

INTERAÇÃO PLANTA-PATÓGENO EM *Capsicum annuum* var.
annuum: MELHORAMENTO GENÉTICO VISANDO À RESISTÊNCIA
À ANTRACNOSE (*Colletotrichum scovillei*) E IDENTIFICAÇÃO DE
PROTEÍNAS RELACIONADAS À DEFESA NO PATOSSISTEMA
Capsicum - *Xanthomonas*

ANTONIO ANDRÉ DA SILVA ALENCAR

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO - 2022

INTERAÇÃO PLANTA-PATÓGENO EM *Capsicum annuum* var.
annuum: MELHORAMENTO GENÉTICO VISANDO À RESISTÊNCIA
À ANTRACNOSE (*Colletotrichum scovillei*) E IDENTIFICAÇÃO DE
PROTEÍNAS RELACIONADAS À DEFESA NO PATOSSISTEMA
Capsicum x *Xanthomonas*

ANTONIO ANDRÉ DA SILVA ALENCAR

“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 Genética e Melhoramento de
Plantas.”

Orientador: Prof^a. Rosana Rodrigues

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2022

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

A368

Alencar, Antonio André da Silva.

Interação planta-patógeno em *Capsicum annuum* var. *annuum* : melhoramento genético visando à resistência à antracnose (*Colletotrichum scovillei*) e identificação de proteínas relacionadas à defesa no patossistema *Capsicum* - *Xanthomonas* / Antonio André da Silva Alencar. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2022.

146 f.

Bibliografia: 72 - 105.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2022.
Orientadora: Rosana Rodrigues.

1. resistência genética. 2. proteômica. 3. pimentão. 4. modelos mistos. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

INTERAÇÃO PLANTA-PATÓGENO EM: *Capsicum annuum* var.
annuum: MELHORAMENTO GENÉTICO VISANDO À RESISTÊNCIA
À ANTRACNOSE (*Colletotrichum scovillei*) E IDENTIFICAÇÃO DE
PROTEÍNAS RELACIONADAS À DEFESA NO PATOSSISTEMA
Capsicum x *Xanthomonas*

ANTONIO ANDRÉ DA SILVA ALENCAR

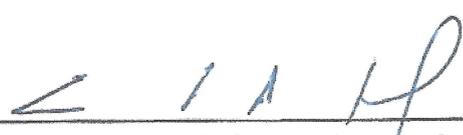
“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento de
Plantas”.

Aprovada em 22 de fevereiro de 2022.

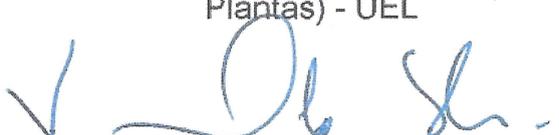
Comissão examinadora:



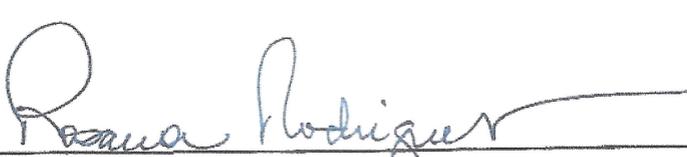
Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF



Prof. Leandro Simões Azeredo Gonçalves (D.Sc., Genética e Melhoramento de
Plantas) - UEL



Prof. Vanildo Silveira (D.Sc., Biotecnologia) - UENF



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

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho ao Pai que está nos céus, que pela graça, tornou possível a realização completa desta obra; a minha mãe Maria Zenaide S. Alencar, ao meu pai Antônio Gomes Alencar, e aos meus irmãos.

AGRADECIMENTOS

À minha orientadora Prof^a. Rosana Rodrigues, que me acolheu, orientou e partilhou muito conhecimento desde a minha chegada na UENF em 2016.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (GMP), pela oportunidade concedida para realização do doutorado, pela concessão da bolsa durante dois anos do meu doutorado, e a todos os professores do Programa de GMP pela dedicação e os ensinamentos em sala de aula e extraclasse.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa durante os dois últimos anos de doutorado. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) pelo fomento do projeto.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo financiamento dos projetos de pesquisa.

Aos meus conselheiros e membros da comissão examinadora, professores Alexandre Pio Viana, Vanildo Silveira, Leandro Simões Azeredo Gonçalves, Valdirene Gomes e Marcelo Vivas pelas sugestões dadas para a melhoria deste trabalho.

Ao Laboratório de Biotecnologia na pessoa do prof. Vanildo Silveira pela parceria na execução da análise proteômica.

Ao Dr. Felipe Astolpho e a Dra. Kaliane Zaira pelo auxílio na análise proteômica, desde a coleta das amostras até o processamento dos dados.

À Dra. Kaliane Zaira por todo companheirismo, afeto e dedicação na minha vida e por todo apoio no processamento dos dados proteômicos.

À Dra. Cláudia Pombo por tanta dedicação para com todos os colegas de laboratório, todo cuidado e incentivo.

Ao secretário José Daniel, pela atenção e todas as instruções dadas para o cumprimento dos nossos deveres.

Ao técnico de campo José Manoel pelo apoio na área experimental e realização das práticas de manejo.

Ao time do lab110, Cláudia Pombo, Maria do Socorro, Anderson, Cláudia Lougon, Karina, Cleiton, Eduardo, Fernando, Caio, Rosimara, Sabrina, Thâmara, Paola e Elisangela pela ajuda na realização dos experimentos e pela amizade.

A todas as pessoas que contribuíram direta ou indiretamente para este trabalho.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	vii
LISTA DE TABELAS	ix
RESUMO	x
ABSTRACT	xii
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	5
2.1 Objetivos gerais.....	5
2.2 Objetivos específicos.....	5
3. CAPÍTULOS	6
3.1 RESISTÊNCIA GENÉTICA À ANTRACNOSE EM PROGÊNIES F _{4:5} DE <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i> : PREDIÇÃO GENÉTICA E SELEÇÃO VIA REML/BLUP	6
3.1.1 INTRODUÇÃO	6
3.1.2 REVISÃO DE LITERATURA	8
3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS	15
3.1.4 RESULTADOS	24
3.1.5 DISCUSSÃO	33
3.1.6 CONCLUSÕES	36
3.2 PROTEÍNAS DIFERENCIALMENTE ACUMULADAS EM <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i> ASSOCIADAS À RESISTÊNCIA CONTRA MANCHA BACTERIANA (<i>Xanthomonas euvesicatoria</i>).....	37

3.2.1 INTRODUÇÃO	37
3.2.2 REVISÃO DE LITERATURA	39
3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS	44
3.2.4 RESULTADOS	49
3.2.5 DISCUSSÃO	63
3.2.6 CONCLUSÕES	71
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	72
APÊNDICE.....	106

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1:** Valores médios mensais de temperatura máxima, mínima e média (°C), e precipitação total (mm) observados durante os meses de julho a dezembro de 2019 na estação do município de Campos dos Goytacazes (OMM: 83698). 15
- Figura 2:** Fluxograma para obtenção e seleção de progênies de *Capsicum annuum* var. *annuum* pelo método genealógico 18
- Figura 3:** Processamento de imagens escaneadas (**A**) e análise de partículas (**B**) em frutos de *Capsicum annuum* var. *annuum* usando o software *ImageJ*.....20
- Figura 4:** Percentual e classificação de resistência das 73 plantas selecionadas, considerando os valores de AACPD em frutos imaturos e maduros. AR: altamente resistente; R: resistente; MR: moderadamente resistente; MS: moderadamente suscetível; S: suscetível; AS: altamente suscetível.....28
- Figura 5:** Boxplots mostrando a distribuição dos valores fenotípicos observados (p), efeitos genéticos aditivos (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético (ganho) e a nova média predita para seis variáveis de resistência nas 73 plantas F_{4:5} superiores. (**A – B**): área abaixo da curva de progresso da doença; (**C – D**): período de incubação em frutos imaturos e maduros, respectivamente; (**E – F**): período latente em frutos imaturos e maduros, respectivamente..... 30

Figura 6: Boxplots mostrando a distribuição dos valores fenotípicos observados (p), efeitos genéticos aditivos (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético (ganho) e a nova média predita para seis variáveis de resistência nas 73 plantas F _{4:5} superiores. A) número de frutos; B) massa de frutos; C) comprimento de frutos; D) diâmetro de frutos; E) espessura do pericarpo.....	31
Figura 7: Frutos de plantas que não apresentaram capsaicina nos frutos	32
Figura 8: Fenótipo para severidade da antracnose em frutos imaturos e maduros de três plantas F _{4:5} selecionadas e os parentais (UENF 1381 e UENF 2285) no sétimo dia após inoculação com <i>Colletotrichum scovillei</i>	32
Figura 9: Folhas de <i>Capsicum annuum</i> inoculadas com <i>Xanthomonas euvesicatoria</i> na concentração de 10 ⁵ UFC.mL ⁻¹ aos cinco dias após inoculação. A = genótipo resistente (UENF 1381) e B = genótipo suscetível (cv. Jalapeño)	49
Figura 10: Classificação funcional baseada no <i>Gene Ontology</i> (GO) de <i>DAPS</i> no acesso UENF 1381 comparado à cv. Jalapeño, 12 horas após inoculação com a bactéria <i>Xanthomonas euvesicatoria</i> . A) Processos biológicos das proteínas <i>up</i> -acumuladas; B) Processo biológico das proteínas <i>down</i> -acumuladas	53
Figura 11: Descrição das funções já elucidadas da arginase e catabólitos de arginina em plantas.....	67

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Atributos químicos do solo da área experimental localizada no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes, RJ, na profundidade de 0 a 20 cm.	16
Tabela 2: Estimativas de desvio para características de resistência à antracnose e morfoagronômicas de 36 progênies F _{4:5} de <i>Capsicum annuum</i> (Município de Campos dos Goytacazes, Estado do Rio de Janeiro, Brasil, 2020).....	25
Tabela 3: Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos ¹ para as variáveis de resistência à antracnose ² e características morfoagronômicas de frutos ³ em 36 progênies F _{4:5} de <i>C. annuum</i> var. <i>annuum</i>	26
Tabela 4: Proteínas diferencialmente acumuladas (<i>DAPs</i>) em <i>Capsicum annuum</i> (UENF 1381) em comparação com a cv. Jalapeño, 12 horas após inoculação com <i>Xanthomonas euvesicatoria</i>	54

RESUMO

ALENCAR, Antonio André da Silva; D.Sc; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2022; INTERAÇÃO PLANTA-PATÓGENO EM *Capsicum annuum* var. *annuum*: MELHORAMENTO GENÉTICO VISANDO À RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE (*Colletotrichum scovillei*) E IDENTIFICAÇÃO DE PROTEÍNAS RELACIONADAS À DEFESA NO PATOSSISTEMA *Capsicum* - *Xanthomonas*. Orientadora: Profa. Rosana Rodrigues; Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof. Vanildo Silveira.

As plantas estão propensas a uma série de condições de estresses bióticos. Desenvolver cultivares resistentes e entender os mecanismos de defesa das plantas, têm proporcionado grandes avanços agrícolas e científicos. Este trabalho está dividido em dois capítulos, nos quais são abordadas duas importantes doenças que afetam o gênero *Capsicum*: antracnose e mancha bacteriana. O primeiro capítulo teve como objetivo avaliar progênies F_{4:5} de *C. annuum* e identificar plantas com resistência à antracnose e bons atributos agronômicos. Foram avaliadas 36 progênies, em que os frutos foram colhidos e desinfestados em laboratório. A inoculação foi feita com agulha entomológica para fazer o ferimento no fruto, usando suspensão de esporos na concentração de $1,0 \times 10^6$ conídios.mL⁻¹. Doze características foram avaliadas: área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), período de incubação (PI), período latente (PL), número de frutos (NF), massa de frutos (MF), comprimento e diâmetro de frutos (CF e DF), número de lóculos (NL) e espessura do pericarpo (EP). Foi aplicada a metodologia dos modelos mistos com o auxílio do programa SELEGEN-REML/BLUP. Os melhores

indivíduos foram selecionados com base no índice de seleção de Mulamba e Mock. Dos 180 indivíduos avaliados, 72 foram altamente resistentes em frutos imaturos, sendo esse o estágio de maturação com maior nível de resistência. As variáveis (AACPD, PI e PL) obtiveram valores de média magnitude para herdabilidade em ambos os estágios de maturação, indicando possibilidade de sucesso na seleção de indivíduos resistentes. Por fim, foram selecionados 73 indivíduos com os melhores valores genéticos preditos (BLUPs), com ganhos negativos para as variáveis de resistência e ganhos positivos para os caracteres agrônômicos. No segundo capítulo é reportada a identificação de proteínas diferencialmente acumuladas no acesso de *C. annuum* UENF 1381, resistente à mancha bacteriana, em comparação com a cv. Jalapeño (suscetível), 12 h após inoculação com *X. euvesicatoria*. As plantas foram cultivadas em casa de vegetação, em vasos de 2 litros, dispostos em fileiras duplas, no delineamento em blocos ao acaso com três repetições. Para a fenotipagem da reação à bactéria, duas folhas por planta foram inoculadas pelo método de infiltração usando agulha e seringa, com uma suspensão de *X. euvesicatoria* na concentração de $1,0 \times 10^5$ UFC.mL⁻¹. As folhas foram coletadas 12 h após a inoculação e a extração foi pelo método ureia/tioureia. Após isso foram tripsinizadas e analisadas por espectrometria de massas usando nanoLC-MS/MS. Os espectros de massas foram processados usando o *workflow* PLGS/ISOQuant. As proteínas identificadas foram submetidas a classificação funcional utilizando a ferramenta Blast2GO/OmicsBox. A análise proteômica comparativa revelou um total de 882 proteínas, em que 84 destas foram diferencialmente acumuladas, sendo 57 *up* e 27 *down*-acumuladas. Nove proteínas foram exclusivas para o acesso resistente (UENF 1381) e cinco para o acesso suscetível (cv. Jalapeño). As proteínas *up*-acumuladas e únicas no genótipo resistente foram classificadas em cinco processos biológicos, com destaque para o processo metabólico de aminoácido celular modificado, resposta ao estresse oxidativo, resposta a estímulos de temperatura, resposta à bactéria e resposta à substância inorgânica. Proteínas relacionadas à estresse e a resposta a doenças foram *up*-acumuladas na comparação UENF 1381/Jalapeño, bem como *peroxidase*, *arginase*, *pectinesterase* e *polygalacturonase inhibitor*.

Palavras-chave: resistência genética; proteômica; pimentão; modelos mistos

ABSTRACT

ALENCAR, Antonio André da Silva; D.Sc; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Fevereiro de 2022; PLANT-PATHOGEN INTERACTION IN *Capsicum annuum* var. *annuum*: BREEDING FOR RESISTANCE TO ANTHRACNOSE (*Colletotrichum scovillei*) AND IDENTIFICATION OF PROTEINS RELATED TO DEFENSE IN THE PATHOSYSTEM *Capsicum* - *Xanthomonas*. Orientadora: Profa. Rosana Rodrigues; Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof. Vanildo Silveira.

Plants are prone to a number of biotic stress conditions. Developing resistant cultivars and understanding plant defense mechanisms has provided great agricultural and scientific advances. This work is divided into two chapters, in which two important diseases that affect the genus *Capsicum* are discussed: anthracnose and bacterial spot. The first chapter aimed to evaluate F_{4:5} progenies of *C. annuum* and identify plants with resistance to anthracnose and good agronomic attributes. The fruits were disinfected and inoculation was performed with an entomological needle to make the wound in the fruit, using a spore suspension at a concentration of 1.0×10^6 conidia.mL⁻¹. Twelve characteristics were evaluated: area under disease progress curve (AUDPC), incubation period (IP), latent period (LP), number of fruits (NF), fruit mass (FM), length and diameter of fruits (LF and DF), number of locules (NF) and pericarp thickness (TP). The methodology of mixed models was applied with the aid of the SELEGEN/BLUP program. The best individuals were selected based on the Mulamba and Mock selection index. Of the 180 individuals evaluated, 72 were highly resistant in unripe fruits, which is the maturation stage with the

highest level resistance. The variables (AUDPC, IP and LP) obtained values of medium magnitude for heritability in both maturation stages, indicating success in the selection of resistant individuals. IP and AUDPC in unripe fruits and FL obtained the highest selective accuracy values (0.771, 0.705 and 0.748, respectively). Finally, 73 individuals with the best predicted genetic values (BLUPs) were selected, with negative gains for resistance variables and positive gains for agronomics traits. The second chapter reports the identification of proteins differentially accumulated in the accession of *C. annuum* UENF 1381, resistant to bacterial spot, compared to cv. Jalapeño (susceptible), 12 h after inoculation with *X. euvesicatoria*. The plants were grown in a greenhouse, in 2-liter pots, arranged in double rows, in a randomized block design with three replications. For the phenotyping of the reaction to the bacteria, two leaves per plant were inoculated by the infiltration method using a needle and syringe, with a suspension of *X. euvesicatoria* at a concentration of 1.0×10^5 CFU.mL⁻¹. Leaves were collected 12 hours after inoculation and extraction was performed using the urea/thiourea method. After that, they were trypsinized and analyzed by mass spectrometry using nanoLC-MS/MS. Mass spectra were processed using the PLGS/ISOQuant workflow. The identified proteins were submitted to functional classification using the Blast2GO/OmicsBox tool. Comparative proteomic analysis revealed a total of 882 proteins, 84 of which were differentially accumulated, 57 up and 27 down-accumulated. Nine proteins were exclusive to the resistant accession (UENF 1381) and five to the susceptible accession (cv. Jalapeño). Proteins related to stress and disease response were up-accumulated in the comparison UENF 1381/Jalapeño, as well as peroxidase, arginase, pectinesterase and polygalacturonase inhibitor.

Keywords: genetic resistance; proteomic; bell pepper; mixed models

1. INTRODUÇÃO

O gênero *Capsicum* representado pelas pimentas e pimentões, tem sido cultivado em todas as regiões do mundo, estando presente na dieta alimentar humana desde 7.500 a.C (Srivastava e Mangal, 2019). As plantas deste gênero apresentam frutos com uma ampla diversidade de cores e formatos, com alto valor nutritivo e propriedades medicinais (Aguilar-Meléndez et al., 2009; Antonio et al., 2018). Além disso, o cultivo dessas culturas tem relevante importância sócioeconômica entre agricultores familiares, necessitando de mão-de-obra qualificada, principalmente quando há valor agregado aos produtos (Pinto et al., 2016).

As plantas de pimenta e pimentão são acometidas por diversas doenças de causa fúngica, viral e bacteriana (Roberts et al., 2004). Duas das principais doenças de *Capsicum* são a antracnose, causada por fungos do gênero *Colletotrichum* spp. (Than et al., 2008) e a mancha bacteriana causada por *Xanthomonas* spp. (Catara et al., 2020). A antracnose provoca graves prejuízos em cultivos de pimentas e pimentão que estão inseridos nas regiões de clima tropical e subtropical, tornando-se um dos principais entraves na produção destas culturas (Sun et al., 2015; Mongkolporn e Taylor, 2018).

Quase todas as culturas, incluindo as pimentas e o pimentão, são suscetíveis a uma ou mais espécies de *Colletotrichum* spp. (Ali et al., 2016). Este gênero foi listado entre os 10 grupos mais importantes de fungos fitopatogênicos no mundo

(Dean et al., 2012), sendo responsável por causar antracnose em cerca de 470 gêneros vegetais diferentes (Sharma e Kulshrestha, 2015).

A antracnose tem como sintomas característicos nos frutos, a formação de lesões necrosadas, depressivas e com anéis concêntricos úmidos denominados acérvulos (Than et al., 2008). Tais características favorecem a redução da qualidade de mercado dos frutos e a sérias perdas na pré e pós-colheita (Park et al., 2012; Pandey e Gupta, 2015).

Na tentativa de se evitar ou reduzir prejuízos, são realizadas aplicações de fungicidas e outras práticas de manejo que podem ter efeitos negativos sobre a saúde e a renda do agricultor (Sun et al., 2015). Não obstante, utilizar cultivares resistentes é o método mais econômico, sustentável e ambientalmente correto (Park et al., 2012; Sun et al., 2015). No entanto, ainda não se conseguiu desenvolver uma cultivar de pimentão resistente à antracnose, embora fontes de resistência tenham sido identificadas em *C. chinense*, *C. baccatum* (Mongkolporn e Taylor, 2011) e em *C. annuum* (Bento et al. 2017).

Desenvolver cultivares de *Capsicum* spp. resistentes à antracnose, é um desafio aos melhoristas. O que acontece no patossistema *Capsicum* x *Colletotrichum*, é que a herança da resistência varia dependendo da espécie de *Colletotrichum* e do isolado, da fonte de resistência utilizada e também do estágio de maturação dos frutos (Pakdeevaporn et al., 2005; Kim et al., 2010; Lee et al., 2010; Silva et al., 2014).

A espécie *C. annuum* é considerada como a mais importante dentro do gênero *Capsicum* e, apesar de relatos sobre a não ocorrência de resistência genética à antracnose nesse gênero (Mongkolporn e Taylor, 2018), Bento et al. (2017) identificaram o acesso UENF 1381 (*C. annuum* var. *annuum*) com resistência à antracnose causada por *C. scovillei*, além de confirmarem a resistência à mancha bacteriana causada por *X. euvesicatoria*.

Tratando-se da mancha bacteriana, três espécies são associadas a esta doença em pimentão e pimenta, tais como *X. euvesicatoria*, *X. gardneri* e *X. perforans* (Jones et al., 2004). Os sintomas típicos afetam a planta inteira, sobretudo folhas e frutos, envolvendo a queda precoce das folhas, lesões nos frutos de cor amarronzada a preta, e por fim, redução da produtividade (McAvoy et al., 2021). Além disso, a espécie *X. euvesicatoria* pode sobreviver em plantas espontâneas e restos de culturas (Potnis et al., 2015).

Algumas estratégias são indicadas para o controle da mancha bacteriana, como o uso de sementes idôneas, defensivos químicos e cultivares resistentes. Tradicionalmente, a aplicação de químicos é o método mais usado, porém os resultados nem sempre são satisfatórios, devido à ampla ocorrência de raças bacterianas resistentes aos princípios ativos e substâncias normalmente usados, como o cobre e a estreptomicina (Romero et al., 2001; Šević et al., 2019).

Desenvolver cultivares resistentes à mancha bacteriana tem sido um dos principais objetivos dos programas de melhoramento de *Capsicum*. Seis genes dominantes que conferem resistência à mancha bacteriana já foram descritos, tais quais *Bs1*, *Bs2*, *Bs3* (Stall et al., 2009), *Bs4c* (Strauss et al., 2012), *Bs7* (Potnis et al., 2012) e *BsT* (Minsavage et al., 1990); e dois genes recessivos *bs5* e *bs6* (Jones et al., 2002). De acordo com a teoria gene-a-gene proposta por Flor (1955), a interação gene-a-gene em plantas de *Capsicum* acontece da seguinte forma: para os genes de resistência *Bs1*, *Bs2* e *Bs3*, há os genes de avirulência *avrBs1*, *avrBs2* e *avrBs3*, respectivamente, no qual após o reconhecimento pela planta desencadeiam reação de hipersensibilidade (Potnis et al., 2015).

