
301	27,93 b	168	24,37 b	199	20,70 c
191	27,48 b	486	24,07 b	209	20,57 c
463	27,48 b	527	23,98 c	097	20,39 c
517	27,39 b	280	23,84 c	214	20,38 c
399	27,27 b	332	23,79 c	520	20,24 c
192	27,24 b	132	23,70 c	507	20,17 c
425	27,07 b	353	23,63 c	238	20,14 c
083	26,86 b	309	23,60 c	434	19,96 c
234	26,74 b	251	23,50 c	074	19,80 c
241	26,57 b	100	23,13 c	188	19,80 c
525	26,42 b	195	22,95 c	174	19,28 c
155	26,37 b	114	22,74 c	095	18,90 c
098	26,31 b	093	22,72 c	313	18,78 c
258	26,30 b	143	22,71 c	081	18,25 c
385	26,09 b	008	22,37 c	337	18,22 c
470	26,04 b	408	22,07 c	422	17,48 c
104	26,01 b	334	22,00 c	426	16,52 c
500	25,93 b	021	21,97 c	544	15,91 c
316	25,82 b	204	21,80 c	UENF 1381	15,07 c

Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade.

Tabela 25 – Médias da característica relação entre comprimento e diâmetro de frutos (CF/DF) observada nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381), agrupadas segundo o procedimento de Scott e Knott (1974). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas	Médias	Linhas	Médias	Linhas	Médias
422	4,41 a	188	2,70 c	428	2,26 d
408	4,18 a	500	2,69 c	191	2,21 d
316	3,82 b	226	2,69 c	238	2,20 d
174	3,70 b	011	2,69 c	097	2,19 d
008	3,69 b	463	2,68 c	301	2,15 d
081	3,67 b	486	2,66 c	234	2,13 d
339	3,45 b	041	2,66 c	353	2,12 d
334	3,42 b	399	2,66 c	183	2,06 d
425	3,31 b	307	2,64 c	083	2,04 e
199	3,28 b	251	2,63 c	525	2,03 e
337	3,15 c	313	2,62 c	520	2,02 e
114	3,13 c	155	2,62 c	527	1,97 e
118 A	3,09 c	332	2,61 c	UENF 1421	1,97 e
426	3,08 c	447	2,57 c	258	1,96 e
074	2,98 c	100	2,55 c	192	1,92 e
209	2,96 c	214	2,54 c	021	1,92 e
507	2,93 c	126	2,50 d	168	1,89 e
095	2,88 c	143	2,45 d	280	1,85 e
480	2,86 c	093	2,45 d	470	1,81 e
068	2,86 c	UENF 1381	2,45 d	504	1,78 e
434	2,84 c	026	2,45 d	517	1,76 e
032	2,83 c	544	2,45 d	195	1,75 e
204	2,82 c	132	2,43 d	241	1,66 e
282	2,80 c	474	2,41 d	311	1,60 e
309	2,79 c	529	2,33 d	512	1,58 e
385	2,78 c	118 V	2,31 d	104	1,43 e
239	2,75 c	098	2,30 d	414	1,24 e

Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade.

genitor UENF 1421, com o valor de 1,97. Os valores da relação CF/DF permaneceram entre 2,06 a 2,50 no grupo “d” e 1,24 a 2,04 no grupo “e”. Valores da relação CF/DF próximos de 2,0 indicam uma proporção ideal para os padrões do mercado da Região Centro-Sul brasileiro (Nascimento, 2002).

4.2.4.4. Altura e diâmetro da copa de plantas

As características ALTP e DIAC foram agrupadas pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974), em nível de 5% de probabilidade, considerando as linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381.

Para ALTP foram identificados três grupos (Tabela 26). O grupo “a” com nove linhas F₆, variando de 52,72 a 60,39 cm; o grupo “b” com 26 linhas F₆, cujos valores permaneceram entre 45,89 e 52,22 cm; e o grupo “c”, com 46 linhas incluindo os genitores, apresentou valores de 29,61cm para UENF 1381 a 45,17 cm, passando por 42,83 cm (UENF 1421). Fontes et al. (2005) observaram em pimentão que a altura da planta máxima atingiu o valor de 91,10 cm.

Para DIAC foram formados dois grupos, sendo o grupo “a” com 40 linhas F₆, com valores entre 54,33 e 74,78 cm (Tabela 27). Os genitores fizeram parte do grupo “b”, com valores entre 32,33 cm (UENF 1421) e 45,00 cm (UENF 1381).

ALTP e DIAC são características importantes ao se considerar o manejo da cultura, no que se refere a espaçamento e número de plantas por área plantada.

4.2.5. Ganhos por seleção

Em ensaios de diversas culturas, são feitas avaliações de plantas individuais, ou seja, de cada planta dentro das parcelas, as quais permitem ao melhorista adotar várias estratégias de seleção, como seleção entre linhas seguida, ou não, de seleção entre plantas dentro de parcela; seleção massal; seleção massal estratificada e seleção combinada (Cruz e Carneiro, 2003).

Os resultados anteriormente relatados demonstraram haver variabilidade significativa entre as linhas avaliadas, permitindo aplicar procedimentos de seleção nesta população. Considerando-se a seleção para resistência à mancha bacteriana, foram estimados os ganhos obtidos por seleção entre e dentro de linhas e por seleção combinada.

Tabela 26 – Médias da característica altura de plantas (ALTP) (cm) observada nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381), agrupadas segundo o procedimento de Scott e Knott (1974). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas	Médias	Linhas	Médias	Linhas	Médias
422	60,39 a	195	47,33 b	204	41,67 c
385	59,00 a	155	47,33 b	332	41,39 c
241	59,00 a	414	47,22 b	480	40,92 c
008	58,11 a	239	47,05 b	282	40,61 c
428	56,67 a	339	46,67 b	118 V	40,22 c
192	55,11 a	226	46,44 b	095	40,17 c
258	54,44 a	434	46,17 b	486	39,89 c
334	53,06 a	011	45,89 b	068	39,72 c
032	52,72 a	100	45,17 c	191	39,56 c
425	52,22 b	118 A	45,11 c	098	39,39 c
408	51,83 b	500	45,00 c	507	39,33 c
199	51,28 b	168	44,83 c	143	38,83 c
214	51,22 b	525	44,61 c	126	38,83 c
463	50,61 b	313	44,50 c	474	38,72 c
307	50,28 b	301	44,44 c	280	38,05 c
234	49,95 b	470	44,39 c	504	38,00 c
447	49,89 b	520	44,06 c	316	37,89 c
399	49,22 b	517	43,56 c	093	37,22 c
183	49,06 b	209	43,50 c	114	36,94 c
426	48,89 b	188	43,28 c	529	36,50 c
309	48,78 b	512	43,17 c	132	35,17 c
041	48,16 b	083	43,17 c	021	34,39 c
353	47,89 b	251	43,06 c	097	33,83 c
311	47,89 b	UENF 1421	42,83 c	074	33,72 c
238	47,78 b	337	42,78 c	544	32,83 c
026	47,61 b	527	42,22 c	081	31,61 c
104	47,39 b	174	42,06 c	UENF 1381	29,61 c

Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade.

Tabela 27 – Médias da característica diâmetro da copa de plantas (DIAC) (cm) observada nos 81 tratamentos (79 linhas F₆ e os genitores UENF 1421 e UENF 1381), agrupadas segundo o procedimento de Scott e Knott (1974). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas	Médias	Linhas	Médias	Linhas	Médias
422	74,78 a	428	57,83 a	081	50,34 b
008	70,78 a	234	57,50 a	425	49,83 b
199	70,34 a	209	57,50 a	100	49,44 b
434	67,56 a	414	56,89 a	334	49,11 b
385	67,39 a	339	56,89 a	155	48,95 b
241	67,33 a	447	56,61 a	527	48,95 b
470	65,83 a	191	56,05 a	114	48,78 b
195	64,61 a	183	55,92 a	282	48,55 b
192	64,33 a	026	55,33 a	474	46,89 b
032	63,94 a	188	55,28 a	517	46,61 b
258	63,44 a	337	55,22 a	126	46,56 b
307	62,66 a	021	54,34 a	143	46,44 b
214	62,61 a	095	54,33 a	083	46,33 b
011	61,78 a	098	53,67 b	311	45,89 b
239	61,78 a	301	53,56 b	UENF 1381	45,00 b
104	61,72 a	313	53,34 b	251	44,94 b
238	61,17 a	525	53,28 b	332	44,89 b
309	60,67 a	068	52,83 b	097	44,61 b
463	60,22 a	512	52,78 b	507	44,34 b
408	60,22 a	500	52,67 b	074	43,83 b
486	60,05 a	399	51,95 b	480	42,57 b
041	59,87 a	226	51,95 b	504	42,45 b
353	59,83 a	520	51,50 b	529	40,22 b
168	59,72 a	280	51,39 b	316	38,50 b
174	58,50 a	118 A	50,89 b	544	38,34 b
426	58,44 a	093	50,67 b	132	35,83 b
204	57,94 a	118 V	50,50 b	UENF 1421	32,33 b

Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias proposto por Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade.