Importantes ferramentas de pesquisa no desenvolvimento de novas tecnologias para proteção contra doenças e aumento da produção vegetal têm sido utilizadas, como a genômica, transcriptômica, proteômica, metabolômica e metalômica (Gomez-Casati et al. 2016). Essas ferramentas têm relevante importância na caracterização das interações fitopatogênicas, levando a melhora da compreensão acerca das adaptações genéticas e metabólicas de uma determinada espécie vegetal à infecção (Gomez-Casati et al. 2016).

A análise proteômica tem sido aplicada para o estudo dos perfis proteômicos dos patógenos, hospedeiros e da interação patógeno-hospedeiro, buscando o entendimento de diferentes aspectos da fitopatologia, bem como a patogênese, a resistência a doenças (Ashwin et al., 2017), a identificação de proteínas específicas, mudanças pós-traducionais e vias biológicas importantes na resistência e suscetibilidade à doenças (Peyraud et al., 2017). Além disso, muitos componentes do sistema de defesa e as relações entre eles ainda precisam ser descobertos (Elmore et al., 2021).

Neste trabalho, foi relatado a avaliação de progênies quanto a resposta à antracnose causada por *C. scovillei* e o desempenho agrônômico, usando a metodologia dos modelos lineares mistos para se realizar a estimação dos

parâmetros genéticos e a predição genética das plantas avaliadas. A segunda parte do trabalho refere-se a análise proteômica comparativa em *C. annuum* var. *annuum*, para identificação de proteínas associadas à resistência à mancha bacteriana.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivos gerais

Desenvolver um programa de melhoramento genético de pimenta e pimentão (*Capsicum annuum* var. *annuum*) para obtenção de uma cultivar do tipo linha pura com resistência à antracnose (*C. scoville*) e identificar proteínas que estejam associadas à resistência na interação *Capsicum-Xanthomonas*.

2.2. Objetivos específicos

- a) Fenotipar progênies F_{4:5} quanto a reação à antracnose em frutos imaturos e maduros e às características de interesse agrônomo; e estimar parâmetros genéticos relativos a tais caracteres;
- b) Realizar a seleção dos melhores indivíduos em F_{4:5} pelo método genealógico utilizando a metodologia dos modelos mistos REML/BLUP;
- c) Identificar proteínas que atuam no mecanismo de defesa do acesso UENF 1381 em resposta à *X. euvesicatoria*.

3. CAPÍTULOS

3.1. RESISTÊNCIA GENÉTICA À ANTRACNOSE EM PROGÊNIES F_{4:5} DE *Capsicum annuum* var. *annuum*: PREDIÇÃO GENÉTICA E SELEÇÃO VIA REML/BLUP

3.1.1. INTRODUÇÃO

Os frutos de pimentão e pimentas (*Capsicum annuum* L.) são olerícolas importantes em todo o mundo em termos de comercialização. São frutos que são consumidos *in natura* ou industrializados, na forma de molhos ou páprica, muito apreciados na culinária mundial, principalmente pela variedade de cores e sabor (Carvalho et al., 2008). Além disso, o consumo desses frutos oferece vários benefícios à saúde humana devido à riqueza em componentes fenólicos, flavonoides, ácido ascórbico e capsaicina presentes nos frutos (Soare et al. 2017), desempenhando ação antioxidante, anti-inflamatória, antimicrobiana, anticancerígena e cardioprotetora (Lu et al. 2020).

As plantas de *Capsicum* são acometidas por pragas e doenças, fazendo com que o cultivo dessa cultura demande grandes quantidades de produtos químicos. No Brasil, por exemplo, os frutos de pimentão são apontados como aqueles com

maior índice de contaminação por agrotóxicos, inclusive com a presença de ingredientes ativos não recomendados para a cultura (ANVISA, 2018).

Entre as doenças que causam grandes prejuízos às lavouras, destaca-se a antracnose, principal doença fúngica dos pimentões e pimentas, causada por espécies de fungos do gênero *Colletotrichum*. Têm sido relatadas 24 espécies de *Colletotrichum* infectando plantas de pimenta e pimentão (Mongkolporn e Taylor, 2018). No Brasil, sobretudo no estado do Rio de Janeiro, a espécie *C. scovillei* é a mais prevalente nos cultivos e nos frutos comercializados (Giacomin et al. 2021).

Além de afetar a produtividade, a antracnose reduz drasticamente a qualidade dos frutos produzidos, causando graves prejuízos também na pós-colheita, devido à capacidade do patógeno desenvolver um estilo de vida quiescente ou latente no fruto infectado (De Silva et al. 2017; Mongkolporn e Taylor 2018). Os sintomas característicos nos frutos, são lesões circulares, com a formação de anéis concêntricos e uma massa de conídios com cor alaranjada (Saxena et al. 2016), tornando-os impróprios para comercialização.

É importante mencionar que o manejo integrado de doenças é uma abordagem sustentável para o gerenciamento de doenças, combinando ferramentas biológicas, culturais, físicas e químicas de uma maneira que minimize os gastos, os danos à saúde e ao meio ambiente (Khoury e Makkouk, 2010). Diferentes estratégias de controle têm sido indicadas para antracnose, como o tratamento químico de sementes, rotação de culturas, controle biológico e o uso de cultivares resistentes (Ali et al. 2016; Manda et al. 2020). Esta última, é considerada a estratégia mais adequada e sustentável, pois além de reduzir a quantidade de produtos químicos no ambiente, reduz os custos de produção do cultivo (Agris, 2005). Contudo, desenvolver cultivares de *Capsicum* resistentes à antracnose, tem sido desafiador para os melhoristas de plantas, devido à complexidade da interação existente no patossistema *Capsicum – Colletotrichum*, em que o controle genético da resistência pode variar de acordo com a espécie do fungo, método de inoculação e o estágio de maturação do fruto (Suwor et al. 2015). Até o momento não existem cultivares de *C. annum* resistentes à antracnose disponíveis para comercialização.

Estudos vêm sendo desenvolvidos para melhorar a compreensão do patossistema *Capsicum – Colletotrichum* (Baba et al. 2019, 2020; Maracahipes et al. 2019a, 2019b; Giacomin et al. 2021). Cinco genes que conferem resistência à

antracnose já foram identificados (*co1*, *co2*, *co3*, *co4* e *Co5*). Os genes *co1*, *co2* e *co3* foram identificados em uma população oriunda do cruzamento entre *Capsicum chinense* (PBC932) x *Capsicum annuum* ('bangchang'), inoculada com *C. truncatum* (anteriormente identificado como *C. capsici*) (Ranathunge et al. 2012). O gene *co1* conferiu resistência em frutos imaturos (Pakdeevaporn et al. 2005), *co2* resistência em frutos maduros e *co3* conferindo resistência em plântulas (Mahasuk et al. 2009a). Mahasuk et al. (2009b) realizaram outro estudo em uma população provinda do cruzamento entre *C. baccatum* PBC80 (resistente) x *C. baccatum* PBC1422 (suscetível), em que foram identificados os genes *co4* e *Co5*, responsáveis pela resistência em frutos imaturos e maduros, respectivamente, em resposta à infecção por *C. scovillei* (anteriormente identificado como *C. acutatum*) (De Silva et al. 2017).

O objetivo deste trabalho foi fenotipar e selecionar progênies F_{4:5} de *C. annuum* var. *annuum* com resistência à antracnose causada por *C. scovillei*, bem como com atributos agronômicos desejáveis, via metodologia REML/BLUP.

3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.1.2.1. Gênero *Capsicum* L.

As pimentas e pimentões pertencem ao gênero *Capsicum*, com possível origem na Bolívia. A espécie *Capsicum chacoense* é a provável ancestral comum que, posteriormente, passou por um processo de dispersão e especiação para os Andes e terras baixas da Amazônia (McLeod et al., 1982; Moscone, et al., 2007). Em contrapartida, Kraft et al. (2014) sugerem que a origem da espécie *C. annuum* L., possivelmente se deu no México.

Estudos arqueológicos, análises genéticas e dispersão de plantas indicam que *C. annuum* foi inicialmente domesticado no México ou no norte da América Central. Outras espécies cultivadas tais como *C. chinense*, tem sua origem na Amazônia; *C. baccatum* no planalto dos Andes e na planície do Paraguai; *C. frutescens* no Caribe e *C. pubescens* na região dos Andes do Sul (Pickersgill, 1986;

Esbaugh, 1993; Albrecht et al., 2012; Moses et al., 2014; Kraft et al., 2014; Van Zonneveld et al., 2015).

Pertencente à família Solanaceae, o gênero *Capsicum* possui 41 espécies descritas, sendo cinco consideradas domesticadas: *Capsicum annuum* L., *C. chinense* Jacq., *C. frutescens* L., *C. baccatum* var. *pendulum* (Willd.) Eshbaugh, e *C. pubescens* R. & P. (Pickersgill, 1986; Bianchetti, 1996; Moscone et al., 2007; Barboza et al., 2011, 2020; van Zonneveld et al., 2015). Todas as espécies são diploides, com número cromossômico igual a $2n=2x=24$ e algumas espécies silvestres com $2n=2x=26$ (Tong e Bosland, 2003; Moscone et al., 2007; Rodrigues et al., 2016).

As espécies de *Capsicum* englobam três *pools* gênicos distintos: *C. annuum*, *C. baccatum* e *C. pubescens*, os quais se baseiam no grau de proximidade e compatibilidade reprodutiva entre espécies. O complexo *C. annuum* contém as espécies *C. annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. galapagoense* e *C. chacoense*. O complexo *C. baccatum* compreende *C. baccatum* e *C. praetermissum*. O complexo *C. pubescens* constituído por *C. pubescens*, *C. tovarii*, *C. cardenasii*, *C. eshboughii* e *C. eximium*. (Pickersgill, 1997).

Por ser considerado um centro de diversidade de *Capsicum*, o Brasil é indicado como o país com maior número de espécies silvestres do gênero (Barboza e Bianchetti, 2005; Rodrigues et al., 2016). Recentemente, Barboza et al. (2020) identificaram uma nova espécie de *Capsicum* chamada *C. carassense*, presente na região de mata atlântica do estado de Minas gerais. Outras espécies foram identificadas na costa leste brasileira, tais como *C. pereirae*, no Espírito Santo e Minas Gerais; *C. friburgense*, endêmica de uma área restrita de Nova Friburgo no Rio de Janeiro; e *C. hunzikerianum*, encontrada em São Paulo (Barboza e Bianchetti, 2005). Espécies endêmicas foram descritas em alguns estados brasileiros: *C. caatingae*, encontradas na Bahia, Pernambuco e norte de Minas Gerais e *C. longidentatum*, encontrada na Bahia e Pernambuco (Barboza et al., 2011).

No gênero *Capsicum* é possível encontrar uma ampla variabilidade de características morfológicas, que podem ser úteis para discriminar as espécies. Pode-se considerar a pubescência das plantas, número de flores por nó, constrição do cálice, cor da flor, corola e semente, bem como para outras características comercialmente relevantes como coloração, formato, tamanho e os componentes

bioquímicos dos frutos, incluindo atributos relacionados com a saúde e sabor, como a capacidade antioxidante e os capsaicinoides que conferem pungência (Neitzke et al., 2014; van Zonneveld et al., 2015, Barboza et al. 2020).

A pungência dos frutos, característica marcante do gênero *Capsicum*, é atribuída principalmente a dois capsaicinoides: capsaicina e di-hidrocapsaicina. Estas substâncias alcaloides se acumulam na superfície da placenta do fruto e é liberada quando o fruto sofre qualquer dano físico. O controle genético da pungência nas pimentas se dá pelo gene *Pun*, e sua ausência se dá com a presença do gene recessivo *pun-1*, também conhecido como *c* (Deshpande, 1935; Daskalov e Poulos, 1994; Wang e Bosland, 2006).

C. annuum é a espécie representada principalmente pela cultura do pimentão, que se mantém entre as dez hortaliças de maior importância econômica no mercado brasileiro (Sedyama et al., 2014). As cultivares desenvolvidas em programas de melhoramento incluem cultivares de polinização aberta, híbridos de pimentões doces, pimentas doces para páprica, pimenta americana, e as pimentas pungentes *cayene*, *jalapeño* e outras, além de cultivares ornamentais (Ribeiro e Reifschneider, 2008).

A forma botânica cultivada *C. annuum* var. *annuum* L. é preferencialmente autógama, podendo ocorrer polinização cruzada (1,2 % para as condições do Cerrado), dependendo da ação de insetos polinizadores, espaçamento adotado entre plantas e incidência de ventos (Justino et al., 2018). As flores são solitárias com corola branca (raramente violeta), sem manchas na base dos lobos das pétalas, hermafroditas, com cinco anteras e um estigma. As anteras são geralmente azuladas. Os cálices dos frutos maduros são pouco dentados e não possuem constrição anelar na junção do pedicelo. A abertura da flor ocorre com maior frequência nas três primeiras horas do dia, permanecendo abertas, em média, durante 24 horas. Os frutos definem-se como uma baga, de estrutura oca e forma lembrando uma cápsula. Possuem várias cores e formas, geralmente pendentes, persistentes, com polpa firme e as sementes são de coloração palha (Carvalho et al., 2008).

Quanto à altura e à forma de crescimento das plantas de *Capsicum*, há uma variação entre as diferentes espécies. O sistema radicular é pivotante, com um número de ramificações laterais elevado e profundidade que pode atingir até 120 cm. Em relação às folhas, existe variabilidade quanto à coloração, formato,

pilosidade e tamanho. Ao longo do comprimento do caule ou nos nós pode ser observada presença de antocianina (Carvalho et al., 2008).

Com exceção de *C. pubescens*, todas as demais espécies ou tipos varietais domesticadas são cultivadas nas várias regiões do Brasil, incluindo *C. annuum* var. *annuum*, *C. frutescens*, *C. chinense*, e *C. baccatum* var. *pendulum* e, pelo menos três espécies semidomesticadas, *C. annuum* var. *glabriusculum*, *C. praetermissum* e *C. baccatum* var. *baccatum* (Ribeiro e Reifschneider, 2008). Os principais estados produtores são Minas Gerais, São Paulo, Ceará, Rio de Janeiro, Espírito Santo e Pernambuco, representando 87% do total produzido no país (Hfbrasil.org.br).

O agronegócio de pimentas e do pimentão está entre os melhores exemplos de integração na cadeia produtiva de hortaliças (Pinto e Cruz, 2011), apresentando alta rentabilidade, importância social, nutricional e medicinal. Do ponto de vista social, ressalta-se a participação de agricultores familiares no cultivo destas culturas (Reifschneider, 2008). Em relação a importância medicinal, as plantas de *Capsicum* possuem um flavonoide chamado apigenina, que já é utilizado no tratamento de doenças do sistema nervoso (Souza et al., 2015).

Apesar de ser uma importante cultura de especiarias cultivada em todo o mundo, muitas restrições diminuem a produção, causando uma redução significativa no rendimento e na produção de sementes. As doenças das plantas têm sido uma das principais razões para as perdas de colheitas em todo o mundo. Doenças causadas por fungos, bactérias, vírus ou nematóides afetaram negativamente a produção de pimenta em quase todas as partes do mundo (Saxena et al., 2016). Entre as mais importantes para o cultivo de pimentas e pimentão destaca-se a antracnose, causada por fungos *Colletotrichum* spp.

3.1.2.2. Interação *Capsicum* - *Colletotrichum*

A antracnose é uma doença causada por diferentes espécies de *Colletotrichum*. Os fungos deste gênero compreendem 11 complexos com aproximadamente 190 espécies, os quais são: *caudatum* (8 espécies), *graminicola* (14), *spaethianum* (9), *destructivum* (15), *acutatum* (34), *dematium* (11), *gigasporum* (6), *gloesporioides* (38), *boninense* (19), *truncatum* (3), *orbiculare* (8) (Marin-Felix et al., 2017).

A antracnose em *Capsicum* spp. tem sido associada principalmente a espécies de *Colletotrichum* pertencentes aos complexos *gloeosporioides* e *acutatum*. As espécies com maior ênfase em diferentes regiões do mundo são *C. scovillei* (complexo *acutatum*), *C. truncatum* (complexo *truncatum*) e *C. siamense* (complexo *gloeosporioides*) (Mongkolporn & Taylor, 2018). Silva et al. (2017) identificaram as espécies *C. brevisporum*, *C. scovillei*, *C. siamense*, *C. tropicale*, *C. truncatum* causando doença em *Capsicum* spp. no Nordeste brasileiro.

Estudos de patogenicidade têm mostrado que as diferentes espécies de *Colletotrichum* podem demonstrar infecção diferencial, dependendo do estágio de maturação dos frutos. Harp et al. (2008, 2014) observaram que *C. truncatum* normalmente infecta frutos maduros de pimenta. Já *C. acutatum* e *C. gloeosporioides* são mais comumente encontrados como patógenos de frutos imaturos e maduros.

As espécies de *Colletotrichum* podem causar danos em todas as fases de desenvolvimento do hospedeiro. No entanto, maiores implicações surgem na época da pós-colheita, uma vez que este patógeno apresenta quiescência (Ali et al., 2016), iniciando sua colonização de forma biotrófica sob a forma de estruturas (apressórios) em tecidos dos frutos imaturos. Porém, não há a expressão de sintomas da antracnose. Com o amadurecimento dos frutos, o fungo passa para a fase necrotrófica, tornando os sintomas visíveis. Esse modo de infecção é denominado de hemibiotrófico (Gan et al., 2012; O'Connell et al., 2012; Prusky et al., 2013; Sahitya et al., 2014).

A antracnose, tem como sintomas característicos nos frutos, a formação de lesões necrosadas, depressivas e com anéis concêntricos úmidos denominados acérvulos (Than et al., 2008). Tais características favorecem a redução da qualidade de mercado dos frutos e também a sérias perdas na pré e pós-colheita (Park et al., 2012; Pandey e Gupta, 2015). No Brasil, tem sido relatada perdas de até 100% em lavouras com cultivares de pimenta e pimentão suscetíveis (Reis et al., 2009; Pereira et al., 2016).

Os fungos *Colletotrichum* normalmente necessitam de água livre ou umidade relativa acima de 95% por cento para a germinação de conídios e formação de apressórios. A infecção geralmente é favorecida em temperaturas que variam de 20 a 30 °C. No caso de ambientes secos, o patógeno fica inativo e somente quando encontra condições ambientais favoráveis muda para estádios ativos (Sharma e

Kulshrestha, 2015). Os mecanismos de infecção podem mudar de acordo com a espécie.

O uso de cultivares resistentes é o método mais econômico, sustentável e ambientalmente correto (Park et al., 2012; Sun et al., 2015). No entanto, ainda não há cultivares de pimentão resistente à antracnose disponíveis para comercialização, mesmo com fontes de resistência já identificadas em *C. chinense* e *C. baccatum* (Mongkolporn e Taylor, 2011), mais recentemente, *C. annuum* (Bento et al., 2017).

3.1.2.3. Resistência à antracnose em *Capsicum* spp.

Desenvolver cultivares de *Capsicum* spp. resistentes à antracnose, é um desafio aos melhoristas. Uma complexidade envolve o patossistema *Capsicum* - *Colletotrichum*. A herança da resistência varia dependendo da espécie de *Colletotrichum* e do isolado, da fonte de resistência utilizada, e também do estágio de maturação dos frutos (Pakdeevaporn et al., 2005; Kim et al., 2010; Lee et al., 2010; Silva et al., 2014; Ying et al., 2015).

Contudo, os acessos PBC932 (*C. chinense*), PBC80 e PBC81 (*C. baccatum*) foram identificados no *Asian Vegetable Research Development Center* (AVRDC) e são considerados como as principais fontes de resistência à antracnose, tornando-os conhecidos mundialmente por essa característica (Pakdeevaporn et al., 2005; Mahasuk et al., 2016). Os acessos PBC932 e PBC80 têm sido as principais fontes de resistência à antracnose utilizada por melhoristas asiáticos como genitores doadores para obtenção de populações para estudos de herança (Pakdeevaporn et al., 2005, Mahasuk et al., 2009ab;2013) bem como para mapeamento de QTL's correspondentes às resistências à antracnose (Ying et al., 2015; Mahasuk et al., 2016).

Genes de resistência à antracnose foram descritos por Pakdeevaporn et al. (2005) e Mahasuk et al. (2009a), a partir de cruzamentos interespecíficos entre o acesso PBC932 (*C. chinense*) com 'Bangchang' (*C. annuum*). Nesses trabalhos, os genes *co1*, *co2* e *co3* foram identificados conferindo resistência aos frutos verdes, frutos vermelhos e as plantas na fase de mudas, respectivamente, quando se utilizou o isolado de *C. capsici* '158ci'. Além disso, Mahasuk et al. (2009b) encontraram os genes *co4* e *Co5* (conferindo resistência a frutos verdes e

vermelhos, respectivamente), quando avaliaram progênies de *C. baccatum*, oriundas do cruzamento entre PBC80 x PBC1422, utilizando isolados de *C. capsici* e *C. acutatum*.

Silva et al. (2014), avaliando acessos da coleção de germoplasma de *Capsicum* spp. da UENF, identificaram os acessos UENF 1718 e UENF 1797 com potencial para serem usados em programas de melhoramento que visem o desenvolvimento de cultivares resistentes à antracnose. Ambos são da espécie *C. baccatum* var. *pendulum*. De acordo com Park et al. (2009), essa espécie possui elevados níveis de resistência à antracnose quando comparadas com outras espécies do gênero *Capsicum*, tornando-se uma importante fonte de recursos genéticos para essa característica.

Em outro trabalho foram avaliados 54 genótipos pertencentes às espécies *C. annuum* var. *annuum*, *C. annuum* var. *glabriusculum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, e *C. baccatum* var. *pendulum* (Bento et al., 2017). Os autores identificaram o acesso UENF 1381 como altamente resistente à antracnose no estágio imaturo e moderadamente resistente no estágio maduro. Este mesmo acesso já vem sendo utilizado com sucesso no programa de melhoramento de *Capsicum* visando resistência à mancha bacteriana (Costa et al., 2002; Riva et al., 2003, 2004; Riva-Souza et al., 2005, 2007, 2009; Moreira et al., 2009, 2013; Pimenta et al., 2016; Graça et al., 2020).

Baba et al. (2018) realizaram um estudo de quantificação dos metabólitos secundários em frutos imaturos e maduros do acesso UENF 1381 em interação com *C. gloeosporioides*. O acesso apresentou alta concentração de ácido cafeico (precursor das fitoalexinas que atuam contra *C. gloeosporioides*) (Park et al., 2012) e ácido clorogênico que atua contra *Alternaria alternata* em tomate (Ruelas et al., 2006). Um estudo anterior observou altas quantidades de ácido clorogênico na zona limítrofe de infecção por *C. coccodes* em tecidos de pimentão, e sua presença inibiu a disseminação do fungo (Mikulic-Petkovsek et al., 2013).

O ácido cafeico apresenta atividade antimicrobiana e tem participação na biossíntese de lignina (Son et al., 2014). A lignificação pode contribuir para a resistência dos frutos contra patógenos de várias maneiras, tais como: i) degradação de enzimas secretadas pelo patógeno; ii) barreira que impede o movimento livre de nutrientes e, portanto, ajuda a privar o patógeno; e iii) desacelerar o processo de penetração (Tian et al., 2016).

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Condições experimentais

O experimento foi realizado em uma área da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), localizada em Campos dos Goytacazes (latitude sul 21° 42' 55" S, longitude 41° 20' 39" W), Norte do Estado do Rio de Janeiro, com 11 m de altitude. O clima desse município é caracterizado como tropical úmido (Aw), com verões quentes e invernos amenos, de acordo com a classificação de Köppen (1948). Os valores de precipitação pluviométrica e temperatura média observados durante a realização do experimento são apresentados na Figura 1.

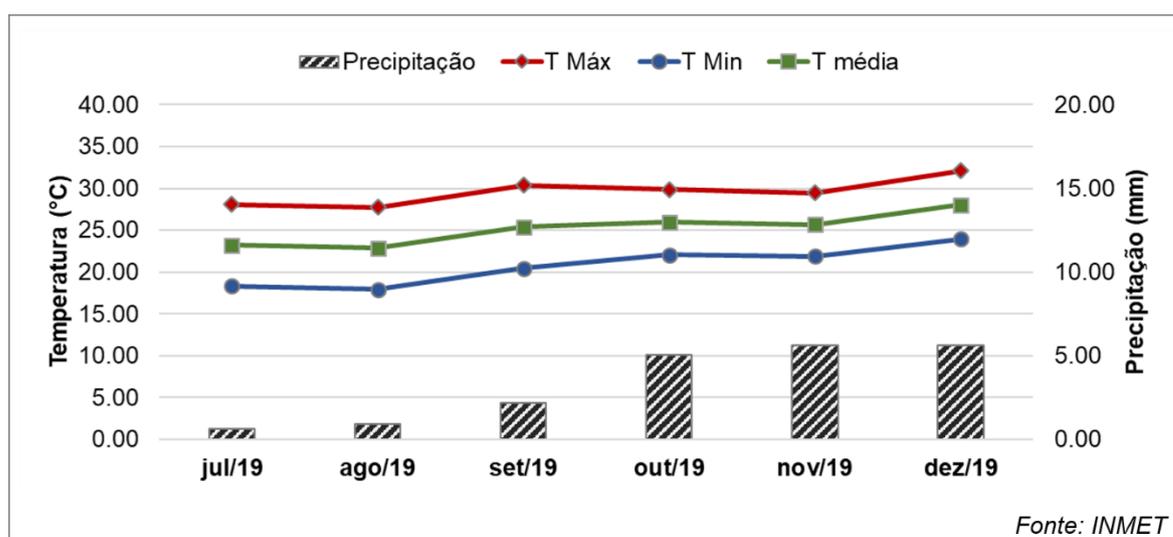


Figura 1. Valores médios mensais de temperatura máxima, mínima e média (°C), e precipitação total (mm) observados durante os meses de julho a dezembro de 2019 na estação do município de Campos dos Goytacazes (OMM: 83698).

Antes da implementação do experimento, foi realizada a análise química do solo da área experimental, na profundidade de 0 a 20 cm (Tabela 1). A interpretação das análises, a correção do pH e a adubação mineral foram realizadas com base no manual de calagem e adubação do Estado do Rio de Janeiro (Freire et al., 2013).

Tabela 1. Atributos químicos do solo da área experimental localizada no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes, RJ, na profundidade de 0 a 20 cm.

Resultado da análise química de solo									
pH	P	K	Ca	Mg	Al	H+Al	Na	C	MO
H ₂ O	--mg dm ³ --		-----cmol _c dm ³ -----					-----%-----	
5,5	25	321	1,8	0,8	0,00	3,38	0,12	1,47	2,53
SB	T	t	m	V	Fe	Cu	Zn	Mn	
-----cmol _c dm ³ -----		-----%-----		-----mg dm ³ -----					
3,5	6,9	3,5	0,0	51,2	46,7	1,4	5,3	10,8	

SB: soma de bases; m: saturação por alumínio; V: saturação de bases; T: capacidade de troca de cátions a pH 7,0; t: capacidade de troca de cátions efetiva.

3.1.3.2. Material vegetal e condução experimental

Trinta e seis progêneses F_{4:5} de *C. annuum* var. *annuum* que foram selecionadas por serem resistentes à antracnose, foram desenvolvidas pelo método genealógico (Araújo et al. 2019) (Figura 2). O cruzamento entre os genitores UENF 2285 – P₁, pimentão que possui frutos de formato quadrado, com características agrônômicas desejáveis, e suscetível à antracnose, e UENF 1381 – P₂, pimenta com frutos alongados, e fonte de resistência à antracnose (Bento et al. 2017), originou essas progêneses (Silva et al. 2017). Foi utilizada a cultivar Ikeda como testemunha para comparação fenotípica.

As mudas F_{4:5} foram produzidas em casa de vegetação, usando bandejas de poliestireno com 128 células e substrato comercial Vivatto®, e transplantadas para a área experimental quando formaram dois pares de folhas definitivas. Cada progênie foi composta por cinco plantas, totalizando 180 indivíduos que foram avaliados individualmente, cultivados em linhas, sem repetição e espaçamento de 0,6 m entre fileiras e 0,5 m entre plantas. As plantas foram tutoradas e irrigadas por gotejamento. Os canteiros foram cobertos com *mulching*. Foram feitas duas adubações, uma de fundação e outra de cobertura (apenas com sulfato de amônia), 30 dias após o transplante, conforme análise de solo.

3.1.3.3. Fenotipagem em resposta à infecção por *C. scovillei*

Para o preparo do inóculo e avaliação da resistência à antracnose nos frutos, foi utilizado o isolado de *C. scovillei* identificado como UEL8.1 U (números de acesso do *GenBank* MN121780, MN121791, MN121802, MN121811 e MN121822) obtido a partir de pimentão com sintomas da doença coletado em Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil (Almeida et al. 2019; Giacomini et al. 2020). Antes do preparo da suspensão de conídios, o isolado foi crescido em meio de cultura BDA (Batata-Dextrose-Ágar), pH 7,0, e incubado em BOD à temperatura de 28 °C, sob fotoperíodo de 12 h, durante sete dias. Após esse processo, a suspensão de conídios foi preparada em água deionizada e esterilizada, ajustada à concentração de aproximadamente $1,0 \times 10^6$ conídios. mL⁻¹, em câmara de Neubauer e microscópio óptico (Silva et al. 2014).

De cada planta foram colhidos três frutos imaturos, aos 35 dias após a antese, e três frutos maduros, aos 50 dias após a antese. Posteriormente, esses frutos foram levados para o laboratório, onde foi realizada a retirada do pedicelo e realizada a desinfestação com álcool 70% por 1 min e solução de hipoclorito de sódio (0,2% de cloro ativo) por 5 min.

Em seguida, os frutos foram triplamente lavados com água deionizada estéril, secos em papel toalha e colocados em bandejas de isopor previamente desinfestadas. Cada fruto foi inoculado em dois locais diferentes, no qual duas doses de 10 µL da suspensão foram depositadas entre o centro e o ápice, e entre o centro e o cálice do fruto. Após a deposição da suspensão, foi feito um ferimento com agulha entomológica, na profundidade aproximada de 1 mm. Um controle negativo foi estabelecido para cada um dos indivíduos, inoculando-se um fruto de cada indivíduo apenas com água deionizada e esterilizada na quantidade de 10 µL. Após a inoculação, os frutos devidamente identificados foram colocados em câmara úmida, à temperatura ambiente em condições de laboratório (± 28 °C).

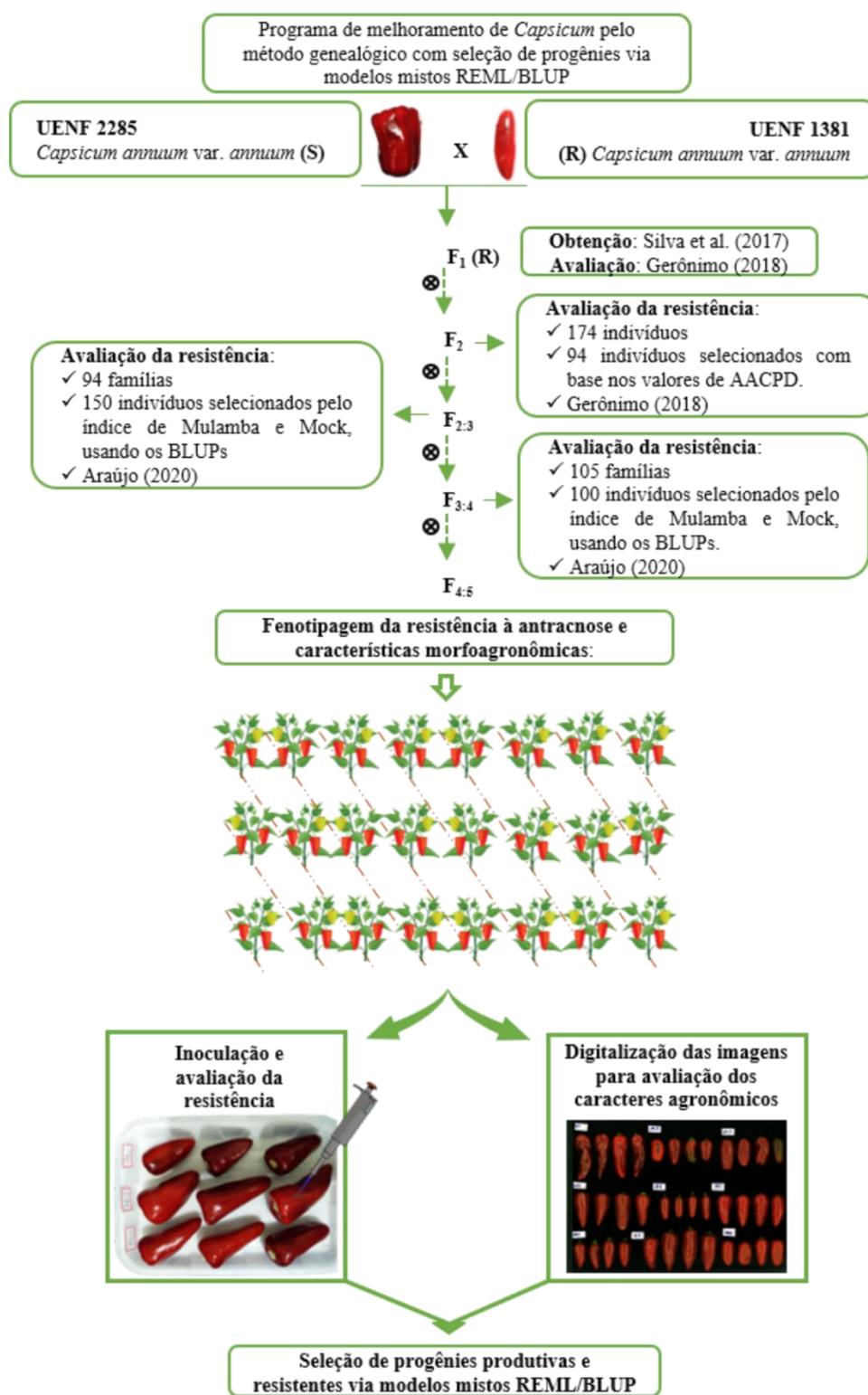


Figura 2. Fluxograma para obtenção e seleção de progênes de *Capsicum annuum* var. *annuum* pelo método genealógico.

A severidade observada nos frutos foi quantificada a partir de observações diárias realizadas sempre no mesmo horário, com uma escala de notas proposta por Montri et al. (2009) variando de zero a nove, em que: 0 = altamente resistente; 1 = resistente; 3 = moderadamente resistente; 5 = moderadamente suscetível; 7 = suscetível; e 9 = altamente suscetível. A avaliação iniciou-se 24 horas após a inoculação, observando-se o Período de Incubação (PI) e o Período Latente (PL).

O PI corresponde ao período em dias entre a inoculação do patógeno até o aparecimento dos primeiros sintomas da doença no fruto. O PI foi considerado quando os frutos apresentaram necrose e lesão com aproximadamente 1 mm de diâmetro. O PL é o período em dias entre a inoculação do patógeno até a esporulação do fungo sobre o fruto, em forma de mucilagem, quando essa se tornou perceptível a olho nu.

A Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD) foi calculada usando-se a seguinte equação:

$$AACPD = \sum_1^{n-1} \left(\frac{y_i + y_{i+1}}{2} \right) (t_{i+1} - t_i)$$

em que n é número de observações, y_i é severidade da doença na “i”-ésima observação e t_i é tempo em dias na “i”-ésima observação (Campbell e Madden, 1990).

3.1.3.4. Fenotipagem dos caracteres morfoagronômicos

Seis características agronômicas quantitativas foram avaliadas: número de frutos por planta (NF); comprimento médio de frutos (CF); diâmetro médio de frutos (DF); espessura média do pericarpo de frutos (EP); número de lóculos por fruto (NL); e a massa fresca total de frutos (MF). Todas as avaliações foram realizadas conforme os descritores para *Capsicum* spp. (IPGRI, 1995).

As variáveis CF e DF foram expressas em milímetros, obtidas em uma amostra de quatro frutos por planta. Para a análise das variáveis NL e EP, foram analisados três frutos por planta. Essas quatro variáveis foram analisadas por meio de imagens digitalizadas, utilizando um *scanner Plustek OpticPro A320*, com resolução de 300 dpi, 24 bits de intensidade e 3508 x 4962 pixels de dimensão. As imagens geradas no espaço RGB (Red, Green, Blue) foram processadas e analisadas com o programa de domínio público *ImageJ* versão 1.52a.

Os frutos selecionados aleatoriamente para análise do comprimento e diâmetro foram cortados longitudinalmente, escaneados e as imagens foram processadas e segmentadas utilizando o algoritmo de Huang e Wang (1995) e mensuradas por meio da análise de partículas (Figura 3). Os parâmetros morfométricos *Maximum* e *Minimum Feret Diameter*, presentes no *ImageJ*, foram utilizados como correspondentes ao comprimento e diâmetro do fruto, respectivamente.

Outra amostra de três frutos, na qual os frutos foram cortados transversalmente, foi utilizada para a análise das variáveis número de lóculos e espessura do pericarpo, sem necessidade de processamento das imagens. A espessura do pericarpo foi mensurada utilizando a ferramenta *Straight/Line* no *ImageJ*. Os valores para a variável *Length* foram utilizados como correspondentes à espessura do pericarpo.

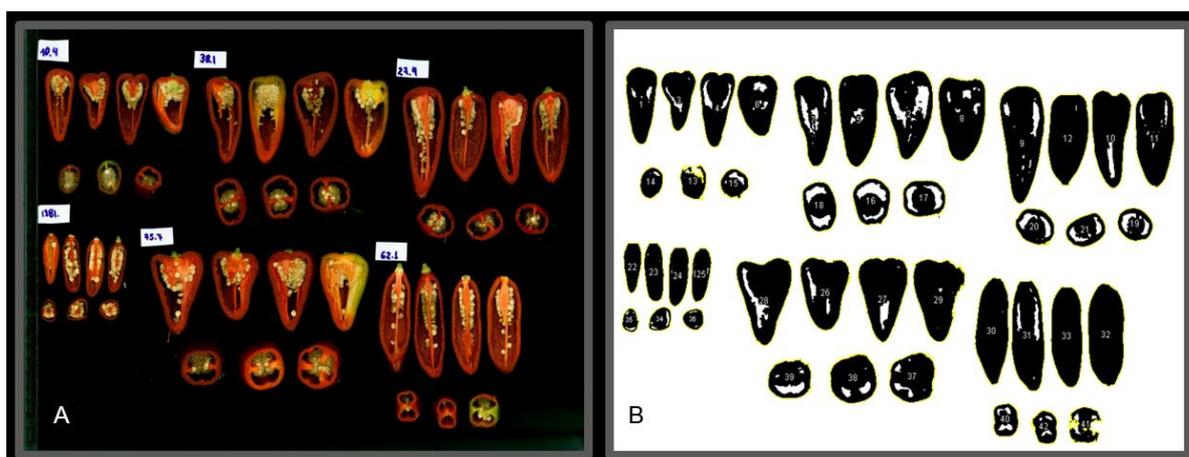


Figura 3. Processamento de imagens escaneadas (A) e análise de partículas (B) em frutos de *Capsicum annuum* var. *annuum* usando o software *ImageJ*

Por fim, foi feita a análise qualitativa de capsaicina (presença ou ausência). O teste foi feito com amostras das placentas de três frutos de cada planta, colocadas em microtubos tipo *ependorf* contendo 3 mL de solução de vanadato de amônio, conforme metodologia de Derera (2000), com adaptações de Moreira et al. (2010).

3.1.3.5. Análises estatísticas

A partir das observações fenotípicas foram obtidas as estimativas dos componentes de variância pelo método da *Restricted Maximum Likelihood* (REML individual) e a predição dos valores genéticos foram estimados pelo *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP individual), via software SELEGEN-REML/BLUP (Resende 2016), utilizando-se o modelo 60, indicado para avaliação de experimentos em um local sem delineamento experimental, com linhagens derivadas de um só cruzamento ou população F_2 , em que as linhagens são semeadas em linhas, sem repetição, e as avaliações feitas em nível de plantas.

Foi adotado o seguinte modelo: $y = Xr + Za + e$, em que y , r , a , e são os vetores de dados, efeitos de repetição (assumidos como aleatórios) somados à média geral, efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), erros ou resíduos (aleatórios), respectivamente, e X e Z representam as matrizes de incidência que associam r e a ao vetor de dados y , respectivamente. As equações de modelos mistos para este modelo foram (Resende 2016):

$$\begin{bmatrix} \hat{R} \\ \hat{a} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X'XX'Z \\ Z'XZ'Z + \lambda_1 \end{bmatrix}$$

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

Em que A^{-1} é a matriz de parentesco genético aditivo.

Para testar o efeito do modelo e inferir sobre a significância dos efeitos genotípicos, foi feita a análise de *deviance* (ANADEV), conforme Viana e Resende (2014), seguindo o modelo:

$$\begin{aligned} D &= -2 \ln(L) \\ \ln(L) &= -1/2 \ln|X'V^{-1}X| - 1/2 \ln|V| \\ &\quad -1/2(y - Xm)'V^{-1}(y - Xm) \end{aligned}$$

Em que $\ln(L)$ é o logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança (REML) (Patterson e Thompson, 1971); y é o vetor da variável analisada; m é o vetor dos efeitos de medição, nos quais se presumem ser corrigido e resumido para

todos os meios; \mathbf{X} é a matriz de incidência para os efeitos aleatórios; e \mathbf{v} é a variância e matriz de covariância de \mathbf{y} .

O teste da razão de verossimilhança (LRT) foi usado para testar a significância dos efeitos, no qual foi obtida por: $|-2\ln(L_{se}) + 2\ln(L_{mc})|$, em que L_{se} é o ponto de máximo da função de verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos), e L_{mc} é o ponto de máximo da função de verossimilhança para o modelo completo.

Os estimadores REML usados para a obtenção das estimativas dos componentes de variância σ_a^2 e σ_e^2 , foram:

$$\sigma_a^2 = \frac{\hat{a}A^{-1}\hat{a} + \sigma_e^2 TrC^{22}}{NA}$$

$$\sigma_e^2 = \frac{[yy - \hat{b}xy - \hat{a}Zy]}{N - r(X)}$$

Em que $Tr =$ é o operador traço matricial, dado pela soma dos elementos da diagonal da matriz; $NA =$ número de indivíduos; $N =$ número total de observações; $r(X) =$ o posto ou número de colunas linearmente independentes de X ; e C^{22} é a seguinte forma:

$$\begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_r^2} & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \end{bmatrix}$$

Os seguintes parâmetros genéticos foram estimados: σ_a^2 – variância genética entre as progênies; σ_e^2 – variância residual; σ_f^2 – variância fenotípica; σ_r^2 – variância entre repetições; h_a^2 – herdabilidade individual no sentido restrito; **Acprog** – precisão da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; h_{ad}^2 – herdabilidade aditiva dentro da progênie; **CVgi%** - coeficiente de variação genético aditivo individual; **Cve%** - coeficiente de variação residual; e o **CVr** – coeficiente de variação relativo. Os estimadores usados foram:

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

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2 + \sigma_r^2}$$

$$h_{ad}^2 = \frac{1}{2} \frac{\sigma_a^2}{\sigma_e^2}$$

$$CV_{gi} = \frac{100\sqrt{\sigma_a^2}}{\hat{m}}$$

$$CV_e = \frac{100\sqrt{\sigma_e^2}}{\hat{m}}$$

$$Acprog = \sqrt{h^2}; e$$

$$CVr = \frac{CV_{gi}}{CV_e}$$

A seleção individual foi realizada pelo índice de seleção de Mulamba e Mock (1978), modificado pela atribuição de pesos arbitrários distintos (*PA*) para cada variável, utilizando-se os valores do efeito genético aditivo predito (*a*) para cada característica (Resende et al. 2014). Foi atribuído o peso 150 para AACPD em frutos imaturos e maduros, no qual os ganhos com a seleção foram direcionados no sentido negativo. As demais variáveis foram direcionadas com ganhos positivos (PI, PL, CF, DF, EP, NF e MF), com exceção de NL que foi nulo. Foi utilizada a seguinte equação:

$$PA_{(i)} = 150r_{iAUDPC} + r_{iFL} + \dots + r_{iFM}$$

Em que *PA* é o valor do índice de Mulamba e Mock modificado pela atribuição de pesos arbitrários associado à planta *i*; *r* é o valor do rank associado ao valor genético aditivo predito (BLUP) da planta *i* relativo a cada variável (AACPDI, AACPDM, PII, PIM, PLI, PLM, NF, CF, DF, EP, NL e MF).

As plantas com menores valores para o índice foram selecionadas, aplicando-se uma intensidade de seleção de 40%. As plotagens gráficas foram feitas com o programa *R core team* (2020), usando o pacote '*ggplot2*' (Wickham 2016).

3.1.4. RESULTADOS

3.1.4.1. Análise de Deviance, parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos

Foi verificada diferença significativa para AACPD e PL em frutos imaturos e maduros, período de incubação em frutos imaturos, número de frutos, comprimento de frutos, diâmetro de frutos e peso de frutos, de acordo com o teste de Qui-quadrado a 1% de probabilidade. Deste modo, observa-se a existência de variabilidade genética entre as progênes avaliadas, o que tornou possível a seleção de genótipos superiores com base nessas características.