4.2.5.1. Seleção entre e dentro de linhas

Para o caso de se utilizar notas, considerando-se a seleção entre linhas, foram eleitas as 16 melhores linhas, o que corresponde a 20% do total de linhas analisadas. As linhas selecionadas foram: 011, 021, 032, 104, 114, 183, 214, 239, 301, 316, 399, 434, 470, 474, 517 e 527. Em cada bloco, cada linha selecionada contribuiu com um número diferente de plantas, conforme listado na Tabela 28. O ganho por seleção direta entre linhas, estimado em função do diferencial de seleção e da herdabilidade, foi de -21,44%. O valor negativo indica que a seleção foi realizada no sentido de reduzir a média da população. Para a seleção dentro das linhas o ganho foi de -8,74%, sendo o ganho por seleção total de -30,18%. Abreu (2005) verificou ganhos por seleção entre e dentro de -38,64% para a característica resistência a requeima em geração F₅ de tomateiro.

Para a avaliação levando em conta a AACPD, também foram selecionadas 16 linhas, porém não houve total coincidência entre as duas variáveis. As linhas 021 e 214 não foram selecionadas para AACPD, e sim, as linhas 226 e 251. As plantas selecionadas dentro das linhas encontram-se na Tabela 28. O ganho por seleção entre linhas foi de -14,03% e dentro de linhas, -2,57%, totalizando -16,60%.

Dentre as seleções para resistência à mancha bacteriana, ressalta-se que as linhas F₆ 032, 251, 316, 399, 434 e 517 não apresentaram presença de capsaicina.

4.2.5.2. Seleção combinada

Cruz e Carneiro (2003) citam que uma das críticas que se pode fazer à seleção entre e dentro de linhas é o fato de indivíduos superiores de linhas de desempenho intermediário, bem como indivíduos de desempenho intermediário de linhas superiores, não serem incluídos na recombinação para a formação da população melhorada. Uma alternativa à seleção entre e dentro é a seleção com base no desempenho individual associado ao desempenho de sua linha. Assim, os indivíduos não são avaliados em dois estágios, mas sim em um único, e seu valor individual, juntamente com os valores de seus aparentados, torna-se a informação básica para a tomada de decisão sobre a seleção.

A seleção combinada é aquela em que o critério de seleção é o índice estabelecido pela combinação linear da informação do indivíduo e de seus

Tabela 28 – Seleção entre linhas F₆ e número de plantas selecionadas dentro de linhas oriundas do cruzamento entre UENF 1421 e UENF 1381 e ganhos obtidos para a característica reação à mancha bacteriana avaliada por meio de notas e área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Campos dos Goytacazes, 2005

Linhas F ₆	Notas			Linhas F ₆	AACPD		
	Bloco I	Bloco II	Bloco III		Bloco I	Bloco II	Bloco III
316	1	1	2	316	1	1	2
301	2	1	1	301	2	1	1
434	1	2	2	434	1	2	2
399	1	1	1	470	1	1	2
470	1	1	2	104	1	1	1
517	1	2	1	474	1	2	3
474	1	2	3	517	1	1	1
239	2	2	1	399	1	1	1
021*	1	1	1	032	1	2	1
114	1	1	2	226	4	4	2
214	1	2	1	527	3	1	2
104	1	1	1	239	2	2	1
527	3	1	2	183	1	2	2
183	1	1	2	114	2	1	2
032	1	2	1	011	3	1	1
011	3	1	1	251	1	2	1
GS (%)**	- 30,18			GS (%)	- 16,60		

* Para as linhas destacadas em negrito não houve coincidência de seleção entre notas e AACPD.

** GS (%) = Ganho por seleção total (Ganho entre + Ganho dentro)

aparentados. No índice I o valor do indivíduo é considerado em relação à média da parcela e, no índice II, o valor do indivíduo é considerado em relação à média do bloco (Cruz, 2001).

Avaliando-se a reação à mancha bacteriana por meio de notas e tomando-se por base o índice I, foram selecionadas 17 linhas, assim relacionadas: 008, 032, 100, 104, 168, 214, 239, 301, 316, 399, 428, 434, 470, 474, 504, 512 e 517 (Tabela 29). O ganho por seleção foi de -38,29% e a eficiência da seleção combinada em relação a seleção praticada entre e dentro de linhas foi de 1,28. A linha 504 não apresentou pungência.

Martins et al. (2005) ressaltam que quando a eficiência do procedimento de seleção combinada, em comparação ao procedimento de seleção entre e dentro, for superior à unidade, significa que a seleção combinada deve ser preferida em relação a seleção entre e dentro. Todavia, apesar da aparente superioridade da seleção combinada, os procedimentos de seleção entre e dentro também

Tabela 29 – Linhas F₆ oriundas do cruzamento entre UENF 1421 e UENF 1381 e número de plantas selecionadas por linha, considerando-se o procedimento seleção combinada, para a característica reação à mancha bacteriana avaliada por meio de notas e área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Campos dos Goytacazes, 2006

Linhas F ₆	Notas		Linhas F ₆	AACPD	
	Índice I ¹	Índice II ¹		Índice I ¹	Índice II ²
008*	1	-	008	2	-
032	1	-	032	1	-
100	1	-	-	-	-
104	1	-	104	1	2
168	1	-	-	-	-
214	2	-	-	-	-
239	2	-	-	-	-
301	6	11	301	13	14
316	12	13	316	14	14
399	1	3	339	3	-
428	1	-	399	1	-
434	7	12	434	7	12
470	6	3	470	3	6
474	1	3	474	1	-
504	1	-	504	2	-
512	1	-	-	-	-
517	3	3	-	-	-
GS (%)	-38,29	-36,86	GS (%)	-20,80	-21,21

¹ O valor do indivíduo é considerado em relação à média da parcela.

² O valor do indivíduo é considerado em relação à média do bloco.

* As linhas destacadas em negrito não foram selecionadas considerando-se o procedimento seleção entre e dentro de linhas.

proporcionam ganhos genéticos expressivos e devem continuar sendo considerados nos processos de seleção.

Considerando-se o valor do indivíduo em relação à média do bloco para notas (índice II), a seleção combinada elegeu as linhas 301, 316, 399, 434, 470, 474 e 517 (Tabela 29). O ganho por seleção foi de -36,86% e a eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro de linhas foi de 1,24.

Para AACPD, considerando-se o índice I, em que o valor do indivíduo é considerado em relação à média da parcela, foram selecionadas 11 linhas, quais sejam, 008, 032, 104, 301, 316, 339, 399, 434, 470, 474 e 504 (Tabela 29). O ganho por seleção foi de -20,8%, e a eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro de linhas foi 1,25. A linha 339 não apresentou pungência.

Para AACPD, tomando por base o índice II, ou seja, o valor do indivíduo é considerado em relação à média do bloco, as linhas selecionadas foram 104, 301,

316, 434 e 470 (Tabela 29). O ganho por seleção foi de -21,21% e a eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro de linhas alcançou o valor de 1,28.

As estimativas de ganhos genéticos por seleção apresentadas pelo procedimento de seleção combinada foram superiores ao procedimento de seleção entre e dentro de linhas. Estes resultados estão em conformidade com Martins et al. (2001) e Martins et al. (2005), que verificaram em estudos comparativos dos procedimentos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*, que o procedimento de seleção combinada foi superior ao de seleção entre e dentro, devido às maiores estimativas de ganhos genéticos esperados e também ao fato de selecionar maior número de linhas para recombinação. Sampaio et al. (2000) observaram ganhos genéticos similares para a seleção individual e a seleção combinada em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. Em seringueira, Costa et al. (2000) verificaram ganhos de pequena magnitude, utilizando seleção combinada, entretanto, recomendam o uso da mesma por propiciar maior acurácia e ganhos genéticos.

Cruz e Carneiro (2003) explicam que adotando-se a estratégia da seleção combinada, há acréscimo do ganho a ser obtido por seleção, pois a seleção em um único estágio, em que se considera simultaneamente o valor do indivíduo e de seus aparentados, permite inferir com maior acurácia o valor genético das unidades seletivas .

As linhas 226 (segregante para presença de capsaicina), 434 e 517 (ausência de capsaicina) foram selecionadas tanto na geração F_{2:3} (método genealógico) quanto na geração F₆ (método SSD), inferindo-se que nestas linhas, possivelmente houve uma maior estabilidade da resistência.

Cardoso (2001) afirma que o melhoramento genético pode ser alcançado a partir do momento em que exista variabilidade genética e que o efeito ambiental não a mascare por completo.

Pode-se dizer que não existe um único método de melhoramento, por meio do qual se possa alcançar objetivos específicos. Para a escolha do método de seleção de populações segregantes, deve ser avaliada cada situação quanto à possibilidade de alcançar os seguintes objetivos: obtenção de conhecimentos quanto à genética das características envolvidas, facilidade de condução, tempo necessário, economia no custo e mão-de-obra (Borém, 2001).

Diante do exposto, considerou-se que o método SSD foi eficiente para se alcançar a geração F_6 a partir do cruzamento entre UENF1421 e UENF1381 e selecionar linhas resistentes à mancha bacteriana. Entretanto, em se tratando de uma característica com alta herdabilidade no sentido restrito, 50,17% (Riva et al, 2004a) na geração F_2 , o método genealógico também foi promissor, mesmo sendo mais trabalhoso. Pode-se também, fazer uso dos métodos em conjunto, ou seja, os dois métodos são úteis para o melhoramento genético, sendo a decisão de escolha do método a ser utilizado, restrita as condições da população a ser estudada, do local onde se desenvolverá a pesquisa, da infra-estrutura e mão-de-obra disponíveis, e claro, da existência da variabilidade genética e condições em que esta possa se expressar de forma satisfatória.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro desenvolve um Programa de Melhoramento Genético Vegetal visando incorporar resistência à mancha bacteriana, causada por *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, em pimentão. O presente trabalho objetivou avançar gerações e selecionar genótipos superiores de pimentão utilizando-se os métodos de melhoramento Genealógico (*Pedigree*) e *Single Seed Descent* (SSD) a partir da população segregante derivada do cruzamento entre os acessos de *Capsicum annuum* L. UENF 1421 (suscetível à mancha bacteriana) e UENF 1381 (resistente à mancha bacteriana).

Para o método genealógico foram realizadas análises de variância e estimados os parâmetros genéticos. As plantas foram distribuídas no campo, considerando-se as linhas F_{2:3} sem repetição, intercaladas com as testemunhas (genitores) com quatro repetições. As análises estatísticas foram realizadas e os parâmetros genéticos estimados, considerando-se os procedimentos Linhas e pais intercalares e Famílias com testemunhas intercalares por meio do *software* Genes (Cruz, 2001). Para a avaliação da reação à mancha bacteriana, foi utilizado o isolado ENA 4135, de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, na concentração de 10³ ufc/mL, infiltrado em 1,0 cm² do mesofilo. As folhas foram coletadas três semanas após a inoculação, seguindo-se a digitalização das mesmas, por meio de *scanner*. As imagens digitalizadas foram submetidas à análise por meio do *software* QUANT (Vale et al., 2003), obtendo-se as porcentagens das áreas doentes e sadias, considerando-se 1,0 cm² de área foliar

inoculada. Outras características avaliadas foram peso total de frutos por planta (g/planta), número de frutos por planta e peso médio de frutos (g/fruto).

Foi confirmada a existência de variabilidade entre as linhas F_{2:3} por meio de todos os procedimentos utilizados. O coeficiente de determinação genotípico no sentido amplo foi expressivo, ultrapassando 70% para reação à mancha bacteriana, permitindo-se a realização de seleção.

Considerando-se a característica reação à mancha bacteriana, pelo procedimento seleção entre e dentro, sobressaíram 11 linhas F_{2:3} e dentro de cada linha foi selecionada uma única planta. As linhas F_{2:3} selecionadas foram 105, 111, 125, 157, 226, 260, 282, 288, 313, 475 e 517.

Para avaliação da reação à mancha bacteriana em porcentagem da área foliar com sintomas (RMB%), o ganho para a seleção entre foi de -38,33% e para a seleção dentro, o ganho foi de -2,24%, totalizando -40,57%. Para avaliação da reação à mancha bacteriana em cm² da área foliar com sintomas, o ganho foi de -38,87% e para a seleção dentro, o ganho foi de -2,05%, gerando um ganho total de -40,92%.

Por meio da seleção massal, 11 indivíduos foram selecionados para resistência à mancha bacteriana, sendo dois deles pertencentes à linha F_{2:3} 550. Além desta linha sobressaíram-se as linhas 041, 105, 118, 209, 341, 379, 434, 475 e 517. O ganho obtido por seleção foi de -27,65% para RMB% e de -28,07% para RMBcm².

Por meio da seleção combinada, foram selecionadas três linhas F_{2:3}, 111, 260 e 313. Todos os sete indivíduos pertencentes à linha 111 foram selecionados e nas linhas 260 e 313 foram selecionados dois indivíduos em cada uma. O ganho de seleção foi de -266,20% para RMB% e -265,55% para RMBcm². Verificou-se que a eficiência da seleção combinada em relação a seleção entre e dentro foi de 6,6 para avaliação em porcentagem e 6,49 para cm². Em relação à seleção massal, a seleção combinada apresentou a eficiência de 9,62 para porcentagem e 9,46 para cm².

Para o método *Single Seed Descent*, as gerações F₃ a F₅ foram avançadas em condições de casa de vegetação. A geração F₆ foi avaliada em condições de campo. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso com os genitores UENF 1421 e UENF 1381 considerados como testemunhas adicionais. As análises estatísticas foram realizadas e os parâmetros genéticos estimados

por meio do *software* Genes (Cruz, 2001). Para a avaliação da reação à mancha bacteriana, foi utilizado o isolado ENA 4135, de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, na concentração de 10^5 ufc/mL, infiltrado em $1,0 \text{ cm}^2$ do mesofilo. Procedeu-se a avaliação das folhas por meio de sete observações das mesmas a partir do quinto dia após a inoculação, com intervalos de um dia, conferindo notas de 1 a 5 para os sintomas no local da inoculação, a saber, 1 e 2, consideradas resistentes e 3 a 5, suscetíveis. Posteriormente, os valores das notas foram utilizados para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), por meio do *software* AVACPD (Torres e Ventura, 1991). Outras características avaliadas foram o peso e o número total dos frutos (PTF e NTF), o peso médio dos frutos (PMF), o comprimento e diâmetro dos frutos (CF e DF), a relação entre o comprimento e o diâmetro dos frutos (CF/DF), a altura e o diâmetro da copa das plantas (ALTP e DIAC) e a presença de capsaicina.

Foi verificada diferença altamente significativa entre as linhas F_6 para todas as características avaliadas. As estimativas do coeficiente de determinação genotípico foram superiores a 50%, ultrapassando 60% para reação à mancha bacteriana.

Para notas, considerando-se a seleção entre linhas, foram eleitas as 16 melhores linhas F_6 , o que corresponde a 20% do total de linhas analisadas. As linhas selecionadas foram: 011, 021, 032, 104, 114, 183, 214, 239, 301, 316, 399, 434, 470, 474, 517 e 527. Em cada bloco, cada linha selecionada contribuiu com uma planta. O ganho por seleção direta entre linhas foi de $-21,44\%$. Para a seleção dentro das linhas o ganho foi de $-8,74\%$, sendo o ganho por seleção total de $-30,18\%$. Para a avaliação levando em conta a AACPD, também foram selecionadas 16 linhas F_6 , porém não houve coincidência entre as duas variáveis. As linhas 021 e 214 não foram selecionadas para AACPD, e sim, as linhas 226 e 251. O ganho por seleção entre linhas foi de $-14,03\%$ e dentro de linhas, $-2,57\%$, totalizando $-16,60\%$.

Dentre as seleções para resistência à mancha bacteriana, ressalta-se que as linhas F_6 032, 251, 316, 399, 434 e 517 não apresentaram presença de capsaicina.

Por meio da seleção combinada, avaliando-se a reação à mancha bacteriana por meio de notas e tomando por base o índice I, foram selecionadas 17 linhas F_6 , assim relacionadas: 008, 032, 100, 104, 168, 214, 239, 301, 316,

399, 428, 434, 470, 474, 504, 512 e 517. O ganho por seleção foi de -38,29% e a eficiência da seleção combinada em relação à seleção praticada entre e dentro de linhas foi de 1,28. A linha 504 não apresentou pungência.

Considerando-se o valor do indivíduo em relação à média do bloco para notas (Índice II), a seleção combinada elegeu as linhas F₆ 301, 316, 399, 434, 470, 474 e 517. O ganho por seleção foi de -36,86% e a eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro de linhas foi de 1,24.