O menor valor de h^2a foi estimado para a característica NL (0,107) e a maior para IP em frutos imaturos (0,594) (Tabela 3). Observando as variáveis relacionadas à resistência, verificam-se valores de média magnitude (0,497, 0,249, 0,273, 0,479 e 0,301, para AACPD em frutos imaturos e maduros, IP em frutos maduros, LP em frutos imaturos e maduros, respectivamente).

Para as características de fruto, a variável comprimento de fruto obteve o maior valor de h^2a (0,560). Assim como as variáveis relacionadas à resistência, as características agrônômicas também obtiveram valores de magnitude média (0,424, 0,468, 0,424, 0,482 e 0,482, para número de frutos, diâmetro de frutos, espessura do pericarpo e massa de frutos, respectivamente).

A acurácia seletiva de progênes variou de baixa a alta, conforme Resende e Duarte (2007). Altos valores de acurácia foram estimados para período de incubação em frutos imaturos (0,771), comprimento de frutos (0,748) e AACPD em frutos imaturos (0,705). Valores moderados foram obtidos para período de incubação em frutos maduros (0,523), período latente em frutos imaturos e maduros (0,692 e 0,549), número de frutos (0,651), diâmetro de frutos (0,684), espessura do pericarpo (0,651) e massa de frutos (0,694). Os menores valores foram estimados para AACPD em frutos maduros (0,499) e número de lóculos (0,327).

Tabela 2. Estimativas de desvio para características de resistência à antracnose¹ e morfoagronômicas² de 36 progênies F_{4:5} de *Capsicum annuum* (Município de Campos dos Goytacazes, Estado do Rio de Janeiro, Brasil, 2019).

	AACPDI		AACPDM		PII	
Efeito	Deviance	LRT(χ^2)	Deviance	LRT(χ^2)	Deviance	LRT(χ^2)
Genótipo	1655,51	110,00**	954,22	14,16**	565,11	159,58**
Modelo completo	1545,51		940,06		405,53	
	PIM		PLI		PLM	
Efeito	Deviance	LRT(χ^2)	Deviance	LRT(χ^2)	Deviance	LRT(χ^2)
Genótipo	-57,34	0,00 ^{NS}	565,11	161,88**	272,84	19,7**
Modelo completo	-93,32		403,43		253,14	
	NF		CF		DF	
Efeito	Deviance	LRT(χ^2)	Deviance	LRT(χ^2)	Deviance	LRT(χ^2)
Genótipo	1160,92	25,69**	1.115,33	67,48**	816,59	38,23**
Modelo completo	1135,23		1.047,85		778,36	
	EP		NL		MF	
Efeito	Deviance	LRT(χ^2)	Deviance	LRT(χ^2)	Deviance	LRT(χ^2)
Genótipo	-62,18	0,00 ^{NS}	-131,96	0,00 ^{NS}	2.103,12	41,60**
Modelo completo	-95,60		-134,78		2.061,52	

LRT (χ^2) = *likelihood ratio test*. LRT-Quadrado tabelado; 3.84 e 6.63 para os níveis de significância de 5 * e 1 ** %, respectivamente. ^{NS} não significativo, ¹AACPDI área abaixo da curva de progresso da doença em frutos imaturos, ACCPDM área abaixo da curva de progresso da doença em frutos maduros, PII período de incubação em frutos imaturos; PIM período de incubação em frutos maduro, PLI período latente em frutos imaturos, PLM período latente em frutos maduros, ²NF número de frutos por planta, CF comprimento médio de frutos, DF diâmetro médio de frutos, EP espessura média do pericarpo, NL número de lóculos, MF massa média de frutos.

Tabela 3. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as variáveis de resistência à antracnose e características morfoagronômicas de frutos³ em 36 progênies F_{4:5} de *C. annuum* var. *annuum*

Parâmetros ¹	AACPD ²	AACPDM	PII	PIM	PLI	PLM	NF	CF	DF	EP	NL	MF
σ^2a	34,149	17,344	1,30	0,064	0,865	0,488	99,336	94,507	15,97	1,111	0,018	0,020
σ^2e	34,502	52,419	0,880	0,171	0,940	1,133	134,844	74,339	18,12	1,501	0,154	0,021
σ^2f	68,651	69,763	2,170	0,235	1,805	1,621	234,180	168,846	34,10	2,610	0,173	0,041
h^2a	0,497	0,249	0,594	0,273	0,479	0,301	0,424	0,560	0,470	0,425	0,107	0,482
Acprog	0,705	0,499	0,771	0,523	0,692	0,549	0,651	0,748	0,680	0,651	0,327	0,694
h^2ad	0,495	0,165	0,732	0,188	0,460	0,216	0,368	0,636	0,441	0,368	0,060	0,465
CVgi%	49,776	26,029	27,083	7,552	14,156	11,780	56,726	16,102	12,60	12,105	6,043	50,508
CVe%	50,033	45,251	22,282	12,344	14,757	17,950	66,091	14,281	13,36	14,105	17,677	51,755
CVr	0,995	0,575	1,215	0,612	0,959	0,656	0,858	1,128	0,939	0,858	0,342	0,976
Média	11,74	16,00	4,21	3,35	6,57	5,93	17,57	60,37	31,85	2,70	2,22	0,280
UENF 2285 – Suscetível												
Média	31,90	29,50	2,80	2,00	4,00	4,00	14,00	64,80	52,70	4,10	3,00	0,919
Mínimo	26,50	26,50	2,00	2,00	3,00	2,00	11,00	61,30	48,50	3,60	3,00	0,304
Máximo	34,50	33,50	3,00	4,00	4,00	4,00	17,00	68,20	56,90	4,70	3,00	1,450
UENF 1381 – Resistente												
Média	3,12	4,29	6,10	3,90	7,85	7,95	121,00	43,00	17,50	1,60	2,00	0,510
Mínimo	1,25	3,50	4,33	3,60	7,00	7,00	54,00	35,50	14,20	1,30	2,00	0,304
Máximo	4,17	5,17	8,00	4,00	8,00	8,00	200,00	53,50	24,10	2,00	2,00	0,736
Controle comercial – Pimentão Ikeda												
Média	24,21	24,50	2,71	2,00	5,00	5,00	5,00	90,80	64,60	4,90	3,00	0,513
Mínimo	22,50	20,50	2,00	2,00	5,00	5,00	4,00	81,70	56,40	3,05	3,00	0,114
Máximo	26,50	26,50	3,00	3,00	5,00	5,00	10,00	101,20	72,80	5,01	3,00	0,966

^{1/1}Variância genética entre progênies (σ^2a), variância residual (σ^2e), variância fenotípica (σ^2f), herdabilidade individual no sentido restrito (h^2a), herdabilidade aditiva dentro da progênie (h^2ad), acurácia da seleção da progênie, assumindo sobrevivência completa (Acprog), coeficiente de variação genética aditiva individual (CVgi), coeficiente de variação residual (CVe), coeficiente de variação relativa (CVr) e média geral. ^{2/}Área abaixo da curva de progresso da doença em frutos imaturos (AACPD²) e maduros (AACPDM), período de incubação em frutos imaturos e maduros (PII e PIM), período latente em frutos imaturos e maduros (PLI e PLM), ^{3/}número de frutos (NF), comprimento de frutos em mm (CF), diâmetro de frutos em mm (DF), espessura do pericarpo do fruto em mm (EP) e massa de frutos em Kg (MF)

Os valores de herdabilidade aditiva dentro de progênies (h^2_{ad}) foram similares aos de herdabilidade individual (h^2_a), variando de 0,060 para número de lóculos a 0,732 para período de incubação em frutos imaturos.

Observando as estimativas do coeficiente de variância genética aditiva individual ($CV_{gi}\%$), verifica-se alto potencial para seleção de indivíduos resistentes e produtivos, de acordo com os valores para AACPD (49,776%), número de frutos (56,726%), e massa média de frutos (50,508%). Quanto ao coeficiente de variação relativa (CV_r), as variáveis IPR e CF obtiveram valores acima da unidade (1,215 e 1,128, respectivamente). Valores acima de 0,80 foram observados para a maioria das variáveis analisadas.

3.1.4.2. Seleção das melhores plantas $F_{4:5}$

Foi aplicada uma pressão de seleção de 40% sobre os 180 indivíduos avaliados, totalizando 73 indivíduos selecionados com base no índice de soma de ranques proposto por Mulamba e Mock, levando em consideração os valores genéticos preditos (BLUPs).

Com base nos valores fenotípicos para AACPD, as 73 plantas selecionadas foram classificadas em seis níveis de resistência (Figura 4). Em frutos imaturos, 38,35% dos indivíduos foram classificados como altamente resistentes, 9,59% resistentes, 21,92% moderadamente resistentes, 15,07% moderadamente suscetíveis, 6,85% suscetíveis e 8,82% altamente suscetíveis. Para frutos maduros, foi obtido menor percentual de indivíduos classificados como altamente resistentes (4,10%). Na classe de resistentes foi totalizado 6,85% dos indivíduos. Com nível de resistência moderada foram classificados 30,77% dos indivíduos. Comparando a resistência entre os estádios de maturação dos frutos, observa-se maior nível de resistência em frutos imaturos.

Para a variável AACPD em frutos imaturos (figura 5A), considerada muito importante para a discriminação de genótipos resistentes, os efeitos genéticos aditivos preditos variaram de -9,61 a 0,12, e apenas quatro plantas obtiveram efeitos genéticos preditos positivos. Para os ganhos genéticos preditos, apenas uma planta obteve ganho negativo (-0,02). Porém, vale ressaltar que 47,94% das plantas selecionadas foram classificadas como altamente resistentes e resistentes nesse estágio de maturação. A nova média predita, que é a soma do ganho com a média geral observada para a variável, variou de 11,72 a 18,60, enquanto os valores fenotípicos das plantas $F_{4:5}$ oscilaram de 0,50 a 34,50.

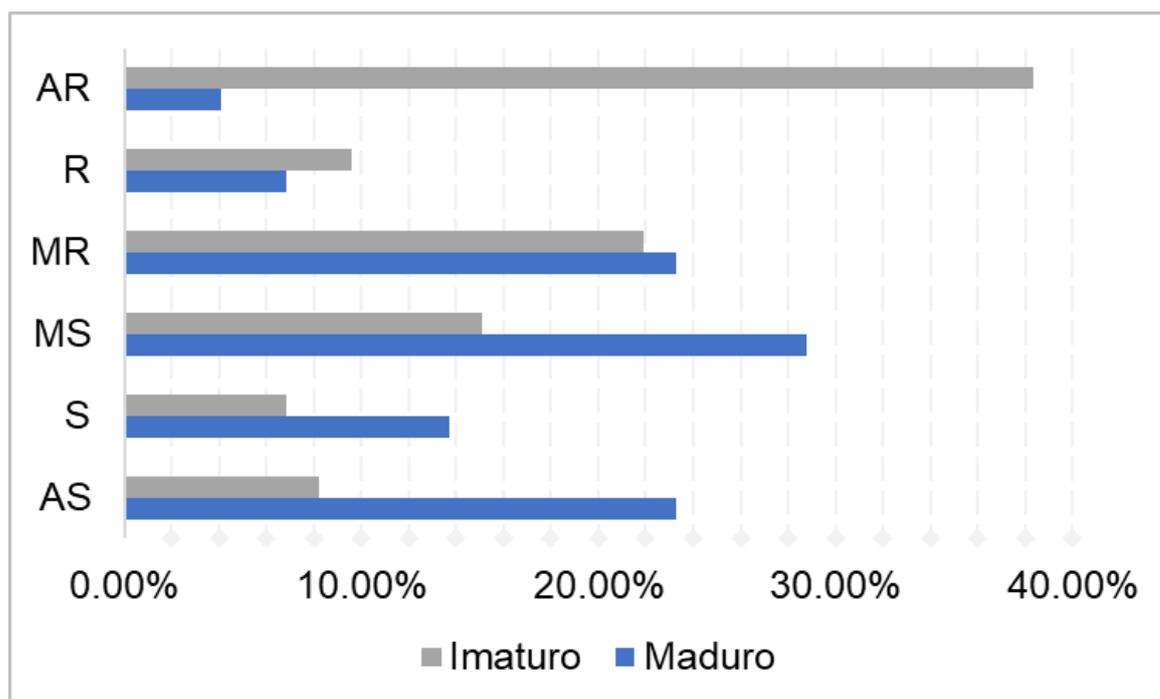


Figura 4. Percentual e classificação de resistência das 73 plantas selecionadas, considerando os valores de AACPD em frutos imaturos e maduros. AR: altamente resistente; R: resistente; MR: moderadamente resistente; MS: moderadamente suscetível; S: suscetível; AS: altamente suscetível.

Considerando os frutos maduros, os efeitos genéticos aditivos preditos para AACPD (figura 5B), foram superiores aos dos frutos imaturos, sendo que apenas oito plantas obtiveram valores negativos que variaram de -1,99 a -0,19 e as demais plantas com valores positivos (0,01 a 8,70). Os ganhos genéticos foram de 1,84 a 8,70, indicando a predição de menor resistência nesse estágio de maturação na próxima geração. A nova média predita variou de 17,84 a 24,70, confirmando maior suscetibilidade quando comparado aos frutos imaturos. Contudo, a maior média esperada (24,70) é menor que a observada para essa variável (38,50).

A variável período de incubação em frutos imaturos (figura 5C), teve variação para os efeitos genéticos preditos de -0,99 a 3,63, em que 64% das plantas selecionadas apresentaram efeitos genéticos positivos. Todas as plantas obtiveram ganhos genéticos preditos positivos (0,29 a 3,63), implicando no aumento da nova média predita que variou de 4,5 a 7,84 dias. O período latente no estágio imaturo (figura 5E) obteve variação dos efeitos genéticos preditos de -0,52 a 1,28, sendo que 94,50% das plantas selecionadas obtiveram efeitos positivos. Quanto ao ganho genético predito, todas as plantas obtiveram estimativas positivas, proporcionando altos valores para a nova média predita (7,06 a 7,85 dias).

Nos frutos maduros (figuras 5C-5D), para os quais se observou maior suscetibilidade, os efeitos genéticos preditos para o período de incubação variaram de -0,24 a 0,26, em que 18% das plantas selecionadas obtiveram valores positivos. Já para o período latente (figuras 5E-5F), os valores preditos para os efeitos genéticos variaram de -1,20 a 0,40, nos quais apenas 5,5% das plantas selecionadas obtiveram valores positivos. As novas médias preditas para o IP em frutos maduros variaram de 3,39 a 3,79 dias e o período latente variou de 5,97 a 6,73 dias.

Os ganhos genéticos preditos foram positivos para todas as características relacionadas à morfologia dos frutos (comprimento, diâmetro e espessura do pericarpo) (figuras 5A, 5B e 5C). As médias preditas variaram de 61,31 a 86,21 mm, 31,96 a 42,79 mm e 0,02 a 0,80 mm para o comprimento, diâmetro e espessura do pericarpo, respectivamente.

Para número de frutos (figura 6A), os efeitos genéticos preditos variaram de -13,14 a 41,00, em que 49,31% das plantas selecionadas obtiveram valores positivos. Os ganhos preditos variaram de -0,15 a 41,00 e a nova média predita variou de 17,42 a 58,57 frutos por planta. Para a variável massa média de frutos (figura 6B), os efeitos genéticos variaram de -0,208 a 0,432. Os ganhos genéticos preditos variaram de -0,001 a 0,432 e a nova média predita variou de 0,279 a 0,712 kg.

Observando os valores fenotípicos para as variáveis de resistência (figura 5), observaram-se médias inferiores ao genitor resistente (UENF 1381) em frutos imaturos, ou seja, plantas que expressaram maiores níveis de resistência nesse estágio de maturação. O mesmo não acontece com frutos maduros, porém, as plantas 51 (104.2.6.6), 70 (337.7.3.3) e 71 (250.10.5.4) expressaram níveis de resistência similares ao genitor resistente. A cultivar Ikeda expressou alta suscetibilidade em ambos os estádios de maturação.

Quanto às características morfoagronômicas, o genitor UENF 2285 superou todas as plantas selecionadas quando se considera a variável diâmetro de frutos. Contudo, observou-se plantas com maiores médias para comprimento de fruto, caracterizando indivíduos com frutos mais alongados, com tendência para formato de pimenta. A cultivar Ikeda obteve as maiores médias para comprimento e diâmetro de fruto, e espessura do pericarpo. Nove plantas dentre as 73 selecionadas não apresentaram capsaicina nos frutos. Todos os valores fenotípicos, valores de efeito aditivo, ganho genético, nova média predita e informações acerca da capsaicina podem ser verificadas no apêndice.

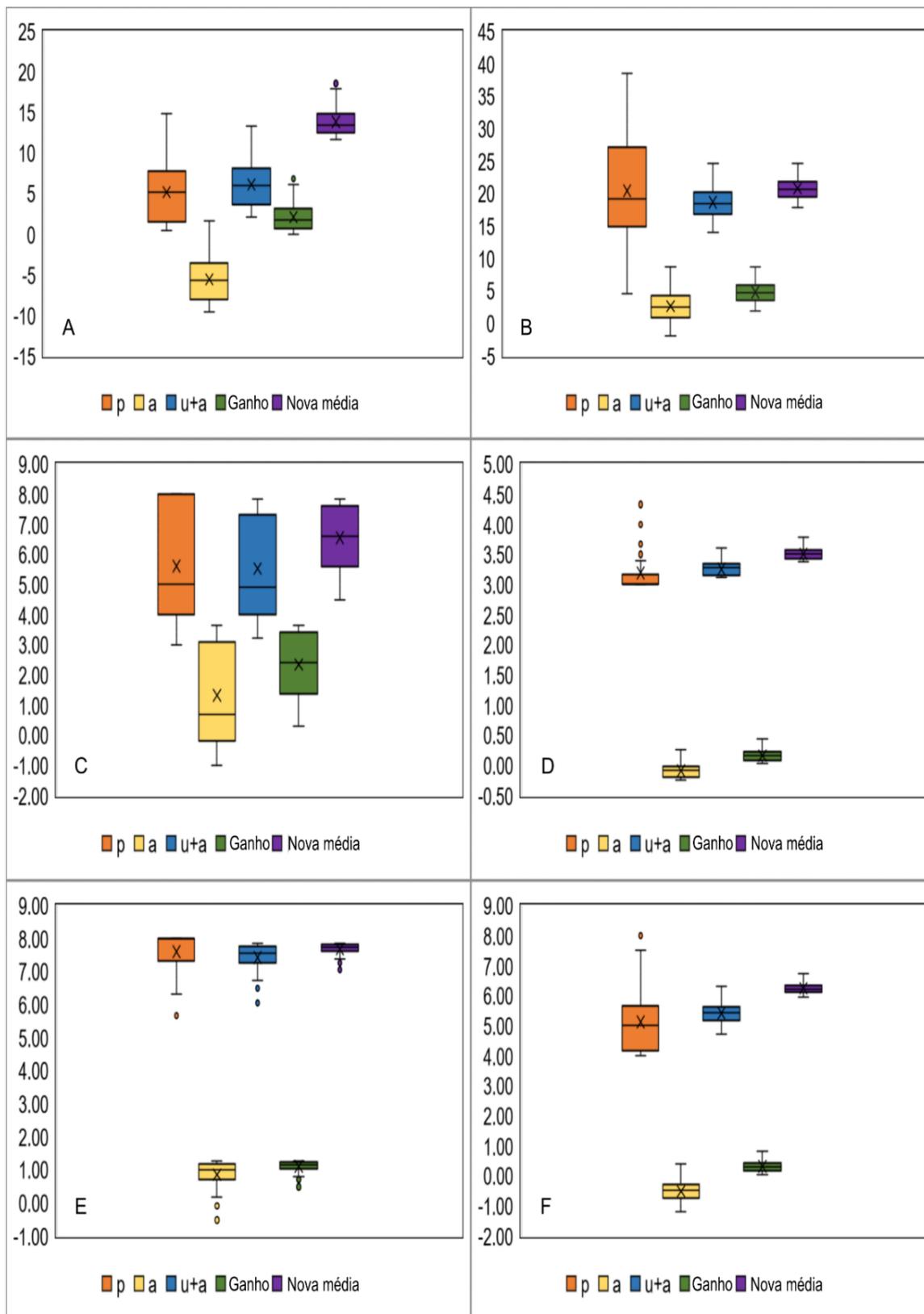


Figura 5. Boxplots mostrando a distribuição dos valores fenotípicos observados (p), efeitos genéticos aditivos (a), valores genéticos aditivos ($u+a$), ganho genético (ganho) e a nova média predita para seis variáveis de resistência nas 73 plantas $F_{4:5}$ superiores. A e B: área abaixo da curva de progresso da doença; C e D: período de incubação em frutos imaturos e maduros, respectivamente. E e F: período latente em frutos imaturos e maduros, respectivamente.

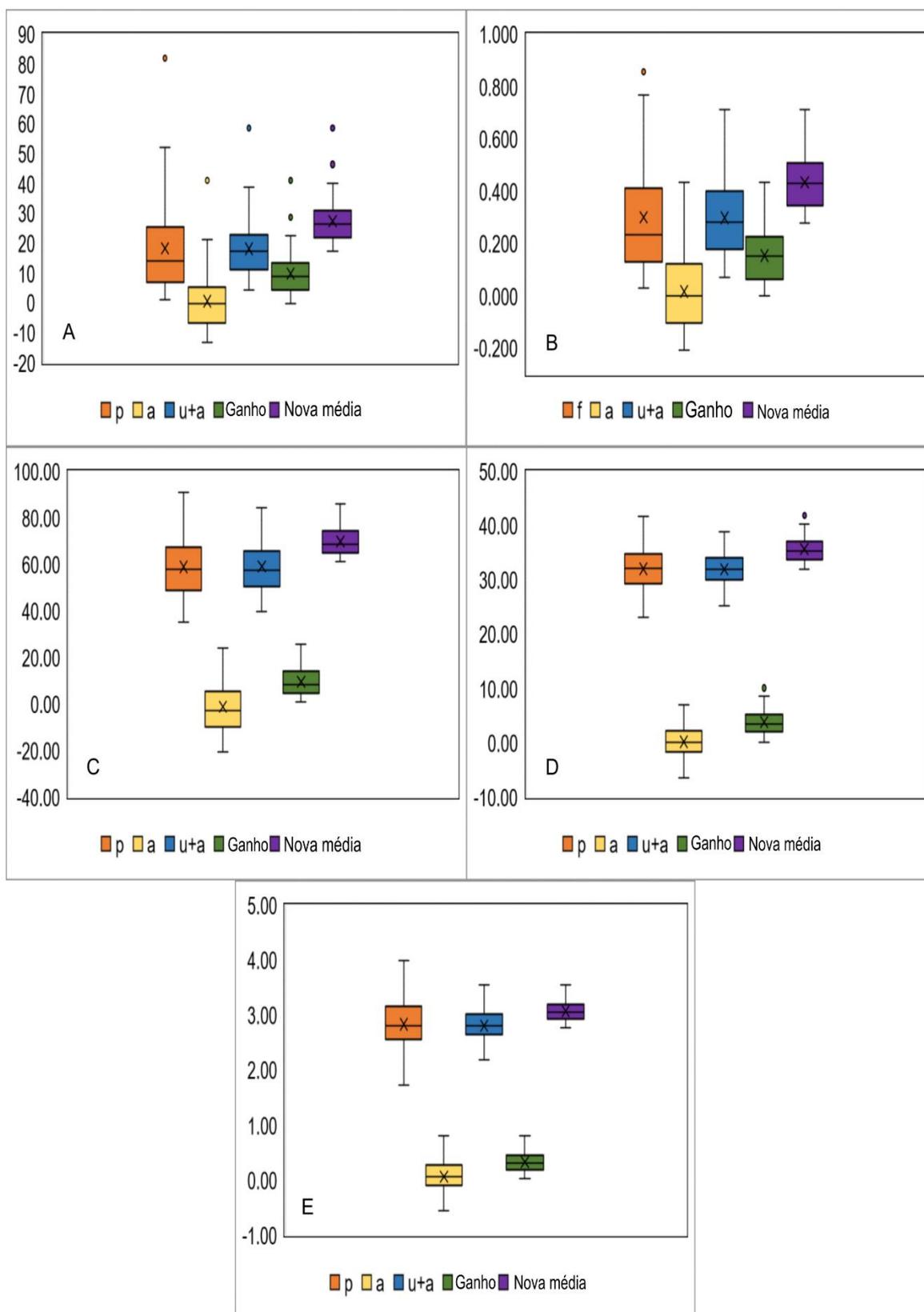


Figura 6. Boxplots mostrando a distribuição dos valores fenotípicos observados (p), efeitos genéticos aditivos (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético (ganho) e a nova média predita para seis variáveis de resistência nas 73 plantas F_{4:5} superiores. A: número de frutos; B: massa de frutos; C: comprimento de frutos; D: diâmetro de frutos; E: espessura do pericarpo.



Figura 7. Frutos de plantas que não apresentaram capsaicina nos frutos

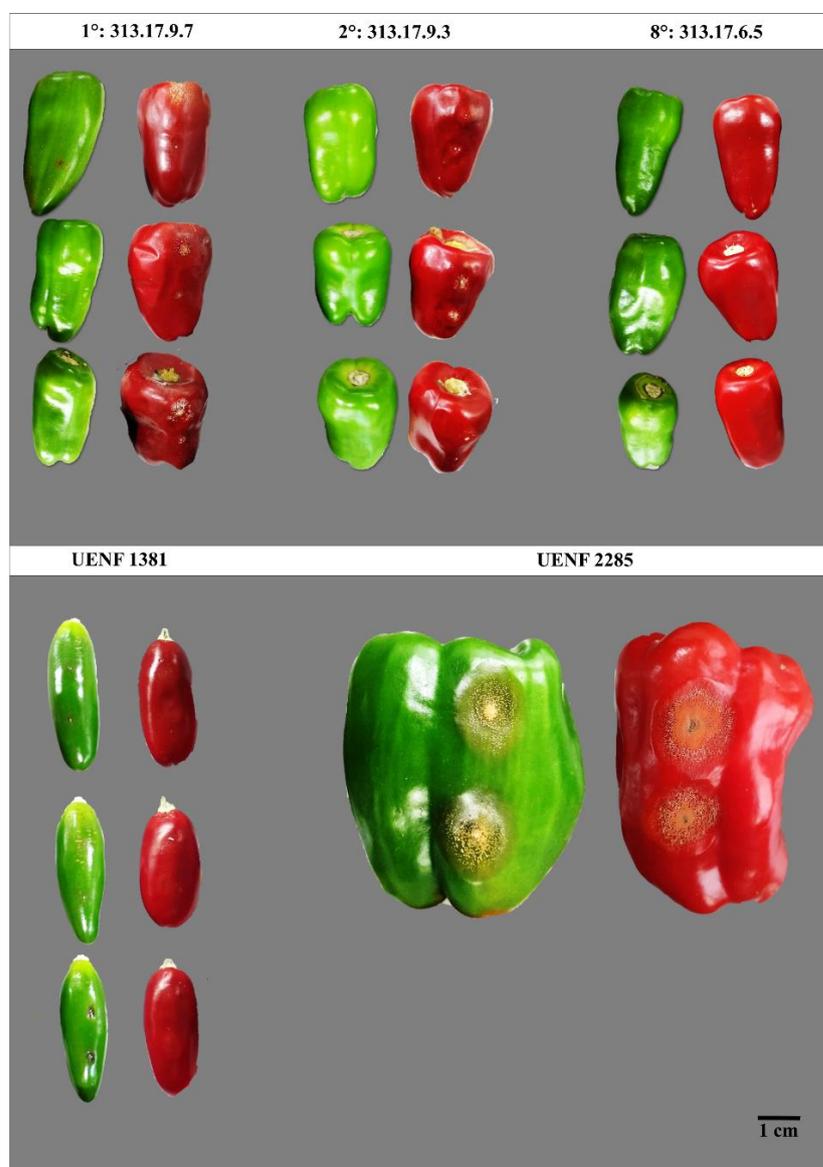


Figura 8. Fenótipo para severidade da antracnose em frutos imaturos e maduros de três plantas $F_{4:5}$ selecionadas e os parentais (UENF 1381 e UENF 2285) no sétimo dia após inoculação com *Colletotrichum scovillei*.

3.1.5. DISCUSSÃO

Desenvolver cultivares de pimenta e pimentão resistentes à antracnose tem sido um desafio para os melhoristas de plantas, principalmente devido à complexidade que envolve o patossistema *Capsicum* – *Colletotrichum*, no qual a resistência pode variar de acordo com o estágio de maturação do fruto, a espécie e o isolado fúngico, a fonte de resistência e o método de inoculação (Mongkolporn et al. 2010; Mahasuk et al. 2016; De Silva et al. 2021).

Giacomin et al. (2020) estudaram a herança da resistência na interação *C. annuum* x *C. scovillei* sob inoculação por meio de injeção. Os autores observaram reação de resistência diferente em frutos imaturos e maduros, sugerindo que o controle genético em frutos imaturos é controlado por dois genes dominantes, com complementação epistática, e em frutos maduros a resistência é controlada por outros dois genes dominantes possivelmente diferentes.

Neste trabalho, 28 plantas selecionadas expressaram maior resistência em frutos imaturos quando comparadas ao acesso UENF 1381 (genitor resistente), e a planta #104.2.6.6 (Apêndice) foi a única que expressou nível de resistência similar ao genitor resistente em frutos maduros. Resistência diferencial à antracnose entre os estádios de maturação é comumente encontrada em *Capsicum* (Kethom e Mongkolporn 2021). De Silva et al. (2021) avaliando a patogenicidade de isolados de *C. scovillei* oriundos da Ásia, inoculados na concentração de 10^6 conídios.mL⁻¹ por ferimento com agulha, em frutos de *C. chinense* (PBC932) e *C. annuum* ('Bangchang'), observaram maior severidade em frutos maduros do que em imaturos, nos dois genótipos. Essa resposta diferencial pode ser atribuída a interação do patógeno com o fitohormônio etileno, que é sinalizador para diversos fungos fitopatogênicos, inclusive *C. siamense* (anteriormente identificado como *C. gloeosporioides*), fazendo com que o processo de colonização fúngica seja favorecido com o amadurecimento do fruto (Alkan et al. 2015).

Observando os parâmetros genéticos estimados para essa geração F_{4:5}, o coeficiente de variação genética individual (CV_{gi}%), mostra a presença de variabilidade quantificada em aproximadamente 50% para as variáveis ACCPD em frutos imaturos, número de frutos e massa de frutos, indicando maior sucesso na seleção de indivíduos resistentes e produtivos. Graça et al. (2020) avaliaram uma população F_{2:3} oriunda do cruzamento entre os mesmos genitores usados neste

trabalho, e obtiveram valores de 32.57 e 28.41% de CVgi para número de frutos e massa de frutos, respectivamente. O CVgi é um importante parâmetro genético que indica a possibilidade de sucesso com a seleção das características desejadas (Carvalho et al. 2016).

Quanto à herdabilidade, esta é considerada baixa quando a magnitude de h^2a é $\leq 0,15$, média entre $0,15 < h^2a < 0,50$ e alta quando $h^2a \geq 0,50$ (Resende 2002). Neste trabalho, as variáveis AACPD (0,596) e comprimento de frutos (0,560) expressaram os valores mais altos. As demais variáveis, com exceção de NL, expressaram valores de média magnitude. Segundo Assunção et al. (2015), herdabilidades médias não indicam ineficiência para seleção, e sim, que os ganhos genéticos por geração serão menores, devendo-se levar em consideração a variância genética.

Syukur et al. (2013) analisaram os parâmetros genéticos da resistência à antracnose em cinco linhagens de pimenta *C. annum* (sendo uma resistente e quatro suscetíveis), inoculadas com um isolado de *C. scovillei*. Essas linhagens foram dispostas em dialelo completo, sendo avaliados apenas frutos imaturos e os autores observaram o valor para herdabilidade restrita de 0,467 para incidência de doença, valor este semelhante ao encontrado no presente estudo. Graça et al. (2020) avaliaram a resistência contra mancha bacteriana em uma população $F_{2:3}$ de pimenta e pimentão, e observaram valores de herdabilidade restrita de 0,460 para AACPD.

Em relação a acurácia seletiva, é desejável valores $\geq 70\%$ (Resende 2007). No presente estudo, valores acima de 70% foram obtidos para AACPD, PII e CF. Os menores valores foram estimados para AACPDM (0,499) e número de lóculos (0,327). Quanto maior a acurácia seletiva de um indivíduo, maior é a confiança na avaliação ou no valor genético predito do indivíduo. Esse parâmetro é parcialmente controlado pelo melhorista, pois o seu valor máximo é limitado pela herdabilidade da característica (Resende e Alves 2021).

O índice de seleção de Mulamba e Mock, com base nos valores genéticos preditos, contribuiu com a seleção de plantas resistentes. Para a variável AACPD, o ideal são plantas com valores genéticos negativos. Dessa forma, espera-se a redução da severidade da doença na próxima geração. Quanto ao PI e o PL, é desejável ter plantas com valores preditos positivos. O PI corresponde ao intervalo entre a inoculação do patógeno e o surgimento dos sintomas da doença (Bergamin

Filho e Amorim 2002). O PL é o tempo entre a inoculação do patógeno e a produção de esporos, geralmente visto a olho nu. Quanto maior os valores de PI e PL, maior é o número de dias necessários para o surgimento dos primeiros sintomas e reprodução do patógeno, e conseqüentemente, haverá menos fonte de inóculo na área de cultivo, maior prazo de validade e tempo de prateleira, e atraso no desenvolvimento da doença (Costa et al. 2021).

A capsaicina é uma característica muito importante em programas de melhoramento de pimenta e pimentão, pois diferencia ambos os frutos, já que o pimentão é doce e as pimentas, em sua maioria, picantes. A pungência é controlada por um único gene dominante (*Pun*), e a ausência de pungência é controlada por um gene recessivo (*pun-1*) (Wang e Bosland 2006). Neste trabalho, nove plantas selecionadas não possuem capsaicina em seus frutos, podendo ser classificadas como pimentão.

De acordo com a classificação para pimentão, estabelecida pela Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo (CEAGESP 2015), os pimentões comerciáveis são classificados de acordo com o comprimento e o diâmetro do fruto. O comprimento é dividido em nove classes que vai de 4 até 27 cm, e o diâmetro em quatro classes (4 a 12 cm). Só é considerado pimentão o fruto que não possui pungência. Sendo assim, as nove plantas selecionadas que não possuem capsaicina, atenderam aos valores mínimos para comprimento de fruto, porém, não atingiram os valores mínimos para diâmetro, tendendo a frutos mais alongados e com menos polpa.

No decorrer desse programa de melhoramento de *Capsicum*, tem se observado uma associação entre a resistência à antracnose e frutos fenotipicamente mais próximos à descrição de pimentas do que de pimentão, em especial no que tange à pungência, comprimento e diâmetro do fruto. Essas duas últimas características são de natureza poligênica, o que aumenta os desafios para o programa de melhoramento. Chunthawodtiporn et al. (2018), identificaram três QTLs nos cromossomos 1, 2 e 3 de pimentão, atuando apenas no controle do diâmetro de fruto e um QTL associado ao comprimento de fruto no cromossomo 3. Além disso, QTLs também têm sido identificados conferindo resistência à antracnose em *Capsicum* (Voorrips et al. 2004; Lee et al. 2010; Mahasuk et al. 2016; Zhao et al. 2020; Kethom e Mongkolporn 2021).

3.1.6. CONCLUSÕES

- a) A predição genética via REML/BLUP associada ao índice de seleção, contribuiu com a seleção de 73 plantas com resistência à antracnose, com destaque para a linha #51 (104.2.6.6) do ranque, que expressou resistência similar ao parental resistente (UENF 1381) em ambos os estádios de maturação;
- b) Os frutos no estágio imaturo expressaram maiores níveis de resistência, o que favorece o desenvolvimento de cultivares resistentes visando a comercialização de frutos nesse estágio de maturação;
- c) De acordo com os valores genéticos preditos, pode-se prever redução de doença na próxima geração e melhora nas características morfoagronômicas avaliadas, trazendo a expectativa de novos genótipos comerciais resistentes à antracnose.

3.2. PROTEÍNAS DIFERENCIALMENTE ACUMULADAS EM *Capsicum annuum* var. *annuum* ASSOCIADAS À RESISTÊNCIA CONTRA MANCHA BACTERIANA (*Xanthomonas euvesicatoria*)

3.2.1. INTRODUÇÃO

A mancha bacteriana é uma doença de ocorrência em todas as partes do mundo em que se cultiva pimentas e pimentões, estando presente naturalmente nestas áreas, com maior gravidade nas regiões de clima tropical e subtropical, caracterizadas por temperaturas, umidade e precipitação elevadas (Stall et al., 2009). As cepas do gênero *Xanthomonas* causam coletivamente doenças em mais de 400 espécies de plantas (Jacque et al., 2016), incluindo as plantas do gênero *Capsicum*.

A interação planta-patógeno tem sido extensivamente estudada ao longo dos anos. Com o aumento dos estudos genômicos e pós-genômicos, uma grande quantidade de informações estão disponíveis, principalmente no que se refere aos mecanismos de defesa da planta e as estratégias de patogenicidade utilizadas pelos microrganismos (Villemet et al., 2016). Com a evolução da biologia celular e molecular, a análise proteômica tornou-se uma ferramenta importante para o melhoramento de plantas. A proteômica é uma técnica robusta e bastante utilizada para verificar o acúmulo das proteínas em diversas condições ambientais (Wilkins et al., 1997).

A virulência de isolados patogênicos de *Xanthomonas* Gram-negativas (bactérias que possuem a endotoxina chamada lipopolissacarídeo), como é o caso da *X. euvesicatoria*, depende de um sistema de secreção tipo 3 (T3SS – *T3 system secretion*) e seus efetores associados (T3Es) (Garita-Cambroner et al., 2016). Esse sistema T3SS é a via que secreta os T3Es que favorecem a virulência nas bactérias patogênicas, e uma vez dentro das células vegetais, esses efetores atuarão para suprimir a defesa da planta e fazer com que o metabolismo do hospedeiro beneficie a própria bactéria (Merda et al., 2017).

O mecanismo de defesa das plantas a nível celular é ativado por meio de receptores presentes em cada célula vegetal, em que ocorre o reconhecimento do patógeno por meio do *pattern-triggered immunity* (PTI) ou *effector-triggered immunity* (ETI) (Jones e Dangl, 2006). Os *pattern recognition receptors* (PRRs), nos quais reconhecem a presença do patógeno de acordo com cada *microbe associated molecular patterns* (MAMP), reconhecem a presença de bactéria pelos MAMPs conhecidos como flagelina bacteriana (flg22) e EF-Tu (elf18/elf26), que são percebidos pelos receptores FLS2 e EFR, respectivamente (Couto e Zipfel, 2016).

Quando a reação de defesa não atua apenas no local da infecção, a planta realiza a sinalização autônoma não celular (Jones e Dangl, 2006). Essa sinalização percorre toda a planta e é gerada de forma rápida (Toyota et al., 2018), ativando a *systemic acquired resistance* (SAR) que atua na planta inteira contra um complexo de patógenos (Fu e Dong, 2013). Além disso, esse mecanismo é acompanhado pela indução ou iniciação de genes que codificam as *pathogenesis related protein* (PRs) (Ding et al., 2018).

Outras respostas desencadeadas logo no início do ataque de patógenos são a geração de espécies reativas de oxigênio (ROS) (Muthamilarasan e Prasad, 2013), inibidores de proteínas, lectinas, quitinases, inibidores de α -amilase e polifenol oxidases (Lee et al., 2019). É importante salientar o papel dos fitohormônios nas vias de regulação das respostas de defesa das plantas, já que a ETI e a PTI estão envolvidas com o ácido salicílico, ácido jasmônico e o etileno (Iqbal et al., 2021).

Vários estudos proteômicos com o objetivo de identificar proteínas relacionadas com o sistema de defesa da planta contra patógenos foram realizados (Jing et al., 2015; Martinelli et al., 2016; Zhang et al., 2018; Yamchi et al., 2018; Ji

et al., 2018), entretanto, considerando o patossistema *Capsicum x Xanthomonas*, os trabalhos são direcionados em sua maioria ao patógeno e não a planta.

Em parceria do LMGV/UENF com o *Department of Plant Pathology* da *University of Florida*, o acesso UENF 1381 foi avaliado em resposta à diferentes raças de espécies de *Xanthomonas*, e os resultados indicam a presença de novos genes recessivos associados à resistência (Silva, 2018). Desta forma, a análise proteômica pode auxiliar na elucidação dos mecanismos de defesa do acesso UENF 1381 que promovem tal resistência. O presente estudo teve como objetivo identificar proteínas associadas à resistência à mancha bacteriana, por meio de análise proteômica comparativa entre o acesso resistente UENF 1381 e a cultivar suscetível Jalapeño.

3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.2.2.1. Proteômica na identificação de proteínas associadas à defesa da planta

A proteômica tem contribuído na elucidação dos mecanismos de defesa da planta, isso porque durante a interação planta-patógeno, proteínas específicas são expressas, ativando diferentes vias que atuam contra os patógenos (Rustagi et al., 2018). Um dos primeiros trabalhos envolvendo proteínas na interação planta-patógeno foi realizada em mudas de *Pinus lambertiana* resistente e suscetível ao fungo *Cronartium ribicola*, usando a metodologia de extração e separação em eletroforese 2-D (Ekramoddoullah e Hunt, 1993).

Os mecanismos de patogenicidade, bem como os mecanismos de defesa das plantas têm sido bastante investigados por meio da proteômica. Pode ser encontrado na literatura, trabalhos que abrangem a interação planta-fungo, planta-vírus, planta-bactéria e planta-nematoide (Singh et al., 2018). Além disso, a interação planta-inseto também possui grande importância nos estudos relacionados ao acúmulo de proteínas (Hogenhout e Bos, 2011).

Conceitualmente, o termo proteoma corresponde ao conjunto completo de proteínas expressas por um organismo, célula ou tecido, podendo haver variações

em função de determinadas condições (Wasinger et al., 1995; Wilkins et al., 1996). A proteômica vem se tornando uma abordagem essencial para revelar as principais vias de sinalização e bioquímica subjacentes ao ciclo de vida da planta, interação com o meio ambiente e respostas a estresses abióticos e bióticos (Hu et al., 2015).

A abordagem mais clássica da proteômica está associada com as técnicas de 2-DE-MS/MS que consiste na separação bidimensional (O'Farrel, 1975), das moléculas a partir de eletroforese de gel e espectrometria de massas (MS) *in tandem* (Schuller et al., 1996).

Uma outra estratégia inicia diretamente com a digestão das proteínas de amostras complexas. Essa digestão resulta na produção de grande número de peptídeos, que são separados tipicamente por meio de métodos cromatográficos unidimensionais ou multidimensionais (mudPIT). Este procedimento é uma abordagem chamada '*bottom-up*' porque começa no nível de separação com peptídeos. Os peptídeos que eluem a partir de uma coluna de fase inversa são então identificados por MS. Esta última análise produz sequências de aminoácidos pelas quais as proteínas originais podem ser identificadas por comparação de banco de dados de sequência. A abordagem '*bottom-up*' é rápida e sensível, mas não permite a diferenciação entre espécies de proteína (Schluter et al., 2009).

A terceira estratégia, chamada '*top-down*', tem início com a cromatografia líquida para separação das espécies de proteínas seguida pela identificação das espécies de proteínas por espectrometria de massas (Kelleher, 2004). O procedimento é realizado com a ionização em fase gasosa de proteínas intactas e subsequente medição de massa de alta resolução de íons proteicos intactos, seguida por sua fragmentação direta dentro do espectrômetro de massas sem digestão prévia (McLafferty et al., 2007).

Vários estudos proteômicos foram desenvolvidos visando a identificação de proteínas relacionadas à defesa da planta, com diferentes culturas e patógenos: arroz (Chen et al., 2007), trigo (Rampitsch et al., 2006), brássicas (Andrade et al., 2008), tomate (Rep et al., 2002), e feijão (Marra et al., 2006), entre outras.

Em genótipos de *C. annuum* inoculados com o fungo *Phytophthora capsici*, observou-se acúmulo diferencial das proteínas *peroxidase* e *superoxide dismutase*, correlacionadas positivamente com o aumento da concentração de peróxido de hidrogênio (H₂O₂), ambas relacionadas ao estresse oxidativo (Zheng et al., 2004).

Fang et al. (2012) avaliaram o acúmulo de proteínas em folhas de morango inoculadas com o fungo *Colletotrichum fragariae*. Estes autores observaram que as proteínas β -1-3-*glucanase* e *heat shock protein* (HSP) foram induzidas e atuaram contra o fungo. Em arroz, Mahmood et al. (2006) avaliaram o acúmulo de proteínas de defesa em resposta à bactéria *X. oryzae* pv. *oryzae*, causadora da murcha bacteriana. As proteínas *Thaumatin-like* e *Probenazole-inducible* foram up-acumuladas, indicando ter importante papel na resistência contra esta doença. Casado-Vela et al. (2006) avaliaram o acúmulo diferencial de proteínas em frutos de tomate inoculados com o vírus TMV (*Tobacco mosaic virus*) e observaram que as proteínas *peptidases*, *endoglucanase* e *chitinase* podem desenvolver funções importantes na proteção contra o TMV. Segundo Fang et al. (2012), proteínas da família PR, *heat shock protein* (HSP) e *peroxidases* são comumente encontradas na interação planta-patógeno.