Para AACPD, considerando-se o índice I, em que o valor do indivíduo é considerado em relação à média da parcela, foram selecionadas 11 linhas F₆, quais sejam, 008, 032, 104, 301, 316, 339, 399, 434, 470, 474 e 504. O ganho por seleção foi de -20,8%, e a eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro de linhas foi 1,25. A linha 339 não apresentou pungência.

Para AACPD, tomando por base o índice II, ou seja, o valor do indivíduo é considerado em relação à média do bloco, as linhas F₆ selecionadas foram 104, 301, 316, 434 e 470. O ganho por seleção foi de -21,21% e a eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro de linhas alcançou o valor de 1,28.

As linhas 226 (segregante para presença de capsaicina), 434 e 517 (ausência de capsaicina) foram selecionadas tanto na geração F_{2:3} (método genealógico) quanto na geração F₆ (método SSD), inferindo-se que nestas linhas, possivelmente houve estabilidade da resistência.

Pode-se dizer que não existe um único método de melhoramento, por meio do qual se possa alcançar objetivos específicos. Para o presente trabalho, os métodos genealógico e SSD foram satisfatórios para alcançar os objetivos pretendidos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, F.B. (2005) *Herança da resistência a Phytophthora infestans, de características de frutos e seleção de genótipos resistentes em geração F₅ de cruzamento interespecífico em tomateiro*. Tese (Genética e Melhoramento) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 107p.
- Adamson, W.C., Sowell Jr. G. (1982) The inheritance of three sources of resistance to bacterial spot of pepper. *Phytopathology*, 72: 999.
- Adamson, W.C., Sowell Jr. G. (1983) Inheritance of bacterial spot resistance in pepper. *HortScience*, 18 (6): 905-906.
- Aguiar, L.A., Kimura, O., Castilho, A.M.C., Castilho, K.S.C., Ribeiro, R.L.D., Akiba, F., Carmo, M.G.F. (2000) Resistência ao cobre em isolados nacionais de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* de pimentão e tomateiro. *Agronomia*, 34: 78-82.
- Aguiar, L.A., Kimura, O., Castilho, A.M.C., Castilho, K.S.C., Ribeiro, R.L.D., Akiba, F., Carmo, M.G.F. (2003) Efeito de formulações cúpricas e cuprorgânicas na severidade da mancha bacteriana e na população residente de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* em pimentão. *Horticultura Brasileira*, 21 (1): 44-50.
- Allard, R. W. (1971) *Princípios do melhoramento genético das plantas*. São Paulo: Edgard Blucher, 381p.
- Almeida, L.A., Kühn, R.A.S., Toledo, J.F.F., Miranda, L.C., Kaster, M., Domitt, L., Pípolo, A.E., Yorinori, J.T. (2001) BRS 183 Soybean. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1 (1): 54-55.
- Amaral, A.M.do, Muniz, J.A., Souza, M.de (1997) Avaliação do coeficiente de variação como medida da precisão na experimentação com citros. *Pesq. Agrop. Bras.*, 32(12):

- Andrews, J. (1995) *Peppers: The domesticated Capsicums*. University of Texas Press. Austin. 185p.
- Aragão, F.A.S., Giordano, L.de B., Melo, P.C.T., Boiteux, L.S. (2004) Desempenho de híbridos experimentais de tomateiro para processamento industrial nas condições edafo-climáticas do cerrado brasileiro. *Horticultura Brasileira*, 22 (3): 529-533.
- Ávila, A.C., Inoue-Nagata, A.K., Costa, H., Boiteux, L.S., Neves, L.O.Q., Prtes, R.S., Bertini, L.A. (2004) Ocorrência de viroses em tomate e pimentão na região serrana do estado do Espírito Santo. *Horticultura Brasileira*, 22 (3): 655-658.
- Azevedo, C.P., Café Filho, A.C., Henz, G.P., Reis, A. (2005) Pimentão: antracnose arrasadora. *Cultivar HF*, 18-20.
- Backes, R.L., Reis, M.S., Sedyama, T., Cruz, C.D., Teixeira, R.C. (2002) Estimativas de parâmetros genéticos em populações F₅ e F₆ de soja. *Ceres*, 49 (282): 201-216.
- Barbedo, C.J., Nakagawa, J., Barbedo, A.S.C., Zanin, A.C.W. (1997) Qualidade fisiológica de sementes de pepino cv. Pérola em função da idade e do tempo de repouso pós-colheita dos frutos. *Pesq. Agrop. Bras.*, 32 (9): 905-913.
- Bashan, Y., Okon, Y., Henis, Y. (1982) Long-term survival of *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* and *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* in tomato and peppers seeds. *Phytopathology*, 72 (9): 1143-1144.
- Basu, S.K., De, A.K. (2003) Capsicum: historical and botanical perspectives. In: De, A.K. (ed.) *Capsicum the genus Capsicum* London and New York: Taylor & Francis, p.1-15.
- Batista, A.C. (1947) *Principais doenças das plantas em o Nordeste*. Bol. Secr. Agr., Ind. Com. Est. Pernambuco, 14 (1): 5-46.
- Blanco, M.C.S.G., Groppo, G.A, Tessarioli Neto, J. (1997) Pimentão (*Capsicum annuum*). In: Coordenadoria de Assistência Técnica Integral. *Manual técnico das culturas*. v. 2, 2. ed. rev. atual. Campinas:CATI, p. 103-107.
- Blat, S.F., Costa, C.P. da, Vencovsky, R., Sala, F.C. (2005) Reação de acessos de pimentão e pimentas ao oídio (*Oidiopsis taurica*). *Horticultura Brasileira*, 23 (1): 72-75.
- Blat, S.F., Costa, C.P., Sala, F.C. (2003) Herança da reação de pimentão ao oídio. *Horticultura Brasileira*, 21 (2): 363.
- Blat, S.F., Costa, C.P., Vencovsky, R., Sala, F.C. (2004) Herança da reação de *Capsicum baccatum* ao oídio. *Horticultura Brasileira*, 22 (2): 347.
- Blat, S.F., Costa, C.P., Sala, F.C. (2002) Reação de pimentão e pimenteiras à *Leveillula taurica*. *Horticultura Brasileira*, 20 (2): 346.

- Bongiolo Neto, A., Reifschneider, F.J.B., Takatsu, A. (1986a) Levantamento de grupos de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* no Brasil. *Fitopatologia Brasileira*, 11: 881-889.
- Bongiolo Neto, A., Reifschneider, F.J.B., Takatsu, A. (1986b) Fontes de resistência a *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* em *Capsicum*. *Horticultura Brasileira*, 4 (1): 21-25.
- Borém, A. (2001) *Melhoramento de Plantas*. 3. ed. Viçosa: UFV, 500p.
- Brim, C.A. (1966) A modified pedigree method of selection in soybeans. *Crop Science*, 6 (1): 220.
- Bueno, L.C. de S., Mendes, A.N.G., Carvalho, S.P. de. (2001) *Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos*. Lavras: UFLA, 282p.
- Buonaurio, R., Jumar, N.N.J., Cappelli, C. (1993) Involvement of lipoxygenase activity in the hypersensitive reaction caused by *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* (Doidge) Dye in pepper (*Capsicum annuum*) leaves. In: 6th *International Congress of Plant Pathology*. Montreal, Canada.
- Caierão, E., Sperotto, A.L. (2006) Barley MN 698, high malting quality for the state of Rio Grande do Sul. *Ciência Rural*, 36 (1): 279-281.
- Camargo, L.E.A. (1995) Análise genética da resistência e da patogenicidade. In: Bergamin Filho, A. et al. (edit.). *Manual de fitopatologia: princípios e conceitos*. v. 1, 3. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, p. 470-492.
- Cardoso, A.I.I. (2001) Melhoramento de hortaliças. In: Nass, L.L., Valois, A.C.C., Melo, I.S., Valadares-Inlis, M.C. (eds.) *Recursos genéticos e melhoramento: plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, 294-325.
- Cardoso, A.D., Viana, A.E.S., Ramos, P.A.S., Matsumoto, S.N., Amaral, C.L.F., Sediya, T., Morais, O.M. (2005) Avaliação de clones de batata-doce em Vitória da Conquista, *Horticultura Brasileira*, 23 (4): 911-914.
- Carmo, M.G.F. do, Kimura, O., Maffia, L.A., Carvalho, A. de O. de. (1996a) Progresso da pústula bacteriana do pimentão, causada por *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, em condições de viveiro. *Fitopatologia Brasileira*, 21 (1): 62-70.
- Carmo, M.G.F. do, Kimura, O., Maffia, L.A., Carvalho, A.O. de. (1996b) Determinação do nível de tolerância de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* em sementes de pimentão. *Fitopatologia Brasileira*, 21 (3): 336-341.
- Carrijo, I.V. (1991) 'Jumbo AG-592': nova cultivar de tomate. *Horticultura Brasileira*, 9 (2): 97.
- Carvalho, J.O.M., Luz, J.M.Q., Juliatti, F.C., Melo, L.C., Teodoro, R.E.F., Lima, L.M.L. (2003) Desenvolvimento de famílias e híbridos comerciais de tomateiro

para processamento industrial com irrigação por gotejamento. *Horticultura Brasileira*, 21 (3): 525-533.