3.2.2.2. Interação patógeno x hospedeiro e proteínas de defesa no patossistema *Capsicum* x *Xanthomonas*

Xanthomonas é um grande gênero de bactérias Gram-negativas, que apresenta pigmentação amarela, causando doenças graves em aproximadamente 400 hospedeiros de plantas, incluindo uma grande variedade de culturas economicamente importantes, como arroz, frutas cítricas, banana, repolho, tomate, pimentão e feijão (Ryan et al., 2011). As bactérias patogênicas proliferam nos espaços intercelulares (apoplasto) após entrarem através dos poros de gás ou água (estômatos e hidatódios, respectivamente), ou ganham acesso por meio de ferimentos (Jones e Dangl, 2006).

As plantas possuem dois sistemas de defesa inato, sendo que o primeiro é composto por receptores de reconhecimento de padrões transmembranares (PRRs) que respondem a padrões moleculares associados a microrganismos ou patógenos (MAMPS ou PAMPs) (Zipfel e Felix, 2005). O segundo sistema age em grande parte dentro da célula, usando os produtos da proteína polimórfica NB-LRR (NB - *nucleotide binding* e LRR - *leucine rich repeat*) codificados pela maioria dos genes *R*. Os eliciadores de patógenos de diversos reinos são reconhecidos pelas proteínas NB-LRR e ativam respostas de defesa semelhantes. A resistência à doença mediada por NB-LRR é eficaz contra patógenos que podem crescer

somente em tecidos hospedeiros vivos (biotróficos), ou patógenos hemibiotróficos, mas não contra patógenos que matam o tecido hospedeiro durante a colonização (necrotróficos) (Jones e Dangl, 2006).

Para que ocorra a reação de resistência, um eliciador do patógeno deve ser "especificamente reconhecido" por uma das proteínas NB-LRR, resultando em imunidade desencadeada por eliciador. No caso da associação de bactérias fitopatogênicas, a reação de defesa ocorre principalmente a partir do reconhecimento de um peptídeo sintético presente na bactéria, contendo 22 aminoácidos, e é chamado flagelina bacteriana ou (flg22), sendo suficiente para induzir muitas respostas celulares, incluindo a rápida (<1 h) indução de transcrição de pelo menos 1100 genes de *Arabidopsis* (Felix et al., 1999; Zipfel et al., 2004; Chinchilla et al., 2006; Luna et al., 2011).

Em *Arabidopsis*, há aproximadamente 125 proteínas NB-LRR. O efector reconhecido é denominado de proteína de avirulência (Avr), e esse reconhecimento pode desencadear uma reação de hipersensibilidade (HR) (resposta imune no local de ataque do patógeno). O papel das proteínas Avr nas interações planta-patógeno tem sido um dos aspectos mais interessantes. Por exemplo, a RIN4 é uma proteína de 211 aminoácidos, acilada (Eulgem, 2005) e associada à membrana plasmática. É protegida por proteínas NB-LRR e é alvo de eliciadores patogênicos. Após o contato com elicitores específicos, ocorre a indução de fosforilação da RIN4, havendo a ativação da proteína RPM1 NB-LRR. Na ausência de RPM1, os eliciadores agem presumivelmente na RIN4 e outros alvos para contribuir para a virulência (Coaker et al., 2005; Chisholm et al., 2005).

A maioria dessas proteínas relacionadas à defesa corresponde a proteínas relacionadas à patogênese (PRs). O termo PRs tornou-se um termo coletivo para todas as proteínas induzidas por patógenos e seus homólogos. São listadas 17 famílias de proteínas PRs (PR-1 a PR-17) que foram definidas com base em suas propriedades bioquímicas e biológicas comuns (van Loon et al., 2006; Jain e Khurana, 2018).

A família PR-2 tem propriedade β -1,3-endoglucanases e atua na limitação da atividade patogênica, crescimento e disseminação. Os membros da família PR-8 (lisozima), PR-12 (defensinas) (Lay e Anderson, 2005; Thomma et al., 2002) e PR-13 (tioninas) (Bohlmann, 1994; Epple et al., 1997) apresentam extensa atividade antibacteriana. O PR-9 é um tipo específico de peroxidase que poderia

atuar no reforço da parede celular, catalisando a lignificação (Passardi et al., 2004) e aumentando a resistência contra múltiplos patógenos.

Guevara-Morato et al. (2010), analisaram o acúmulo de proteínas relacionadas à defesa contra patógenos em plantas de *C. chinense*, inoculadas com o vírus PMMoV-I pertencente ao gênero *Tobamovirus*, e identificaram uma proteína PR-4 com atividade RNase e DNase, sendo que a DNase expressou atividade contra DNA plasmidial circular e linear. Essa mesma proteína apresentou um alto grau de relação (97%) com uma PR-4 identificada em *C. annuum* (Shin et al., 2001).

Em *C. chinense*, Elvira et al. (2008) avaliaram o acúmulo dessas proteínas em folhas inoculadas com o *pepper mild mottle virus* (PMMoV) em genótipos resistentes e suscetíveis. Estes autores observaram as proteínas *basic β-1-3-glucanase* PR-2, *osmotin-like* PR-5 e PR-1 associadas à reação de hipersensibilidade no genótipo resistente.

Proteínas como *β-1-3-glucanase* e *chitinase* são altamente induzidas em plantas de *Capsicum* infectadas com *X. euvesicatoria* (Hong e Hwang, 2005). A *β-1-3-glucanase* hidrolisa os glucanos *β-1-3* -ligados, que é o principal componente da parede celular de fungos e oomicetos, atuando juntamente com a *chitinase* para inibir o crescimento fúngico *in vitro* (Kim e Huang, 1997). Além disso, essa enzima também pode atuar na ativação da defesa da planta, liberando fragmentos de glucano ou pedaços da parede celular vegetal como moléculas sinalizadoras que ativam diversos mecanismos de defesa (Takeuchi et al., 1990).

O controle genético da resistência à mancha bacteriana é feito pelos genes *Bs1*, *Bs2*, *Bs3* e *Bs4* e têm sido utilizados efetivamente em estudos com diferentes cultivares comerciais de pimentão para resistência à bacteriose por um curto período (Vallejos et al., 2010). No Brasil, Riva et al. (2004) identificaram três genes recessivos que controlam a resistência a *X. euvesicatoria* em *Capsicum* e Silva et al. (2017) indicaram que um mínimo de cinco genes recessivos é responsável pela resistência à mancha bacteriana em pimentão.

Nas bactérias fitopatogênicas, descobriu-se que um grupo de genes conhecidos como genes de hipersensibilidade e patogenicidade (*hrp*) está envolvido na regulação de interações compatíveis e incompatíveis (Bonas, 1994). Brown et al. (1995) mostraram que cepas de *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* com mutações no *cluster* do gene *hrp*, induz a formação de grandes

papilas e outras alterações da parede celular em células vegetais adjacentes quando inoculadas em pimentão.

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Material vegetal, suspensão bacteriana e procedimento de inoculação

As plantas do acesso UENF 1381 e a cv. Jalapeño (TopSeed®) foram cultivadas em casa de vegetação, em vasos de dois litros e substrato comercial Vivatto® próprio para cultivo. O delineamento utilizado foi em blocos ao acaso com três repetições. Cada repetição foi composta por cinco plantas, sendo inoculadas duas folhas por planta. Portanto, cada replicata biológica foi formada pelo *bulk* de 10 folhas e a coleta das amostras foi realizada 12 horas após inoculação.

Para o preparo da suspensão bacteriana, foi utilizada a estirpe bacteriana ENA 4135, que foi caracterizada por Riva et al. (2004) com base nos genótipos diferenciadores propostos por Jones et al. (1998). A cepa preservada com água (Castellani, 1939) foi recuperada em meio líquido DYGS (Rodrigues Neto et al., 1986) sob agitação, por 36 horas a 28 °C. Posteriormente, as suspensões bacterianas foram transferidas com alça de Drigalsky para placas de Petri contendo meio DYGS sólido. Após 36 horas em incubadora bacteriológica (28 °C), as colônias bacterianas foram suspensas em água estéril e as concentrações celulares ajustadas para 10^8 ufc mL⁻¹, a 600 nm e 0,300 de absorbância (Aguiar et al., 2000). Em seguida, a suspensão (10^8 ufc mL⁻¹) foi submetida à diluição seriada em água destilada para atingir uma concentração de 10^5 ufc mL⁻¹. A inoculação foi realizada quando as plantas desenvolveram três pares de folhas definitivas (30 dias após emergência), por infiltração de uma suspensão bacteriana com as concentrações acima mencionadas, em 1,0 cm² do mesofilo (Riva et al., 2004).

3.2.3.2. Extração e quantificação das proteínas totais

Amostras de folhas de *C. annuum* (UENF 1381 e cv. Jalapeño) 12 horas após inoculação com *X. euvesicatoria*, foram preparadas em triplicatas biológicas

(*bulk* de 300 mg de matéria fresca cada). As proteínas foram extraídas utilizando o método de precipitação ácido tricloroacético (TCA/acetona), desenvolvido por Demerval et al. (1986). As amostras de tecido foliar foram congeladas em nitrogênio líquido e maceradas até um pó fino utilizando um almofariz de cerâmica. O pó resultante foi ressuscitado em 1 mL de tampão de extração refrigerado contendo 10% (w/v) TCA (*Sigma Chemical Co., St. Louis, MO*) em acetona com 20 mM ditioneitol (DTT) (*GE Healthcare*) e vortexadas por 30 min a 8 °C; a mistura foi mantida a -20 °C por 1 h antes da centrifugação a 16.000g por 30 min a 4 °C. Os *pellets* resultantes foram lavados três vezes com acetona refrigerada + 20 mM DTT, vortexados por 30 s e centrifugados por 5 min a 4°C, para cada lavagem. Os *pellets* foram secos ao ar, ressuscitados em 1 mL de solução tampão contendo 7 M ureia, 2 M tiourea, 2% triton X-100, 1% DTT, 1 mM fluoreto de fenilmetilsulfonil (PMSF) (*Sigma-Aldrich*), e incubado por 30 min no gelo. As amostras foram vortexadas por 30 min a 8 °C, e centrifugada por 20 min a 16.000g a 4°C. O sobrenadante foi coletado, e a concentração de proteínas foram determinadas utilizando o 2-D Quant Kit (*GE Healthcare, Piscataway, NJ, USA*).

3.2.3.3. Digestão proteica

Antes da digestão triptica, 100µg de extrato de proteínas para cada amostra biológica foram precipitadas usando a metodologia do metanol/clorofórmio para remover qualquer interferente das amostras (Nanjo, 2012). Após a precipitação as amostras foram ressuscitadas em solução uréia 7 M/tiourea 2 M para apropriada ressuspensão. A digestão proteica triptica (1:100 enzima:proteína, V5111, Promega, Madison, USA) foi realizada utilizando a metodologia de filtro auxiliar (*FASP – filter-aided sample preparation*), descrita por Wiśniewski (2009), com modificações. Antes do início da digestão, foi realizado um teste de integridade dos filtros (Hernandez-Valladares, 2016), portanto apenas as unidades de trabalho foram usadas.

Após o teste, as alíquotas de proteínas foram adicionadas a um filtro Microcon-30 kDa (Merck Millipore) (Lipecka et al., 2016), lavado com 200 µL 50 mM de bicarbonato de amônio (solução A) (*Sigma-Aldrich*) e centrifugado a 10.000g por 15 min a 25 °C (todas as centrifugações nesta etapa foram realizadas nesta condição). Esta lavagem foi repetida mais uma vez para remoção completa da uréia

antes da redução das proteínas. Posteriormente, foi adicionado 100 µL de 50 mM DTT refrigerada feita em solução A, vortexada e incubada por 20 min a 60 °C (1 min agitando e 4 min parado, a 350 rpm). Após esta etapa, foi adicionado 200 µL de 8 M uréia em 50 mM de bicarbonato de amônio (solução B) e centrifugado por 15 min. Para alquilação das proteínas, foi utilizado 100 µL com 50 mM de iodoacetamida (*GE Healthcare*) refrigerado, preparado em solução B, vortexado e incubado por 20 min a 25 °C na ausência de luz (1 min agitando e 19 min parado, a 350 rpm). Posteriormente, foram feitas duas lavagens com 200 µL de solução B e centrifugada por 15 min e mais uma lavagem com solução A. Nesta última lavagem, a centrifugação foi feita até a permanência de aproximadamente 50 µL de amostra.

Para digestão proteica, foi adicionado 25 µL de 0,2% (v/v) RapiGest (*Waters, Milford, CT, USA*) e 25 µL de solução de tripsina (1:100 enzima:proteína, V511, Promega, Madison, USA), vortexada gentilmente e incubada por 16 h a 37 °C (1 min agitando e 4 min parado, a 350 rpm). Para eluição dos peptídeos, o filtro foi transferido para um novo microtubo e centrifugado por 10 min. Foi adicionado 50 µL de solução A e centrifugado por 15 min. Esta lavagem foi feita uma vez. Para precipitação do *RapiGest* e inibição da tripsina, foi adicionado 5 µL de 15% ácido trifluoroacético (*TFA, Sigma-Aldrich*), vortexado gentilmente e incubado por 30 min a 37 °C. Então, as amostras foram centrifugadas por 15 min, e os sobrenadantes foram coletados e secos a vácuo. Os peptídeos foram ressuspensos em 100 µL de solução contendo 95% 50 mM de bicarbonato de amônio, 5% acetonitrila e 0,1% ácido fórmico (*Sigma-Aldrich*). Os peptídeos resultantes foram quantificados utilizando um NanoDrop 2000c espectrofotômetro (*Thermo Fisher Scientific*) utilizando a metodologia de leitura a $A_{205 \text{ nm}}$.

3.2.3.4. Análise de espectrometria de massas

A espectrometria de massas foi realizada utilizando um *UPLC nanoAcquity* acoplado a um instrumento Synapt G2-Si HDMS (*Waters, Manchester, UK*). Cada uma das triplicatas biológicas foi injetada em volume correspondente a 1 µg de proteínas digeridas. Para a separação, as amostras foram carregadas no *nanoAcquity UPLC* na coluna M-Classe *Symmetry C18* µm (180 µm × 20 mm) a 5 µL. min⁻¹ durante 3 min e depois na coluna de fase inversa analítica M-Class HSS

T31 1,8 μm (75 $\mu\text{m} \times 150 \text{ mm}$) a 400 nL min^{-1} , com uma temperatura de coluna de 45 °C. Para eluição de peptídeos, foi utilizado um gradiente binário, com fase móvel A composto por água (Tedia, Fairfield, Ohio, EUA) e 0,1% de ácido fórmico (*Sigma-Aldrich*) e fase móvel B composto por acetonitrila (*Sigma-Aldrich*) e 0,1% ácido fórmico. O gradiente de eluição foi iniciado a 7% B, aumentando de 7% B para 40% B até 92,72 min e permaneceu a 99.9% B até 106.00 min, então diminuiu para 7% B até 106.1 min, e finalmente permaneceu a 7% B até o fim do experimento a 120 min.

A espectrometria de massas foi realizada em modo positivo e modo resolução (modo V), 35.000 FWHM, com mobilidade iônica e modo de aquisição de dados independentes (HDMS^E). A onda de mobilidade iônica foi ajustada a velocidade de 600 m s^{-1} ; a energia de transferência de colisão teve variação de 19 V para 55 V em modo de alta; a voltagem do cone e capilares foram de 30 V e 2750 V, respectivamente; e a temperatura da fonte foi de 70 °C. Nos parâmetros TOF, o tempo de varredura foi definido em 0,5 s no modo contínuo com um intervalo de massa de 50 a 2000 Da. Foi utilizado como calibrador externo o [Glu1]-fibrinopeptídeo B humano (*Sigma-Aldrich*) a 100 $\text{fmol } \mu\text{l}^{-1}$ com aquisição da massa de referência a cada 30 s. A aquisição do espectro de massa foi realizada pelo software MassLynx v4.0.

3.2.3.5. Análises de dados proteômicos

O processamento dos espectros e banco de referência foram realizados utilizando o software ProteinLynx Global SERVER (PLGS) v.3.02 (Waters, USA) e o workflow do software ISOQuant (Distler et al., 2014, 2016). A análise do PLGS foi processada usando os seguintes parâmetros: Apex3D de 150 contagens como limite de baixa energia, 50 contagens para como limite de energia elevada e 750 contagens para como limite de intensidade; uma clivagem perdida; no mínimo três fragmentos de íon por peptídeos; no mínimo sete fragmentos de íon por proteína; no mínimo dois peptídeos por proteína; modificações fixas como carbamidometil © e modificações variáveis como oxidação (M) e fosforil (STY); taxa de falso positivo (FDR) de 1%; tolerância automática a peptídeos e fragmentos.

Foi utilizado o banco de dados de proteínas *Capsicum annuum* (ID: UP000222542) do *UniProtKB* (www.uniprot.org). A quantificação foi realizada

usando o software ISOQuant v.1.7 (Distler, 2014). Foram utilizados os seguintes parâmetros: peptídeos e proteínas com false Discovery rate de 1%, comprimento da sequência de pelo menos seis aminoácidos e pontuação mínima de peptídeo igual a seis. Foi utilizada uma normalização multidimensional, que corrige as intensidades de pico com base nos domínios de intensidade e tempo de retenção. O *software* realizou a quantificação relativa de proteínas com base no método TOP3. Com base na abundância relativa de peptídeos atribuídos exclusivamente, às abundâncias de peptídeos compartilhados foram redistribuídas para as respectivas proteínas que originaram os mesmos, seguida pela quantificação baseada em TOP3 (Distler, 2014). Para garantir a qualidade dos resultados após o processamento dos dados, apenas proteínas presentes nas três replicatas biológicas foram aceitas para análise de abundância diferencial.

As proteínas foram consideradas como diferencialmente abundantes quando houve diferença significativa pelo Teste T (p -valor $<0,05$) entre as médias das triplicatas e o valor da abundância relativa (tratado/controlado) maior do que 1,5 vezes. Para anotação funcional, as proteínas diferencialmente acumuladas foram blastadas contra o não-redundante (nr) plants/viridiplantae_protein_sequences banco de dados pelo uso do software OmicsBox (Blast2Go).

Finalmente, as proteínas foram submetidas à uma caracterização funcional pelo software OmicsBox (BioBam Bioinformatics S.L., Valencia, Espanha). Sequências com processos biológicos não identificados pelo OmicsBox foram complementadas manualmente com ferramentas de BLAST online do UniProtKB e NCBI. Para identificar as redes de agrupamentos funcionais associados com a análise de enriquecimento de proteínas diferencialmente acumuladas, foi utilizado o plugin ClueGO do software Cytoscape (versão 3.9) (Shannon et al., 2003).

Os Ids dos genes referentes às proteínas reguladas em cada tratamento foram usados como entradas do conjunto de referência para a análise de enriquecimento. O teste hipergeométrico de Bonferroni com correção step down foi usado para avaliar as categorias de enriquecimento nos domínios do Gene Ontology (GO) 'Processo biológico' do banco de dados de *A. thaliana*. No gráfico resultante, o agrupamento funcional foi avaliado com #Genes/Term usando a estatística kappa. Pares de termos (nós) com um valor kappa de pelo menos 0.5 em relação às arestas da rede.

3.2.4. RESULTADOS

3.2.4.1. Verificação da reação de resistência no acesso UENF 1381 e cv. Jalapeño

Para a verificação da virulência da bactéria inoculada e a resistência ou suscetibilidade dos genótipos analisados, uma terceira folha foi inoculada em cada genótipo, onde se percebe os sintomas de mancha bacteriana, conforme mostrado na Figura 9.



Figura 9. Folhas de *Capsicum annuum* inoculadas com *Xanthomonas euvesicatoria* na concentração de 10^5 UFC.mL⁻¹ aos cinco dias após inoculação. A = genótipo resistente (UENF 1381) e B = genótipo suscetível (cv. Jalapeño).

3.2.4.2. Proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) após 12h de inoculação com a bactéria *X. euvesicatoria* em folhas de pimenta na comparação UENF 1381/cv. Jalapeño

A análise de proteômica comparativa de folhas dos genótipos resistente (UENF 1381) e suscetível (cv. Jalapeño), após 12 horas de inoculação com a

bactéria *X. euvesicatoria*, permitiu a identificação de um total de 882 proteínas. A comparação entre o genótipo UENF1381/cv. Jalapeño mostrou um total de 98 proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) com 57 proteínas *up*-acumuladas e 27 proteínas *down*-acumuladas, e nove proteínas únicas do genótipo resistente (UENF 1381) e cinco proteínas únicas do genótipo suscetível (cv. Jalapeño) (Tabela 4).

Diante da interação *Capsicum-Xanthomonas*, pode-se destacar algumas proteínas *up*-acumuladas na comparação UENF 1381/cv. Jalapeño, como *L-ascorbate peroxidase 1* (APX1; A0A2G2Z970), *L-ascorbate peroxidase 2* (APX2; A0A2G2YQK0), *dehydroascorbate reductase* (DHAR1; A0A098FZ95), *peroxidase 12* (AT1G71695; A0A2G2ZPZ9), *putative L-ascorbate peroxidase 8* (A0A2G2ZN88), *ferritin* (A0A2G2Z8H9) e a 17.9 kDa *class II heat shock protein* (A0A2G3A187), *calreticulin-3* (CRT-3; A0A2G2XV13), *Peptidyl-prolyl-CIS/Trans-isomerases* (CYP38; A0A2G3AC46), *Peroxisomal (S) – 2 – hidroxy – acid oxidase* (GOX1; A0A1U8E192), *Arginase 1* (ARGAH1; A0A1U8GVB0), *ATP synthase subunit. alpha* (ATPA; A0A2G3AK87) e *Pectinesterase/Pectinesterase inibitor 18* (PMEPCRA; A0A2G3A957), *Acidic endochitinase Q* (HCHIB; A0A1U8FXF2), *pathogenesis-related protein STH-2-like* (STH-2; A0A1U8GCN1), *Putative glutathione S-transferase* (GSTU25; A0A2G2Z4L0), *Polygalacturonase inibitor* (PGIP2; A0A1U8HH40), *Dirigent protein* (AT1G65870; A0A2G2Y6G7) (Tabela 4).

Quanto as proteínas únicas no genótipo resistente (UENF 1381), foram observadas, tais como *40S ribosomal protein S8* (AT3G07810; A0A2G2YIY9), *Phosphoglycerate kinase* (PGK1; A0A2G2ZHI4), *Photosystem II CP43 reaction center protein* (PSBC; A0A2G2XVE8), *Lactoylglutathione lyase* (AT1G67280; A0A1U8DS55), *Probable glutathione-S-transferase* (GSTU8; Q2VT56), *1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase* (EFE; A0A023H832), *14-3-3-like protein* (RCI1A; A0A1U8F4U6), *Photosystem I chlorophyll a apoprotein A1* (PSAA; A0A2G2ZX23), *Photosystem I OS=Capsicum annum* (PSAB; A0A2G2YTN3) (Tabela 4).