Casali, V.W.D., Couto, F.A.A. (1984) Origem e botânica de *Capsicum*. *Informe Agropecuário*, 10 (113): 8-13.

Cavalcanti, L.S., Resende, M.L.V. (2005) Efeito da época de aplicação e dosagem do acibenzolar-S-metil na indução de resistência à murcha-de-verticillium em cacauero. *Fitopatologia Brasileira*, 30 (1): 67-71.

Chagas, P.R.R., Tokeshi, H. (2001) Controle da antracnose do pimentão com microrganismos eficazes (EM4) em condições de casa de vegetação. *Horticultura Brasileira*, 19 (2): 240.

Cook, A.A., Stall, R.E. (1963) Inheritance of resistance in pepper to bacterial spot. *Phytopathology*, 53 (3): 1060-1062.

Cook, A.A., Stall, R.E. (1969) Differentiation of pathotypes among isolates of *Xanthomonas vesicatoria*. *Plant Dis.*, 53: 617-619.

Costa, R.B., Resende, M.D.V., Araújo, A.J., Gonçalves, P.S., Bortoletto, N. (2000) Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. *Pesq. Agropec. Bras.*, 35 (2): 381-388.

Costa, R.A., Rodrigues, R., Sudré, C.P. (2002a) Resistência à mancha bacteriana em genótipos de pimentão. *Horticultura Brasileira*, 20 (1): 86-89.

Costa, J.G.C., Rava, C.A., Zimmermann, F.J.P. (2002b) Comparação da eficiência de métodos de seleção em gerações segregantes de feijoeiro-comum considerando a resistência à antracnose e o rendimento. *Ciência e Agrotecnologia*, 26 (2): 244-251.

Costa, R.A., Rodrigues, R. (2002) Genetic analysis of resistance to bacterial spot in sweet pepper genotypes. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 2 (1): 11-16.

Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2003) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v.2. Viçosa: UFV, 585p.

Cruz, C.D. (2001) *Programa Genes Versão Windows: Aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV, 648p.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J. (2001) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2.ed.rev. Viçosa: UFV, 390p.

Cutrim, V.A., Rangel, P.H.N. (2002) BRS Biguá – irrigated rice cultivar for the states of Goiás and Tocantins. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 2 (3): 481-482.

- Della Vecchia, P.T., Takazaki, P.E., Terenciano, A., Costa, C.P. (1991) 'Alice': nova cultivar de moranga com hábito de crescimento moita. *Horticultura Brasileira*, 9 (1): 27.
- Della Vecchia, P.T., Koch, P.S., Kikuchi, M. (1999) Vera: nova cultivar de alface crespa resistente ao florescimento prematuro. *Horticultura Brasileira*, 17 (2): 171.
- Della Vecchia, P.T., Takazaki, P.E., Kikuchi, M., Terêncio Sobrinho, P. (1992) 'Elisa': nova cultivar de alface para o cultivo de verão. *Horticultura Brasileira*, 10 (1): 44.
- De Witt, D., Bosland, P. W. (1997) *Peppers of the World. An identification guide*. Ten Speed Press, Berkeley, California. 219p.
- Dye, W., Starr, M.P., Stolp, H. (1964) Taxonomic clarification of *Xanthomonas vesicatoria* based upon host specificity, bacteriophage sensitivity, and cultural characteristics. *Phytopathology*, 51: 394-407.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) *Introduction to quantitative genetics*. 4.ed. London: Longman, 464p.
- Faria, C.M.B., Costa, N.D., Faria, A.F. (2003) Ação de calcário e gesso sobre características químicas do solo e na produtividade e qualidade do tomate e melão. *Horticultura Brasileira*, 21 (4): 615-619.
- Fehr, W.R. (1987) *Principles of cultivar development: theory and technique*. Ames, Iowa: Macmillan Publishing Company. v.1. 536p.
- Ferraz, E., Resende, L.V., Lima, G.S.A., Silva, M.C., França, J.G.E., Silva, D.J. (2003) Redenção: nova cultivar de tomate para a indústria resistente a geminivírus e tospovírus.
- Ferreira, C.F. (2002) *Marcadores de DNA no mapeamento de regiões genômicas do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) associados à resistência ao crestamento bacteriano comum* Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 107p.
- Filgueira, F.A.R. (2000) *Novo Manual de Olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Cultura e comercialização de hortaliças. Viçosa: UFV, 402 p.
- Fiorini, C.V.A., Gomes, L.A.A., Maluf, W.R., Fiorini, I.V.A., Duarte, R.P.F., Licursi, V. (2005) Avaliação de populações F₂ de alface quanto à resistência aos nematóides das galhas e tolerância ao florescimento precoce. *Horticultura Brasileira*, 23 (2): 299-302.
- Fontes, P.C.R., Dias, E.N., Graça, R.N. (2005) Acúmulo de nutrientes e método para estimar doses de nitrogênio e de potássio na fertirrigação do pimentão. *Horticultura Brasileira*, 23 (2): 275-280.

- Frenhani, A.A., Bernardi, J.B., Bastos Cruz, B.P., Silveira, S.G.P. (1972) Comportamento de variedades de pimentão (*Capsicum annuum* L.) e páprika (*Capsicum* sp.) com relação a pústula bacteriana (*Xanthomonas vesicatoria* (Doidge) Dowson). *Arq. Inst. Biol.*, São Paulo, 39 (1): 35-41.
- Giordano, L.B., Boiteux, L.S., Santos, J.R.M., Charchar, J.M., Lopes, C.A. (1997) "Tx 401-08": linhagem de tomate para processamento industrial, com resistência múltipla a doenças. *Horticultura Brasileira*, 15 (2): 123-126.
- Gomes, F.P., Garcia, C.H. (2002) *Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais*. exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos. Piracicaba: FEALQ, 309p.
- Gomes, R.L.F., Vello, N.A., Azevedo Filho, J.A. (2004) Genetic analysis of F₆ and F_{6:7} soybean generations. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4: 35-42.
- Gonçalves, P.A.S., Silva, C.R.S., Boff, P. (2004) Incidência do míldio em cebola sob adubação mineral e orgânica. *Horticultura Brasileira*, 22 (3): 538-542.
- Govindarajan, V.S. (1985) *Capsicum* production, technology, chemistry, and quality. Part 1: History, botany, cultivation, and primary processing. In: Furia, T.E. (ed) *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. v.22. Flórida: CRC Press, Inc., p. 108-175.
- Griffing, B. (1956) A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*, 10: 31- 50.
- Harvell, K., Bosland, P.W. (1997) The environment produces a significant effect on pungency of chiles. *HortScience*, 32: 1292.
- Heiser Júnior, C. B. (1976) Peppers. *Capsicum* (Solanaceae). In: Evolution of crop Plants. Simmonds, N. W. (ed.). Longman Scientific & Technical. Edinburgh. p. 265-268.
- Henz, G. P. (2004) Perspectivas e potencialidade do mercado para pimentas. In: *Encontro Nacional do Agronegócio Pimenta (Capsicum spp)*, 1, Brasília, DF, CD-ROM, 8p.
- Hibberd, A.M., Stall, R.E., Basset, M.J. (1998) Quantitatively assessed resistance to bacterial leaf spot in pepper that is simply inherited. *Phytopathology*, 78: 607-612.
- IBGE (2003) Censo Agropecuário/96. Sistema IBGE de Recuperação Automática – SIDRA; <http://www.sidra.ibge.gov.br> em 28/07/03, página mantida pelo IBGE.
- IBPGR (1983) *Genetic Resources of Capsicum*. International Board of Plant Genetic Resources, 44p.
- Jarret, R.L., Perkins, B., Fan, T., Prince, A., Guthrie, K., Skoczinski, B. (2003) using EIA to screen *Capsicum* spp. Germplasm for capsaicinoid content. *Journal of Food Composition and Analysis*, 16: 189-194.

Jones, J.B., Lacy, G.H., Bouzar, H., Stall, R.E., Schaad, N.W. (2004) Reclassification of the xanthomonads associated with bacterial spot disease of tomato and pepper. *System. Appl. Microbiol.*, 27: 755-762.