Para as proteínas *down*-acumuladas observadas na comparação UENF 1381/ cv. Jalapeño, podemos destacar a *Sulfurtransferase* (MST1; A0A2G2Z692), *Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic* (LHCB3; A0A1U8HCX5), *Actin-100-like* (ACT11; A0A2G2XVS9), *Carbonic anhydrase* (CA1; A0A2G2Y0Q2), *NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit I, chloroplastic* (NDHI; A0A2G2YYI7), *26S*

protease regulatory subunit (RPT6A; 8A0A2G3AIK8), *S-adenosylmethionine synthase 3* (MAT3; B5LAW6), *Aspartate aminotransferase, chloroplastic* (ASP5; A0A1U8DRU2), *Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit* (RBCL; A0A2G2XVU0), *ATP synthase subunit beta, chloroplastic* (PB; A0A2G2Z802), *LL-diaminopimelate aminotransferase, chloroplastic* (DAP; A0A2G2ZD36), *4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase (ferredoxin), chloroplastic* (HDS; A0A1U8EJF5) (Tabela 4).

3.2.4.3. Enriquecimento de proteínas na rede de interação de processos biológicos em *C. annum* UENF1381/cv. Jalapeño

A rede de enriquecimento dos processos biológicos de proteínas up-accumuladas e únicas no genótipo de pimenta resistente (UENF 1381) resultou na separação de cinco redes de interação. O processo de resposta ao estresse oxidativo agrupou com os processos de resposta a espécies reativas de oxigênio, processo metabólico de peróxido de hidrogênio e resposta ao estresse oxidativo celular. O processo de resposta à bactéria e resposta à defesa de bactéria agruparam juntos. O processo biológico de resposta à estímulo de temperatura agrupou junto com o processo de resposta ao calor. E por fim o processo de resposta à substância inorgânica formou um grupo isolado (Figura 10 A; Tabela 4)

Proteínas relacionadas ao processo de resposta ao estresse oxidativo, resposta a espécies reativas à oxigênio, processo metabólico de peróxido de hidrogênio e resposta ao estresse oxidativo celular revelou proteínas como ACO3, APX1, APX2, AT1G71695, DHAR1, FER2, HSP70, TAPX, GOX1 (Figura 10 A; Tabela 4).

As proteínas relacionadas à resposta à bactéria e resposta à defesa de bactéria mostrou proteínas como ARGAH1, CRT3, CYP38, GOX1, HSP70, HSP90.1, PMEPCRA, PPa6 (Figura 10A; Tabela 4). Já nos processos biológicos de resposta à estímulo de temperatura e resposta ao calor, foram observadas as proteínas APX1, HSP17.6II, HSP70, HSP90.1, PGK1, RBCS1A, TAPX (Figura 10A; Tabela 4). E por fim, de resposta à substância inorgânica que foi isolado enriqueceu proteínas como ACO3, ALDH2B4, APX1, DHAR1, FBA6, GSTL3, GSTU8, HCHIB, HIS4, HSP70, PGK1 e PPa6 (Figura 10 A; Tabela 4).

Outros processos biológicos elucidados pelo *Gene ontology* (GO) via UniProtKB, mostrou que proteínas up-acumuladas no acesso resistente (UENF 1381) após 12h de inoculação com a bactérias *X. euvesicatoria*, em comparação ao genótipo suscetível (cv. Jalapeño), compuseram o processo biológico de resposta de defesa com a proteína *Polygalacturonase inhibitor* (PGIP2; A0A1U8HH40) e a proteína *1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase* (EFE; A0A023H832) que foi única do genótipo UENF 1381. O processo de resposta à estresse mostrou a proteína *14-3-3-like protein* (RC11A; A0A1U8F4U6) que também foi única para o genótipo UENF 1381. Outro processo foi de defesa contra fungos que mostrou a proteína up-acumulada UENF 1381/CV. Jalapeño *Acidic endochitinase Q* (HCHIB; A0A1U8FXF2) e o processo de proteínas relacionadas à petogênese com a proteína *STH-2-like* (A0A1U8GCN1; STH-2) (Tabela 4).

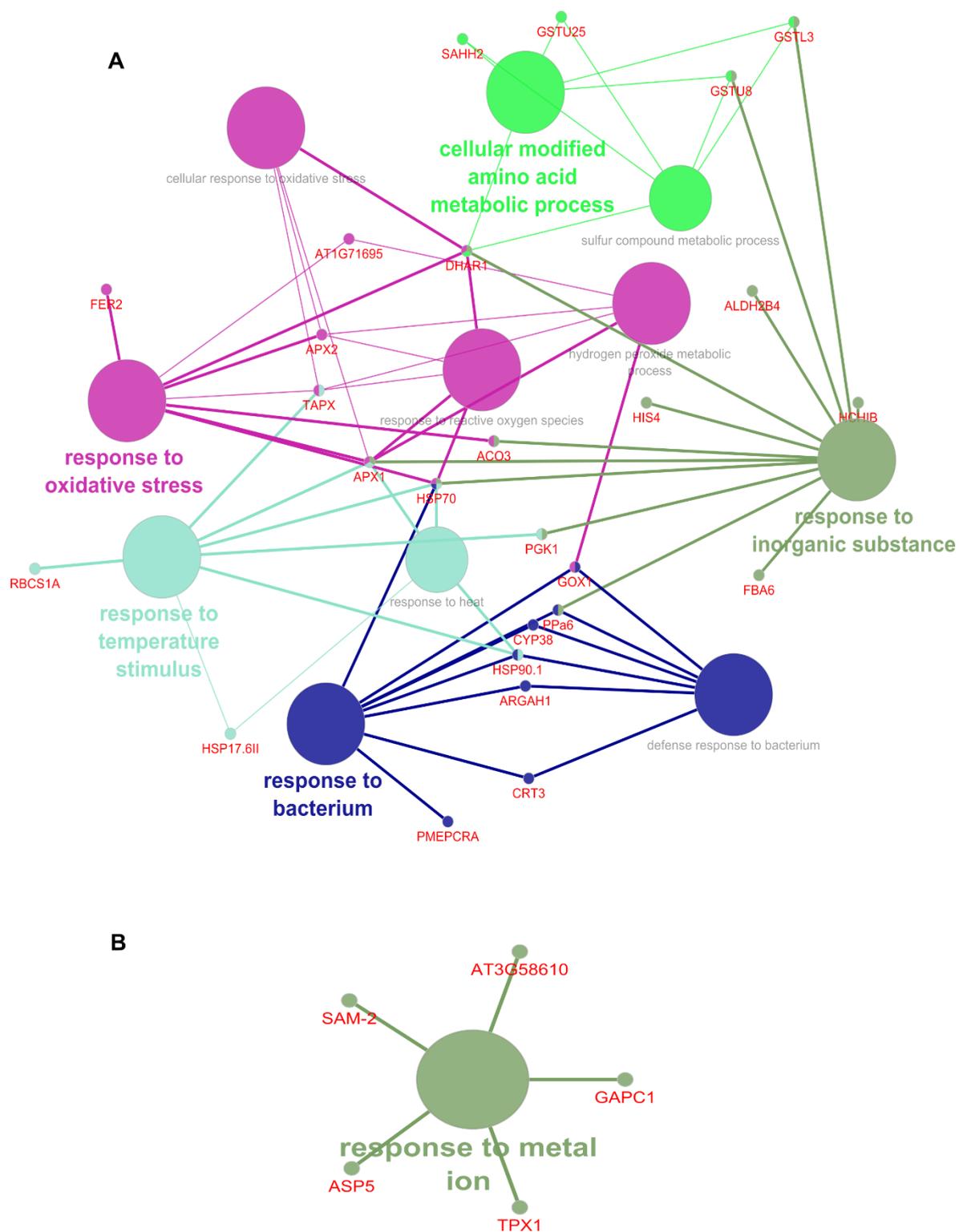


Figura 10. Classificação funcional baseada no *Gene Ontology* (GO) de *DAPs* no acesso UENF 1381 comparado à cv. Jalapeño, 12 horas após inoculação com a bactéria *Xanthomonas euvesicatoria*. A – Processos biológicos das proteínas *up*-acumuladas; B – Processo biológico das proteínas *down*-acumuladas.

Tabela 4. Proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) em *capsicum annuum* (UENF 1381) em comparação com a cv. Jalapeño, 12 horas após inoculação com *Xanthomonas euvesicatoria*.

Acesso	Descrição	Ortólogo <i>Arabidopsis</i> (STRING Mapping)	Processo Biológico
UP - acumuladas			
A0A2G2YJJ9	A0A2G2YJJ9_CAPAN DLH domain-containing protein OS=Capsicum annuum OX=4072 GN=T459_24989 PE=4 SV=1	AT3G23600	Desconhecido
A0A1U8EMR2	Oxygen-dependent coproporphyrinogen-III oxidase, chloroplastic	LIN2	Biossíntese da porfirina
A0A2G2YJ01	A0A2G2YJ01_CAPAN Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A, chloroplastic/mitochondrial OS=Capsicum annuum OX=4072 GN=GATA PE=3 SV=1	AT3G25660	Biossíntese de glutaminil-tRNA ^{Gln} via transaminação, tradução mitocondrial
A0A2G2YJB7	Photosystem II CP47 reaction center protein	PSBB	Corrente de transporte de elétrons fotossintéticos
A0A2G2Z7Z2	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit	RBCL	Fotorrespiração
A0A2G2ZQ40	Cytochrome f	PETA	Fotossíntese
A0A2G2XYR0	CBS domain-containing protein CBSX2, chloroplastic	LEJ1	Homeostase da redox da célula
A0A2G3AJR2	Ribulose bisphosphate carboxylase large chain	RBCL	Ligação de íons de magnésio

Tabela 4: cont.

Acesso	Descrição	Ortólogo <i>Arabidopsis</i> (STRING Mapping)	Processo Biológico
UP - acumuladas			
A0A1U8E1T0	Histone H4	AT5G59970	Montagem do nucleossomo
A0A2G2YQV5	LL-diaminopimelate aminotransferase, chloroplastic	DAP	Processo biossintético
A0A2G2ZGQ6	Glutamate-1-semialdehyde 2,1- aminomutase, chloroplastic	GSA1	Processo biossintético da clorofila
A0A2G2Z4W0	A0A2G2Z4W0_CAPAN Ribokinase OS=Capsicum annuum OX=4072 GN=T459_20516 PE=3 SV=1	AT1G17160	Processo catabólico da D-ribose, processo biossintético do amido
A0A1U8FXF2	Acidic endochitinase Q	HCHIB	Processo catabólico de macromoléculas da parede celular, processo catabólico da quitina, resposta de defesa contra fungos
A0A2G2Y0P8	A0A2G2Y0P8_CAPAN Putative aldo-keto reductase 2 OS=Capsicum annuum OX=4072 GN=T459_32825 PE=4 SV=1	AT1G60690	Processo de óxido-redução
A0A1U8E675	Fructose-1,6-bisphosphatase class 1	AT5G64380	Processo metabólico da frutose
A0A2G2Z4L0	putative glutathione S-transferase	GSTU25	Processo metabólico da glutatona
A0A2G2ZTM7	Adenosylhomocysteinase	SAHH2	Processo metabólico de componentes de enxofre, processo metabólico do aminoácido celular modificado
A0A2G2YTL0	Citrate synthase	CSY3	Processo metabólico do carboidrato

Tabela 4: Cont.

Acesso	Descrição	Ortólogo <i>Arabidopsis</i> (STRING Mapping)	Processo Biológico
UP - acumuladas			
A0A1U8GFG2	A0A1U8GFG2_CAPAN 4-coumarate--CoA ligase OS=Capsicum annuum OX=4072 GN=T459_11853 PE=4 SV=1	LACS9	Processo metabólico do fenilpropanoide
A0A2G2ZPZ9	Peroxidase 12-like	AT1G71695	Processo metabólico do peróxido de hidrogênio
A0A1U8E3T7	Bifunctional monothiol glutaredoxin-S16, chloroplastic	CXIP2	Processo metabólico, geração de metabólitos precursores e energia
A0A2G2ZVV1	Glyoxylate/succinic semialdehyde reductase 2, chloroplastic	GLYR2	Processo metabólico, processo de oxido-redução
A0A1U8FBV9	PKS_ER domain-containing protein	AT4G13010	Processo metabólico, processo de oxido-redução
A0A2G3ANA3	Senescence-specific cysteine protease SAG12	AT2G27420	Proteólise envolvida no processo catabólico de proteína celular
A0A2G3A957	Pectinesterase/pectinesterase inhibitor 18	PMEPCRA	Resposta à bactéria
A0A2G2Y3B2	Soluble inorganic pyrophosphatase 6, chloroplastic-like	PPa6	Resposta a bactéria, resposta à substância inorgânica
A0A1U8EIB5	Heat shock cognate 70 kDa protein 2	HSP70	Resposta à bactéria, resposta à substância inorgânica, resposta a estímulos de temperatura, resposta ao estresse oxidativo
A0A1U8E192	Peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase	GOX1	Resposta a bactéria, resposta de defesa contra bactéria
A0A2G3AC46	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP38, chloroplastic	CYP38	Resposta a bactéria, resposta de defesa contra bactéria
A0A2G2XV13	Calreticulin-3	CRT3	Resposta a bactéria, resposta de defesa contra bactéria

Tabela 4: Cont.

Acesso	Descrição	Ortólogo <i>Arabidopsis</i> (STRING Mapping)	Processo Biológico
UP - acumuladas			
A0A1U8GVB0	Arginase 1, mitochondrial	ARGAH1	Resposta à bactéria, resposta de defesa contra bactéria
A0A2G2ZZH4	Heat shock protein 82	HSP90.1	Resposta a bactéria, resposta de defesa contra bactéria, resposta a estímulos de temperatura
A0A2G2Y6G7	Dirigent protein	AT1G65870	Resposta a doenças
A0A2G2ZN88	A0A2G2ZN88_CAPAN Putative L-Ascorbate peroxidase 8, chloroplastic OS=Capsicum annum OX=4072	TAPX	Resposta a estímulos de temperatura, resposta ao estresse oxidativo,
A0A1U8G5I0	GN=T459_11854 PE=3 SV=1 Stem-specific protein TSJT1-like	AT5G43830	Resposta a estresse
A0A2G2YPL3	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme	FBA6	Resposta à substância inorgânica
A0A1U8G0M6	Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial	ALDH2B4	Resposta à substância inorgânica
A0A2G2YQU6	Glutathione S-transferase L3-like isoform X1	GSTL3	Resposta à substância inorgânica, processo metabólico do aminoácido celular modificado, processo metabólico de compostos de enxofre
A0A2G2YM98	Putative glutathione S-transferase	GSTU8	Resposta à substância inorgânica, processo metabólico do aminoácido celular modificado, processo metabólico de compostos de enxofre
A0A2G2ZE67	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	ROC7	Resposta ao estresse oxidativo
A0A2G2Z8H9	Ferritin-2, chloroplastic	FER2	Resposta ao estresse oxidativo

Tabela 4: Cont.

Acesso	Descrição	Ortólogo <i>Arabidopsis</i> (STRING Mapping)	Processo Biológico
UP - acumuladas			
A0A2G2YQK0	L-ascorbate peroxidase 2, cytosolic	APX2	Resposta ao estresse oxidativo
A0A2G2Z970	L-ascorbate peroxidase 1, cytosolic	APX1	Resposta ao estresse oxidativo, resposta a estímulos de temperatura
A0A2G2YU50	Aconitate hydratase, cytoplasmic-like	ACO3	Resposta ao estresse oxidativo, resposta à substância inorgânica
A0A089FZ95	Dehydroascorbate reductase	DHAR1	Resposta ao estresse oxidativo, resposta à substância inorgânica, processo metabólico do aminoácido celular modificado
A0A2G3AAW3	Ribulose biphosphate carboxylase small chain, chloroplastic	RBCS1A	Resposta aos estímulos de temperatura
A0A2G3A187	17.9 kDa class II heat shock protein	HSP17.6II	Resposta aos estímulos de temperatura, resposta ao calor
A0A1U8HH40	Polygalacturonase inhibitor	PGIP2	Resposta de defesa
A0A2G2YQK1	60S ribosomal protein L4	AT3G09630	Tradução
A0A1U8GMG9	60S ribosomal protein L13	BBC1	Tradução
A0A1U8DVK6	40S ribosomal protein S12-like isoform X1	AT2G32060	Tradução
A0A1U8G5P9	A0A1U8G5P9_CAPAN 40S ribosomal protein S3a OS=Capsicum annuum OX=4072 GN=T459_09903 PE=3 SV=1	AT4G34670	Tradução
A0A2G3AHQ2	60S acidic ribosomal protein P1-like	AT5G24510	Tradução citoplasmática

Tabela 4: Cont.

Acesso	Descrição	Ortólogo <i>Arabidopsis</i> (STRING Mapping)	Processo Biológico
<i>UP - acumuladas</i>			
A0A2G2Z2K4	Photosystem II CP47 reaction center protein	PSBB	Transporte de elétrons fotossintéticos no fotossistema II, Ligação de cromóforo de proteína
A0A2G3AK87	ATP synthase subunit alpha	ATPA	Transporte de prótons da síntese de ATP
A0A1U8GCN1	pathogenesis-related protein STH-2-like	STH-2	Via de sinalização do ácido abscísico, resposta de defesa, resposta a estímulos bióticos
<i>Down - acumuladas</i>			
A0A2G2Z7T8	Photosystem II CP47 chlorophyll apoprotein	PSBB	Cadeia transportadora de elétrons fotossintéticos
A0A023JGD7	Ribulose biphosphate carboxylase small chain, chloroplastic	RBCS1B	Fixação de carbono, fotorrespiração, fotossíntese
A0A2G2XVU0	Ribulose-1,5-biphosphate carboxylase/oxygenase large subunit	RBCL	Fotorrespiração
A0A2G2YRZ3	Ribulose-1,5-biphosphate carboxylase/oxygenase large subunit	RBCL	Fotorrespiração
A0A2G2YFC3	Photosystem I P700 apoprotein A1	PSAA	Fotossíntese
A0A2G2YYI7	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit I, chloroplastic	NDHI	Fotossíntese, reação à luz
A0A2G2ZD36	LL-diaminopimelate aminotransferase, chloroplastic	DAP	Processo biossintético
A0A1U8FBG2	Delta-aminolevulinic acid dehydratase, chloroplastic	HEMB1	Processo biossintético da clorofila

Tabela 4: Cont.

Acesso	Descrição	Ortólogo <i>Arabidopsis</i> (STRING Mapping)	Processo Biológico
Down - acumuladas			
A0A1U8FXN4	3-Dehydroquinate synthase, chloroplastic	AT5G66120	Processo biossintético da família de aminoácidos aromáticos
A0A1U8GF05	A0A1U8GF05_CAPAN Aspartokinase OS=Capsicum annum OX=4072 GN=T459_12067 PE=3 SV=1	AKHSDH1	processo biossintético de aminoácidos da família aspartato, processo biossintético da homoserina, processo biossintético da metionina, processo biossintético da tionina
A0A1U8EJF5	4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase (ferredoxin), chloroplastic	HDS	Processo biossintético de terpenos, processo biossintético de difosfato de isopentenil
A0A1U8H024	Probable plastid-lipid-associated protein 12, chloroplastic	AT1G51110	Processo biossintético do triptofano
A0A1U8HAV5	A0A1U8HAV5_CAPAN Mitochondrial outer membrane protein porin 1 OS=Capsicum annum OX=4072 GN=T459_01922 PE=3 SV=1	VDAC1	Processo celular
A0A2G2XVS9	Actin-100-like	ACT11	Processo celular
A0A2G2YZ20	A0A2G2YZ20_CAPAN Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Capsicum annum OX=4072 GN=T459_22289 PE=3 SV=1	GAPC1	Processo glicolítico
A0A1U8FJU2	Putative DNA replication licensing factor MCM3 -like protein 2-like	AT2G34460	Processo metabólico

Tabela 4: Cont.

Acesso	Descrição	Ortólogo <i>Arabidopsis</i> (STRING Mapping)	Processo Biológico
Down - acumuladas			
B5LAW6	S-adenosylmethionine synthase 3	MAT3	Processo metabólico do carbono
A0A2G3AIK8	26S protease regulatory subunit 8	RPT6A	Regulação positiva da montagem do complexo de pré-iniciação de transcrição de RNA polimerase II
B1PDK0	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	AT2G21130	Remodelagem de proteínas
A0A1U8HCX5	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	LHCB3	Resposta a estímulos de luz
A0A1U8DRU2	Aspartate aminotransferase, chloroplastic	ASP5	Resposta a íons de metal
A0A1U8EUA9	S-adenosylmethionine synthase 2	SAM-2	Resposta a íons de metal
A0A2G2Z4D9	Ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic	AT3G58610	Resposta a íons de metal
A0A2G2Z802	ATP synthase subunit beta, chloroplastic	PB	Síntese de ATP mitocondrial acoplado ao transporte de prótons
A0A2G2YEB3	ATP synthase subunit alpha, chloroplastic	ATPA	Transporte de prótons acoplado à síntese de ATP
A0A2G2Z692	Sulfurtransferase	MST1	Transulfuração
A0A2G2Y0Q2	Carbonic anhydrase	CA1	Utilização de carbono
Únicas – UENF 1381			
A0A2G2YIY9	40S ribosomal protein S8	AT3G07810	Tradução
A0A2G2ZHI4	Phosphoglycerate kinase	PGK1	Resposta à substância inorgânicas, resposta a estímulos de temperatura
A0A2G2XVE8	Photosystem II CP43 reaction center protein	PSBC	Cadeia de transporte de elétrons fotossintéticos

Tabela 4: Cont.

Acesso	Descrição	Ortólogo <i>Arabidopsis</i> (STRING Mapping)	Processo Biológico
Únicas – UENF 1381			
A0A1U8DS55	Lactoylglutathione lyase	AT1G67280	Processo catabólico do metilglioxal para D-lactato via S-lactoil-glutathiona
Q2VT56	Probable glutathione-S-transferase	GSTU8	Processo metabólico da glutathiona
A0A023H832	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase	EFE	Resposta de defesa
A0A1U8F4U6	14-3-3-like protein	RCI1A	Resposta a estresse
A0A2G2ZX23	Photosystem I chlorophyll a apoprotein A1	PSAA	Fotossíntese
A0A2G2YTN3	Photosystem I OS=Capsicum annum	PSAB	Fotossíntese
Únicas – cv. Jalapeño			
A0A1U8EX11	Patatin	PLP4	Processo catabólico de lipídios
A0A2G3A7Q1	Chlorophyll a-b binding protein	LHB1B1	Fotossíntese, resposta a estímulos de luz
A0A1U8HCC7	Putative glutathione S-transferase	GSTU25	Processo metabólico da glutathiona
A0A1U8F8G5	Glutaredoxin-dependent peroxiredoxin	TPX1	Resposta a íons de metal
A0A1U8FRZ9	tubulin beta-1 chain	TUB8	organização do citoesqueleto de microtúbulos, ciclo celular mitótico

3.2.5. DISCUSSÃO

Todas as espécies de plantas cultivadas são desafiadas por uma variedade de fitopatógenos presentes na natureza. Por serem organismos sésseis, as plantas necessitam de mecanismos de defesa eficazes contra patógenos (Lodha et al., 2013). Uma das respostas de defesa é iniciada pela capacidade das plantas em detectar patógenos usando receptores extracelulares e intracelulares, a fim de induzir a subsequente reprogramação celular para a defesa (Fan et al., 2019).