Jones, J.B., Minsavage, G.V., Roberts, P.D., Johnson, R.R., Kousik, C.S., Subramanian, S., Stall, R.E. (2002) A non-hypersensitive resistance in pepper to the bacterial spot pathogen is associated with two recessive genes. *Phytopathology*, 92 (3): 273-277.

Jones, J.B., Bouzar, H., Stall, R.E., Almira, E.C., Roberts, P.D., Bowen, B.W., Sudberry, J., Strickler, P.M., Chun, J. (2000) Systematic analysis of xanthomonads (*Xanthomonas* spp. Associated with pepper and tomato lesions. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 50: 1211-1219.

Jones, J.B., Stall, R.E., Bouzar, H. (1998) Diversity among xanthomonads pathogenic on pepper and tomato. *Phytopathol.* 16: 41-58.

Jones, J.B., Stall, R.E., Somodi, G.C., Bouzar, H., Hodge, N.C. (1995) A third tomato race of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. *Plant Disease*, 79: 395-398.

Juhász, A.C.P. (2002) *Herança da resistência à mancha bacteriana em pimentão e avaliações estruturais associadas à interação *Xanthomonas axonopodis* pv. *vesicatoria* – *Capsicum annuum* L.* Tese (Mestrado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 86p.

Juhász, A.C.P., Rodrigues, R., Sudré, C.P., Pereira, M.G. (2002) Herança da resistência à mancha bacteriana em pimentão. *Horticultura Brasileira*, 20 (2): 344.

Juhász, A.C.P., Rodrigues, R., Sudré, C.P., Pereira, M.G. (2001) Genética da resistência à mancha bacteriana em pimentão. *Horticultura Brasileira*, 19 (2): 270.

Karnka, R., Rayanakorn, M., Watanesk, S., Vaneesorn, Y. (2002) optimization of high-performance liquid chromatographic parameters for the determination of capsaicinoid compounds usin the simplex method. *Analytical Sciences*, 18: 661-665.

Kim, B.S., Hartmann, R.W. (1985) Inheritance of a gene (*Bs₃*) conferring hypersensitive resistance to *Xanthomonas capestris* pv. *vesicatoria* in pepper (*Capsicum annuum*). *Plant Disease*, 69 (3): 233-235.

Kimura, O. (1984a) Enfermidades bacterianas do pimentão. *Informe Agropecuário*, 10 (113): 39-41.

Kimura, O. (1984b) Melhoramento do pimentão visando à resistência à “pústula bacteriana”. *Informe Agropecuário*, 10 (113): 41-44.

Kimura, O., Carmo, M.G.F. do (1996) Doenças causadas por bactérias em pimentão. *Informe Agropecuário*, 18 (184): 66-73.

- Knott, D.R., Kumar, J. (1975) Comparison of early generation yield testing and a single seed descent procedure in wheat breeding. *Crop Science*, 15: 295-299.
- Kousik, C.S., Ritchie, D.F. (1996) Disease potential of pepper bacterial spot pathogen races that overcome the *Bs2* gene for resistance. *Phytopathology*, 86 (12): 1336-1343.
- Kousik, C.S., Ritchie, D.F. (1999) Development of bacterial spot on near-isogenic lines of bell pepper carrying gene pyramids composed of defeated major resistance genes. *Phytopathology*, 89 (11): 1066-1072.
- Kousik, C.S., Ritchie, D.F. (1995) isolation of pepper races 4 and 5 of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* from diseased peppers in southeastern U.S. fields. *Plant Disease*, 79: 540.
- Kurozawa, C., Pavan, M.A. (1997) Doenças das solanáceas (berinjela, jiló, pimentão e pimenta). In: Kimati, H., Amorim, L., Bergamim Filho, A.B., Camargo, L.E.A., Rezende, J.A.M. (eds.) *Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*. v. 2, 3. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, p. 665-675.
- Lam-Sánchez, A. (1992) *Centros de origem das plantas cultivadas: tradução e compilação*. Jaboticabal: UNESP/FUNEP. 45p.
- Leal, N.R. (1990) Andra: nova cultivar de feijão-de-vagem. *Horticultura Brasileira*, 8 (1): 29.
- Leal, N.R., Bliss, F. (1990) Alessa: nova cultivar de feijão-de-vagem. *Horticultura Brasileira*, 8 (1): 29-30.
- Lima, M.L.P., Lopes, C.A., Café Filho, A.C. (2004) Estabilidade da resistência de *Capsicum* spp. ao oídio em telado e casa de vegetação. *Fitopatologia Brasileira*, 29 (5): 519-525.
- Lobo, V.L.S., Lopes, C.A., Giordano, L.B. (2005) Componentes da resistência à mancha bacteriana e crescimento de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, raça T2, em genótipos de tomateiro. *Fitopatologia Brasileira*, 30 (1): 17-20.
- Lopes, C.A., Ávila, A.C. (2002) Informações inadequadas sobre resistência a doenças em catálogos de cultivares de hortaliças: um exemplo para tomate e pimentão. *Horticultura Brasileira*, 20 (2):130-132.
- Lúcio, A.D., Souza, M.F., Heldwein, A.B., Lieberknecht, D., Carpes, R.H., Carvalho, M.P. (2003) Tamanho da amostra e método de amostragem para avaliação de características do pimentão em estufa plástica. *Horticultura Brasileira*, 21 (2): 180-184.
- Luedders, L.A., Duclos, L.A., Matson, A.L. (1973) Bulk, pedigree, and early generation testing breeding methods compared in soybeans. *Crop Science*, 13: 363-364.

- Luz, F.de F. (2001) Pimentas do gênero *Capsicum* spp. cultivadas em Roraima. In: Simpósio de recursos genéticos para a América Latina e Caribe, *Anais...*, 3. Londrina (PR). p.189-191.
- Marchioro, V.S., Franco, F.A., Oliveira, E.F., Nora, T.D., Schuster, I., Alves Sobrinho, A.A. (2004a) CD 110 – Wheat cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4 (3): 360-361.
- Marchioro, V.S., Franco, F.A., Oliveira, E.F., Nora, T.D., Schuster, I., Alves Sobrinho, A.A. (2004b) CD 111 – Wheat cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4 (3): 362-363.
- Maringoni, A.C., Kimati, H. (1987) Caracterização patogênica e hidrólise de amido em *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* de pimentão e de tomateiro. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, 12 (4): 325-333.
- Martins, I.S., Martins, R.C.C., Correia, H.S. (2001) Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. *Floresta e Ambiente*, 8 (1): 36-43.
- Martins, I.S., Cruz, C.D., Rocha, M.G.B., Regazzi, A.J., Pires, I.E. (2005) Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. *Cerne*, 11 (1): 16-24.
- Mather, K., Jinks, J.L. (1982) Biometrical genetics. Chapman Hall, New York, p.396.
- Mello, A. M. T. de (2004) Pesquisas com pimentas desenvolvidas no IAC. In: *Encontro Nacional do Agronegócio Pimenta (Capsicum spp.)*, 1, Brasília, DF, CD-ROM, 5p.
- Menten, J.O.M. (1990) Evitação: forma de defesa das plantas contra patógenos que deve ser melhor compreendida e explorada. *Summa Phytopathologica*, Campinas, 16 (2): 77-82.
- Minamiyama, Y., Kinoshita, S., Inaba, K., Inoue, M. (2005) Development of a cleaved amplified polymorphic sequence (CAPS) marker linked to pungency in pepper. *Plant Breeding*, 124: 288-291.
- Mini, S., Khader, D.M.A. (2004) Variability, heritability and genetic advance in wax type chilli (*Capsicum annum* L.). *Capsicum & Eggplant Newsletter*, 23: 49-52.
- Minsavage, G.V., Dahlbeck, D., Whalen, M.C., Kearney, B., Bonas, U., Staskawicz, B., Stall, R.E. (1990) Gene-for-gene relationships specifying disease resistance in *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* – pepper interactions. *Mol. Plant-Microbe Interact.*, 3: 41-47.
- Miranda, M.A.C., Braga, N.R., Lourenção, A.L., Miranda, F.T.S., Unêda, S.H., Ito, M.F. (2003) Descrição, produtividade e estabilidade da cultivar de soja IAC-23, resistente a insetos. *Bragantia*, 62 (1): 19-27.

- Moda-Cirino, V., Oliari, L., Lollato, M.A., Fonseca Júnior, N.S. (2001a) IAPAR 80 – Common bean. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1 (2): 201-202.
- Moda-Cirino, V., Oliari, L., Lollato, M.A., Fonseca Júnior, N.S. (2001b) IPR 88 Uirapuru – feijão comum. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1 (2): 205-206.
- Moda-Cirino, V., Oliari, L., Lollato, M.A., Fonseca Júnior, N.S. (2001c) IAPAR 81 – Common bean. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1 (2): 203-204.
- Moreira, G.R., Silva, D.J.H., Picanço, M.C., Peternelli, L.A., Caliman, F.R.B. (2005) Divergência genética entre acessos de tomateiro infestados por diferentes populações da traça-do-tomateiro. *Horticultura Brasileira*, 23 (4): 893-898.
- Muehlbauer, F.J., Burnell, D.G., Bogyo, T.P., Bogyo, M.T. (1981) Simulated comparisons of single seed descent and bulk population breeding methods. *Crop Science*, v.21, p. 572-577.
- Nascimento, I.R. do (2002) *Avaliação da capacidade combinatória de linhagens e potencial agrônomo de híbridos de pimentão*. Tese de Mestrado – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 82p.
- Nilsson, H. (1914) Plant-Breeding in Sweden. Pioneer work of the Svalöf Institute has resulted in revolution in breeding methods throughout the world – the theory and practice of pedigree cultures – hybridizing now being taken up – new varieties put in the trade. *Journal of Heredity*, 5: 281-296.
- Noda, H., Machado, F.M., Martins, A.L.U. (2003) Seleção de genótipos de pimentão resistentes à *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* (Doidge) Dye. Sob condições naturais de infecção. *Acta Amazônica*, 33 (3): 371-380.
- Obradovic, A., Mavridis, A., Rudolph, K., Janse, J.D., Arsenijevic, M., Jones, J.B., Minsavage, G.V., Wang, J.F. (2004) Characterization and PCR-based typing of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* from peppers and tomatoes in Serbia. *European Journal of Plant Pathology*, 110: 285-292.
- Oliveira, F.L., Ribeiro, R.L.D., Silva, V.V., Guerra, J.G.M., Almeida, D.L. (2004a) Desempenho do inhame (taro) em plantio direto e no consórcio com crotalária, sob manejo orgânico. *Horticultura Brasileira*, 22 (3): 638-641.
- Oliveira, V.R., Souza, R.B., Moura, K.J., Lopes, J.F. (2004b) Produção de cebola em função da aplicação de enxofre no solo. *Horticultura Brasileira*, 22 (2): 456.
- Pádua, J.G. de, Casali, V.W.D., Pinto, C.m.F. (1984) Efeitos climáticos sobre pimentão e pimenta. *Informe Agropecuário*, 10 (113): 11-13.
- Pascholati, S.F., Leite, B. (1994) Mecanismos bioquímicos de resistência às doenças. *Rev. Anu. Patol. Plan*, 2: 1-51.

Pascholati, S.F., Leite, B. (1995) Hospedeiro: mecanismos de resistência. In: Bergamin Filho, A., Kimati, H., Amorim, L. (eds.) *Manual de fitopatologia: princípios e conceitos*. v. 1, 3. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, p. 417-453.

Paul, P.A., Vale, F.X.R., Zambolim, L., Fontes, P.C., Coelho, R.R., Macabeu, A.J. (2004) Epidemiologia comparativa da pinta-preta do tomateiro sob quatro regimes de pulverização. *Fitopatologia Brasileira*, 29 (5): 475-479.

Pereira, M.G. (1983) Variabilidade de genótipos de soja (*Glycine Max*(L.) Merrill) descendentes de dois processos de seleção. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento). Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 137p.

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

Popovsky, S., Paran, I. (2000) Molecular genetics of the *y* locus in pepper: its relation to capsanthin-capsorubin synthase and to fruit color. *Theor. Appl. Genet.*, 101: 86-89.

Poulos, J.M. (1994) Pepper breeding (*Capsicum* spp.): achievements, challenges and possibilities. *Plant Breeding Abstracts*, 64 (2): 143-165.

Pohronezny, K. (1992) Sudden shift in the prevalent race of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* in pepper fields in southern Florida. *Plant Disease*, 76 (2): 118-120.

Queiroz, M.A. (2003) O estado da arte no melhoramento genético de algumas hortaliças no Brasil, CD-ROM dos *Anais do 2º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas*, Porto Seguro, BA, Brasil.

Quezado-Duval, A.M., Gazzoto Filho, A., Leite Júnior, R.P., Camargo, L.E. (2003) Sensibilidade a cobre, estreptomicina e oxitetraciclina em *Xanthomonas* spp. associadas à mancha bacteriana do tomate para processamento industrial. *Horticultura Brasileira*, 21 (4): 670-675.

Ramalho, M.A.P., Santos, J.B., Zimmermann, M.J. (1993) *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: UFG, 271p.

Raposo, F.V., Ramalho, M.A.P., Abreu, A. de F.B. (2000) Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 35 (10): 1991-1997.

Reifschneider, F.J.B., Lopes, C.A. (1998) Melhoramento genético para resistência a doenças de plantas. *Rev. Anu. Patol. Plan.*, 6: 329-366.

Reifschneider, F.J.B. (2000) *Capsicum: pimentas e pimentões no Brasil*. Brasília: Embrapa Comunicação Transferência de Tecnologia, 113p.

- Reifschneider, F.J.B., Bongioiolo Neto, A., Takatsu, A. (1985) Reappraisal of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* strains-their terminology and distribution. *Fitopatologia Brasileira*, 10 (2): 201-204.
- Ribeiro, C. S. da C. (2004) Pesquisa com *Capsicum* spp. na Embrapa. In: *Encontro Nacional do Agronegócio Pimenta (Capsicum spp)*, 1, Brasília, DF, CD-ROM, 10p.
- Ribeiro, C.S.C., Souza, O.B., Reifschneider, F.J.B., Giordano, L.B., Kich, A. (2004) Programa de melhoramento genético de *Capsicum* da EMBRAPA hortaliças visando resistência à murcha-de-fitóftora. *Horticultura Brasileira*, 22 (2) Suplemento CD-Rom.
- Ribeiro, C.S. da S., Souza, O.B. de, Kich, A., Reifschneider, F.J.B. (2003) Lançamento de três cultivares de pimenta do tipo Jalapeño pela Embrapa Hortaliças. *Horticultura Brasileira*, 21 (2): 354.
- Ribeiro, C.S. da C., Cruz, D.M.R. (2002) Pimentão: tendência de mercado. *Cultivar hortaliças e frutas*, 14 (3): 16-19.
- Ribeiro, C.S.C., Lobo Júnior, M., Carvalho, S.I.C., Reifschneider, F. (2002) Caracterização da coleção de germoplasma de *Capsicum* spp. para resistência à murcha-de-fitóftora. *Horticultura Brasileira*, 20 (2): 344.
- Ribeiro, R. de L.D., Osamu, K., Akiba, F., Almeida, O.C. de, Sudo, S. Melhoramento de pimentão para resistência a *Xanthomonas campestris* patovar *vesicatoria*. (1982) *Arq. Uni. Fed. Rur. Rio de Janeiro*, Itaguaí, p. 129-39.
- Riede, C.R., Campos, L.A.C., Brunetta, D., Alcover, M. (2001) Twenty six years of wheat breeding activities at IAPAR. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1 (1): 60-71.
- Riede, C.R., Campos, L.A.C., Scholz, M.B.S., Schinzel, R.L., Shioga, P.S. (2002) IPR 85 – Bread wheat cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 2 (4): 595-598.
- Riva, E.M. (2002) *Análise de gerações para reação à mancha bacteriana e outros caracteres agrônômicos em Capsicum annuum L.* Tese (Mestrado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ – Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 91p.
- Riva, E.M., Rodrigues, R., Pereira, M.G., Sudré, C.P., Amaral Júnior, A.T.do., Karasawa, M. (2003) Efeitos gênicos na herança da resistência à mancha bacteriana em pimentão. *Horticultura Brasileira*, 21 (2): 363. Suplemento 1.
- Riva, E.M., Rodrigues, R., Pereira, M.G., Sudré, C.P., Karasawa, M., Amaral Júnior, A.T.do. (2004a) Inheritance of bacterial spot disease in *Capsicum annuum* L. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4 (4): 490-494.

Riva, E.M., Rodrigues, R., Sudré, C.P., Karasawa, M., Pereira, M.G. (2004b) Three recessive genes controlling bacterial spot resistance in pepper. *Anais do 17th International Pepper Conference*, Naples, p.21, USA.

Riva-Souza, E.M., Pereira, M.G., Viana, A.P., Sudré, C.P., Bento, C.S., Rodrigues, R. (2005) Melhoramento genético do pimentão para resistência à mancha bacteriana pelo método genealógico. *Horticultura Brasileira*, 23 (2): 418.

Rodrigues, R., Stall, R.E., Minsavage, G.V., Jones, J.B. (2004) Hypersensitive response to *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* race 6 in *Capsicum chinense* and *C. baccatum*. *Anais do 17th International Pepper Conference*, Naples, p.21, USA.

Rodrigues Neto, J.; Malavolta Júnior, V. A., Victor, O. (1986) Meio simples para o isolamento e cultivo de *Xanthomonas campestris* pv. *citri* tipo B. *Summa Phytopathologica*, 12 (1-2): 16.

Romeiro, R. da S. (1995) *Bactérias fitopatogênicas*. Viçosa: UFV, 283 p.

Sahin, F. (2001) Pepper races 7, 8 and 10 of *Xanthomonas axonopodis* pv. *vesicatoria* isolated from diseased pepper plants in Turkey. *Disease Reports*, 3.

Sahin, F., Miller, S. A. (1998) Resistance in *Capsicum pubescens* to *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* pepper race 6. *Plant Disease*, 82 (7): 794 - 799.

Salmon, D.F., Larter, E.N., (1978) Gustafson, J.P. A comparison of early generation (F₃) yield testing and pedigree selection methods in Triticale. *Crop Science*, 18: 673-676.

Sampaio, P.T.B., Resende, M.D.V., Araújo, A.J. (2000) Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *Hondurensis*. *Pesq. Agrop. Bras.*, 35 (11): 2243-2253.

Sant'Ana, E.P., Morais, O.P., Castro, E.M., Guimarães, E.P., Moura-Neto, F.P., Breseghello, F., Pereira, J.A., Wanderley, S.C., Souza, N.R.G. (2001) BRS Bonança: upland rice cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1 (4): 439-431.

Santos, A. da S. dos (2000) *Marcadores de DNA no melhoramento genético do feijoeiro (Phaseolus vulgaris L.) visando resistência à Xanthomonas axonopodis pv. Phaseoli*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 131p.

Santos, H.S., Goto, R. (2004) Enxertia em plantas de pimentão no controle da murcha de fitóftora em ambiente protegida. *Horticultura Brasileira*, 22 (1): 45-49.

Santos, R.P.; Carmo, M.G.F.do; Parraga, M.S.; Macagnan, D.; Lopes, C.A. (2004) Avaliação de cultivares de mandioca, para consumo *in natura*, quanto à resistência à mancha parda da folha. *Horticultura Brasileira*, 22 (2): 232-237.

Scott, A.J., Knott, M. (1974) A duster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30 (3): 507-512.

Sediyama, T., Teixeira, R.C., Dutra, J.H., Andrade, M.A.S., Gomes, J.L.L., Reis, M.S. (2001a) UFVS – 2001 Soybean cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1 (3): 313-315.

Sediyama, T., Teixeira, R.C., Dutra, J.H., Andrade, M.A.S., Gomes, J.L.L., Reis, M.S. (2001b) UFVS – 2002 Soybean cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1 (3): 316-318.

Sediyama, T., Teixeira, R.C., Dutra, J.H., Andrade, M.A.S., Gomes, J.L.L., Reis, M.S. (2001c) UFVS – 2002 Soybean cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1 (3): 319-321.

Sediyama, T., Teixeira, R.C., Reis, M.S. (1999) Melhoramento da soja. In: Borém, A. (ed.) *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: UFV, p. 488-533.

Silva, E.C. da (1997) *Estudos genéticos relacionados à adaptação da alface (Lactuca sativa) sob altas temperaturas em cultivo protegido na região norte fluminense*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 70p.

Silva, D.A.G., Carmo, M.G.F., Rocha, M.C., Fernandes, M.C.A. (2003) Efeito de cultivar e de pulverizações com produtos químicos e biológicos sobre a mancha bacteriana e o desenvolvimento da cultura do pimentão. *Horticultura Brasileira*, 21 (2): 333.

Silva, N. da. (2003) Avanços no melhoramento de olerícolas – resistência a doenças em hortaliças. CD-ROM dos *Anais do 2º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas*, Porto Seguro, BA, Brasil.

Silveira, E.B., Rodrigues, V.J.B., Gomes, A.M.A., Mariano, R.L.R., Mesquita, J.C.P. (2002) Pó de coco como substrato pr produção de mudas de tomateiro. *Horticultura Brasileira*, 20 (2): 211-216.

Souza, E.A., Geraldi, I.O., Ramalho, M.A.P. (2000) Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. *Pesq. Agrop. Bras.*, 35 (9): 1765-1771.

Sousa, J.A. (1998) *Estimação de parâmetros genéticos em um dialeto de pimenta (Capsicum chinense Jacq.)*. Tese (Doutorado em Agronomia) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 91p.

Sowell Jr., G., Dempsey, A.H. (1977) Additional sources of resistance to bacterial spot of pepper. *Plant Dis. Rptr.* 61: 684-686.

Stall, R.E., Beaulieu, C., Egel, D.S., Hodge, N.C., Leite, R.P., Minsavage, G.V., Bouzar, H., Jones, J.B., Alvarez, A.M., Benedict, A.A. (1994) Two genetically diverse groups of strains are included in *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 44: 47-53.

Stall, R.E., Cook, A.A. (1996) Multiplication of *Xanthomonas vesicatoria* and lesion development in resistant and susceptible pepper. *Phytopathology*, 56 (3): 1152-1154.

Stall, R.E. (1981) Selection for component of horizontal resistance to bacterial spot of pepper. In: Lozano, J.C., *Proc. Of the fifth intern. cong. On plant pathogenic bacteria*. Ed. CIAT, p. 511-517.

Sudré, C.P. (2003) *Divergência genética e avaliação da resistência à mancha bacteriana em acessos de Capsicum spp.* Tese (Mestrado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ – Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 112p.

Thieme, F., Koebnik, R., Bekel, T., Boch, C.B.J., Buttner, D., Caldana, C., Gaigalat, L., Goesmann, A., Kay, S., Kirchner, O., Lanz, C., Linke, B., McHardy, A.C., Meyer, F., Mittenhuber, G., Nies, D.H., Niesbach-Klösgen, U., Patschkowski, T., Rückert, C., Rupp, O., Schneiker, S., Schuster, S.C., Frank-Joerg Vorhöf, Weber, E., Pühler, A., Bonas, U., Bartels, D., Kaiser, O. (2005) Insights into genome plasticity and pathogenicity of the plant pathogenic bacterium *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* revealed by the complete genome sequence. *Journal of Bacteriology*, 187 (21): 7254-7266.

Torres, J.C., Ventura, J.A. (1991) AVACPD: um programa para calcular a área e o volume abaixo da curva de progresso da doença. *Fitopatologia Brasileira*, 16 (2): 207

Ulla, B., Ackerveken, G.V. (1997) Recognition of bacterial avirulence proteins occurs inside the plant cell: a general phenomenon in resistance to bacterial diseases? *Plant Journal*, 12 (1): 1-7.

Vale, F.X.R., Fernandes Filho, E.I., Liberato, J.R. (2003) QUANT: a software for plant disease severity assessment. *8th International Congress of Plant Pathology*, Christchurch, New Zealand, p.105, Abstract 8.18.

Valle, L.A.C., Maluf, W.R., Nascimento, I.N., Faria, M.V., Figueira, A.R., Gomes, L.A.A., Licursi, V., Moretto, P. (2002) Avaliação da resistência de híbridos experimentais de pimentão ao mosaico amarelo causado por Pepper yellow mosaic vírus (PepYMV). *Horticultura Brasileira*, 20 (2): 346.

Vauterin, L., Hoste, B., Kersters, K., Swings, J. (1995) Reclassification of *Xanthomonas*. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 45: 472-489.

Vencovsky, R., Pereira, M.B., Crisóstomo, J.R., Ferreira, M.A.J.F. (2001) Genética e melhoramento de populações mistas. In: Nass, L.L., Valois, A.C.C., Melo, I.S., Valadares-Ingliš, M.C. (Org.) *Recursos genéticos e melhoramento*. 1.ed. Rondonópolis: Fundação MT, p. 231-281.

Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 496p.

Viñals, F.N., Ortega, R.G., Garcia, J.C. (1996) *El cultivo de pimientos, chiles y ajies*. Madrid: Mundi-Prensa, 607p.

Walkes, C.M., O'Garro, L.W. (1996) Role of extracellular polysaccharides from *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* in bacterial spot of pepper. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 48: 91-104.

Yuri, J.E., Souza, R.J, Freitas, S.A.C, Rodrigues Júnior, J.C. Mota, J.H. (2002) Comportamento de cultivares de alface tipo americana em Boa Esperança. *Horticultura Brasileira*, 20 (2): 229-232.

Yuri, J.E.; Resende, G.M.de; Mota, J.H.; Souza, R.J.de; Rodrigues Júnior, J.C. (2004) Comportamento de cultivares e linhagens de alface americana em Santana da Vargem (MG), nas condições de inverno. *Horticultura Brasileira*, 22 (2): 322-325.