A Proteômica surgiu como uma poderosa ferramenta para investigação de sistemas biológicos. Estudos proteômicos de interação planta-patógeno para quantificar o acúmulo diferencial de proteínas e sua função na defesa, têm revelado informações relevantes para os patologistas e melhoristas de plantas (Rustagi et al., 2018); tais como proteínas específicas, modificações pós-traducionais e vias biológicas que contribuem para a resistência ou suscetibilidade da planta (Elmore et al., 2021).

3.2.5.1. *DAPs* envolvidas na resposta ao estresse oxidativo

A produção de espécies reativas de oxigênio (ROS) está entre os primeiros eventos de resposta contra patógenos. Também chamado de *Burst* oxidativo, as principais moléculas formadas são o peróxido de hidrogênio (H_2O_2), superóxido ($O_2^{\cdot-}$) e o radical hidroxila (OH^{\cdot}) (Apel e Hirt, 2004; O'Brien et al., 2012; Carvezan et al., 2012).

No presente estudo foi identificado no genótipo UENF 1381 em comparação ao genótipo cv. Jalapeño proteínas como ACO3, APX1, APX2, AT1G71695, DHAR1, FER2, TAPX, HSP70, GOX1 que modulam a via de resposta ao estresse oxidativo.

As proteínas APX1 e APX2 fazem parte do grupo chamado proteínas *clean house* (Smirnoff e Arnaud, 2019). Ambas desenvolvem um papel importante no crescimento vegetal e resistência ao estresse oxidativo, realizando a catalise da redução de H_2O_2 para prevenir os riscos que podem ser causados à célula, quando essa molécula é superproduzida (Sofa et al., 2015; Ozyigit et al., 2016). Em *Arabidopsis*, a ausência da proteína APX1 resultou na oxidação de proteínas

cloroplásticas, devido ao excesso de H_2O_2 que foi produzido por estresse luminoso (Davletova et al., 2005).

A proteína DHAR1 é chave no ciclo da glutatona-ascorbato (Leterrier et al., 2005). Este ciclo mostra-se importante quanto aos mecanismos de resistência da planta sob condições de estresse (Foyer e Noctor, 2011). A DHAR1 usa a glutatona como agente redutante, em que ocorre a oxidação da glutatona em glutatona dissulfeto e então, esta é reduzida em glutatona e catalisada pela glutatona redutase (Wu and Dang, 2019; Ding et al., 2020).

A *peroxidase* (AT1G71695) é codificada por uma grande família multigênica (Duroux e Welinder, 2003). Pode atuar no reforço da parede celular usando o H_2O_2 como oxidante, gerando radicais de monolignol fenoxi que formarão polímeros de lignina (Passardi et al., 2004), implicando diretamente na resistência contra diversos patógenos (Van Loon et al., 2006). Em outro trabalho com *C. annuum* foi identificada a peroxidase ($CaPO_2$) após a infecção por *X. euvesicatoria*. Essa proteína desempenhou papel fundamental na ativação dos mecanismos de defesa, como a geração de espécies reativas de oxigênio, reação de hipersensibilidade, a indução de genes *PR* e resistência sistêmica adquirida (SAR) (Choi et al., 2007).

Um estudo com análise do transcriptoma de *C. annuum* após inoculação com *X. euvesicatoria*, revelou expressão diferencial do gene *Capana12g000410* (peroxidase) e da via da atividade peroxidase no genótipo resistente, indicando que essa proteína pode desempenhar um papel importante na resposta de defesa contra essa bactéria (Gao et al., 2021). Brown et al. (1998) identificaram o acúmulo da proteína *FBP1* (peroxidase) em folhas de feijão (*Phaseolus vulgaris*) após inoculação de *X. axonopodis* pv. *phaseoli*. Blee et al. (2001) confirmaram a atuação da proteína *FBP1* como responsável pelo *burst* oxidativo em feijão.

A proteína FER2 (Ferritin) está presente geralmente nos cloroplastos e mitocôndrias e a sua principal função é o armazenamento de ferro (Nouet et al., 2011). Esta pode ser expressa diante de vários fatores ambientais, como o frio, seca, alta intensidade luminosa e ataque de patógenos (Briat et al., 2010). As ferritinas nas plantas também desempenham um papel fundamental no metabolismo do ferro e do oxigênio, a depender dos sinais (ferro, óxido nítrico, peróxido de hidrogênio, ácido abscísico, fotoinibição) aos quais os genes que codificam a *ferritin* respondem (Boughammoura et al., 2007). Interessantemente, a *ferritin* também está presente em diversas espécies bacterianas, sendo capazes de

assegurar a proteção contra o dano oxidativo, favorecendo o ataque contra a planta, e ainda, servir como reserva de ferro para as bactérias (Boughammoura et al., 2007; Pandey et al., 2016).

As proteínas *heat shock proteins* (HSPs) são expressas logo no início do estresse (biótico ou abiótico) ao qual a planta está submetida (Khan et al., 2019). Neste estudo, foi identificada como *up*-acumulada na comparação UENF 1381/ cv. Jalapeño a proteína HSP70. Em outro trabalho com pimenta (*C. annuum*) e laranja (*Citrus sinensis*), Garofalo et al. (2009) analisaram o acúmulo de *small heat shock protein* (sHSPs) durante infecção compatível e incompatível com as bactérias *X. citri* subs. *citri* (causadora do cancro cítrico) e *X. euvesicatoria* (causadora da mancha bacteriana). Esses autores avaliaram o acúmulo das HSPs nos tempos 0, 8, 24 e 48 horas após inoculação e observaram maior acúmulo de HSP70 e HSP60, oito horas após inoculação, sugerindo que essas proteínas atuam de forma basal na resposta imune da planta.

3.2.5.2. DAPs envolvidas na resposta à bactéria

A mancha bacteriana é uma das principais doenças bacterianas do pimentão, sendo causada predominantemente no Brasil pela espécie *X. euvesicatoria* (Areas et al., 2015). Os principais sintomas são a desfolha severa o que causa a exposição dos frutos à luz do sol e conseqüentemente, perda de vigor e redução da produtividade (McAvoy et al., 2021).

No presente trabalho, algumas proteínas *up*-acumuladas como a CRT3, ARGAH1, GOX1, HSP70, HSP90.1, PMEPCRA e PPa6 foram observadas na rede de interação do processo biológico de resposta à bactéria. A proteína CRT3 *calreticulin* tem função de ligação ao cálcio, e está presente no retículo endoplasmático (Joshi et al., 2019). Em *Arabidopsis*, Saijo et al. (2009) analisaram a capacidade de reconhecimento de padrão molecular (PRR), inoculando plantas com *Pseudomonas syringae*. Os autores concluíram que a CRT3 (AT1G08450) em associação com UDP - *glucose glycoprotein glucosyltransferase* (UGGT), foram essenciais no reconhecimento da invasão da bactéria e na ativação do sistema de defesa da planta.

Qiu et al. (2012) identificaram outra classe de *calreticulin* (CRT-2) como reguladora da imunidade inata em *Arabidopsis*, desempenhando função

semelhante à CRT3. As proteínas *calreticulin* estão divididas em três classes (CRT-1, CRT-2 e CRT-3) e todas atuam na imunidade da planta contra patógenos (Yongjian et al., 2012; Joshi et al., 2019).

Outra proteína observada neste estudo foi a (S) – 2 – *hidroxy – acid oxidase* (GOX1), na qual está envolvida na via da fotorrespiração, sendo altamente expressa em tecidos fotoautotróficos (Dellero et al., 2016). A fotorrespiração é essencial em plantas C3, pois garante proteção ao aparato fotossintético dessas plantas (Heber et al., 1996). Além do mais, a fotorrespiração tem importância na resposta das plantas ao ataque de patógenos, e principalmente a GOX, pois produz H₂O₂, que é sinalizadora dos mecanismos de resistência das plantas (Noctor et al., 2015). A proteína GLO1 de arroz que corresponde a GOX1 em *Arabidopsis*, foi identificada no interatoma constituído por proteínas associadas à estresse biótico e abiótico, juntamente com os fatores de transcrição que regulam a expressão gênica durante a ativação da resistência sistêmica adquirida (SAR) (Seo et al., 2011). Nesse contexto, é possível que o acúmulo dessas proteínas em nosso estudo na comparação UENF 1381 / cv. Jalapeño possa estar relacionada à uma resposta do genótipo resistente quando inoculado com a bactéria *X. euvesicatoria* após 12h do ataque do patógeno.

A proteína ARGAH1 também foi *up*-acumulada e um dos principais papéis nas plantas é o fornecimento de fontes de nitrogênio e carbono para a síntese de aminoácidos e poliaminas durante o desenvolvimento e manutenção do estresse (Figura 11) (Winter et al., 2015).

Essa enzima atua no metabolismo da arginina, no qual, a hidrólise da arginina pela arginase produz uréia, e esta é novamente hidrolisada pela urease em amônia e dióxido de carbono (Siddappa e Marathe, 2020). Outro metabólito resultante da arginase é a ornitina. Esta molécula é precursora para a síntese de poliaminas e aminoácidos como prolina e glutamato, que desempenham muitas funções importantes em estresse biótico e abiótico (Winter et al., 2015; Dar et al., 2016). A proteína *arginase 1* em arroz (OsArg 1) foi *up*-acumulada na cultivar resistente (Hwayeong) em comparação com a cultivar suscetível (Dongjin), após inoculação com a bactéria *X. oryzae* pv. *oryzae*, causadora da murcha bacteriana em arroz (Gupta et al., 2022).

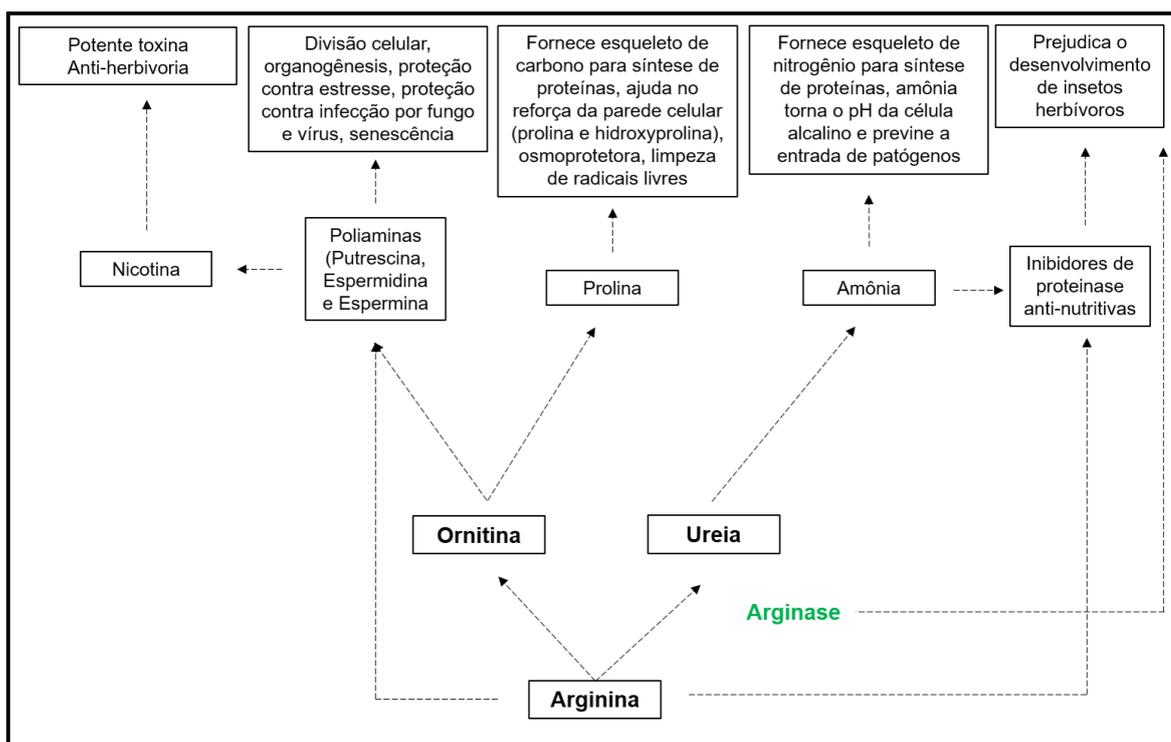


Figura 11. Descrição das funções já elucidadas da arginase e catabólitos de arginina em plantas. 1 – prolina: fruto da biossíntese da ornitina, tem papel importante no reforço da parede celular e na eliminação de radicais livres; 2 – amônia: provinda da ureia, participa principalmente como fonte de nitrogênio para a biossíntese de aminoácidos e inibidores de proteínases; 3 - ornitina e arginina: ambas atuam como precursoras para a biossíntese de poliaminas; a arginase inibe a biodisponibilidade de arginina no intestino do inseto. (Adaptado de Sidappa e Marathe, 2020).

A *Pectinesterase* ou *Pectine methyl-esterase* (PME) catalisa a de-esterificação do ácido D-galactosidurônico metil-esterificado em compostos pécticos (Markovic e Janecek, 2004). A partir dessa catálise é gerada a pectina, que por sua vez, é altamente abundante em todas as paredes celulares primárias da planta e desempenha o papel de uma matriz polissacarídica, incorporando fibras de celulose e hemicelulose na parede celular da planta (Voragen et al., 2009). A PME está envolvida no fortalecimento da parede celular e na interação planta-patógeno, fato este demonstrado em tomate quando inoculado com *Ralstonia solanacearum*, em que mudanças na composição da parede celular devido a de-esterificação pela PME foi detectada no genótipo resistente comparado ao suscetível (Wydra e Beri, 2006).

3.2.5.3. Proteínas envolvidas na resposta de defesa

A proteína *1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase* (EFE) foi expressa unicamente no genótipo resistente em comparação com o suscetível. Essa proteína tem o papel de converter a *1-aminocyclopropane-1-carboxylate* em etileno (Rudus et al., 2013). A EFE tem demonstrado ter uma importante função na interação planta-patógeno. Nie et al. (2002) avaliaram a expressão de transcritos da EFE em batata inoculada com *Potato virus A* (PVA). Os autores observaram indução significativa desses transcritos em folhas, ramos e tubérculos na cultivar Shepody, resistente a esse vírus. Shan e Godwin (2006) silenciaram o gene codificador da EFE em plantas de *Nicotiana benthamiana* infectadas com o fungo *Colletotrichum orbiculare*. Como resultado, todas as plantas com o gene silenciado foram suscetíveis, indicando que essa enzima pode ter ação contra o ataque de patógenos.

Algumas espécies de bactérias desenvolveram mecanismos que atuam na modulação da EFE e do etileno nas plantas, seja por adaptações fisiológicas ou na produção de moléculas eliciadoras que atingem a produção e sinalização de etileno pela planta (Nascimento et al., 2018). A bactéria *X. euvesicatoria* produz uma molécula eliciadora chamada XopD do sistema secretor tipo III, no qual modula a via do etileno em tomate durante a infecção em folhas e inibe a acumulação de mRNAs da biossíntese de etileno. Por outro lado, foram necessárias a produção e a percepção do etileno para inibição do crescimento da bactéria e desenvolvimento dos sintomas foliares (Kim et al., 2013). A presença da EFE como única no genótipo resistente pode indicar que está ocorrendo a modulação da resistência à *X. euvesicatoria*, principalmente por essa proteína ter sido exclusiva do genótipo resistente.

Outra proteína identificada como *up*-acumulada na comparação UENF1381/cv. Jalapeño foi a PGIP2, ν (PGIP2, A0A1U8HH40). Essa proteína é uma *leucine-rich repeats* (LRRs) e desempenha função essencial no reconhecimento de patógenos (Dangl e Jones, 2001). A PGIP tem ação direta contra fungos fitopatogênicos, pois reconhece e inibe a enzima *polygalacturonase* (PGs) (Lorenzo et al., 2001). Por outro lado, as PGs atuam atacando diretamente a parede celular vegetal, em que ocorre a clivagem das ligações entre os resíduos de ácido D-galacturônico em homogalactano não metilado, um componente importante de

pectinas que compõem a parede celular (Lorenzo e Ferrari, 2002). Essas PGs são as armas iniciais de patogenicidade dos fungos, já que são secretadas no início da infecção para realizar a degradação da parede celular (Lorenzo et al. 2001). As PGs dos fungos quando reconhecidas, desencadeiam alguns mecanismos de defesa da planta, como a produção de fitoalexinas, síntese de lignina, acúmulo de β -1-3-glucanases, inibidores de proteinases I e a produção de ROS (D'Ovidio et al., 2004). Estes resultados podem ajudar no entendimento da resistência do UENF 1381 ao fungo *C. scovillei*, já comprovada por Bento et al. (2017) e confirmada na primeira parte deste trabalho.

3.2.5.4. Proteínas envolvidas na resposta ao estresse

A *14-3-3-like protein* (RCI1A) tem sido expressa em resposta a estresse abiótico, bem como estresse salino e alcalino, seca, frio e deficiência nutricional (Huang et al., 2021). Em tabaco, cinco proteínas da família *14-3-3 protein* foram *up*-acumuladas e mostraram-se envolvidas na fosforilação em resposta ao padrão molecular *lipopolysaccharide* (LPS) da bactéria *Burkholderia cepacia* (Gerber et al., 2006). Em folhas de cevada inoculadas com o fungo míldio (*Blumeria graminis*) foi observada a expressão de transcritos da proteína 14-3-3 na fase inicial de infecção, juntamente com outras proteínas associadas a defesa, como *PRs* e peroxidases (Roberts et al., 2002).

3.2.5.5. Proteínas envolvidas na resposta a fungos

As endoquitinases de plantas têm como função principal degradar polímeros de quitina (Grover, 2012). A quitina está presente principalmente na parede celular dos fungos e é um padrão molecular associado à patogênese (PAMP) que desencadeia várias respostas de defesa (Tanabe et al., 2006). Neste trabalho, a proteína *Acidic endochitinase Q* (HCHIB) foi *up*-acumulada. Wang et al. (2018) avaliaram plantas de tabaco inoculadas com o vírus *Tobacco mosaic virus* (TMV) e observaram o mesmo resultado para a regulação proteica. Estes autores também analisaram as vias descritas pelo KEGG (*Kyoto Encyclopaedia of Genes and Genomes*) e duas vias foram envolvidas na regulação da *PR1* contra o TMV.

Os resultados aqui mostrados revelam que a diferença entre as proteínas diferencialmente acumuladas do genótipo resistente (UENF 1381) comparado com o suscetível (cv. Jalapeño), 12 horas após inoculação com *X. euvesicatoria*, possam ser essenciais para o estabelecimento da mancha bacteriana. É importante destacar as proteínas envolvidas com o estresse e a defesa na planta, pois possuem função essencial na defesa contra a *Xanthomonas*.

3.2.5.6. Proteínas *down*-acumuladas na comparação UENF 1381/cv. Jalapeño

Em relação às proteínas *down*-acumuladas na comparação UENF 1381/cv. Jalapeño, o único processo biológico que teve enriquecimento de proteínas foi o de resposta a íons de metal. Entre as proteínas únicas na cv. Jalapeño, podemos citar a *Patatin* (PLP4). Essa proteína pertence à família das *phospholipases* (PLP1 a PLP 10 em *Arabidopsis*) e tem como principal função catalisar a hidrólise de fosfolipídios para produzir ácidos graxos livres e lisofosfolipídios (Canonne et al., 2011).

A relação da PLP com resistência a patógenos tem sido descrita em alguns trabalhos, como demonstrado por Camera et al. (2005) em *Arabidopsis*. Estes autores avaliaram plantas mutantes com o gene que codifica a PLP2 silenciado e outros mutantes superexpressando esse mesmo gene. As plantas foram inoculadas com o fungo *Botrytis cinerea* e a bactéria *P. syringae* pv. *tomato* (*avrRpt2*) e as folhas que superexpressaram a PLP2 apresentaram lesões duas vezes maiores em comparação com as folhas da planta com o gene silenciado, para ambos os patógenos. Os autores indicaram que o acúmulo da PLP2 favorece o desenvolvimento de fungo necrotrófico e bactérias avirulentas nos tecidos foliares.

Com base nos resultados obtidos neste trabalho, pode-se destacar a proteína PLP2 como importante indicativo da suscetibilidade da cv. Jalapeño à mancha bacteriana. Em contrapartida, as proteínas observadas nos outros processos biológicos como resistência à bactéria e resposta de defesa, pode confirmar que o genótipo UENF 1381 apresenta um complexo sistema de defesa que confere resistência à mancha bacteriana.

3.2.6. CONCLUSÕES

- a) A inoculação com *X. euvesicatoria* induziu o acúmulo diferencial de um conjunto de proteínas no genótipo resistente (UENF 1381) em comparação com o suscetível (cv. Jalapeño), 12 horas após inoculação;
- b) Proteínas relacionadas a estresse e a resposta a doenças foram *up*-acumuladas no genótipo resistente, bem como *peroxidase*, *arginase*, *pectinesterase* e *polygalacturonase inhibitor*;
- c) Esses resultados contribuem para o entendimento dos mecanismos de defesa na interação *Capsicum-Xanthomonas* ao nível de proteínas, e servirá para auxiliar outros patossistemas trabalhados no Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal da UENF.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agrios, G. N. (2005). Plant pathology, 5th ed. (p. 635). San Diego, CA:Academic Press.
- Aguilar-MeléndeZ, A., Morrell, P. L., Roose, M. L., Kim, S. C. (2009). Genetic diversity and structure in semiwild and domesticated chiles (*Capsicum annuum*; Solanaceae) from Mexico. *American Journal of Botany*. 96(6): 1190–1202.
- Albrecht, E., Zhang, D., Saftner, R. A., Stommel, J. R. (2012). Genetic diversity and population structure of *Capsicum baccatum* genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 59: 517–538.
- Ali, A., Bordoh, P. K., Singh, A., Siddiqui, Y., Droby, S. (2016). Post-harvest development of anthracnose in pepper (*Capsicum* spp): Etiology and management strategies. *Crop protection*, 90, 132-141.
- Alkan, N., Friedlander, G., Ment, D., Prusky, D., Fluhr, R. (2015). Simultaneous transcriptome analysis of *Colletotrichum gloeosporioides* and tomato fruit pathosystem reveals novel fungal pathogenicity and fruit defense strategies. *New Phytol*, 205(2): 801-815.
- Almeida, C. L. P., Bento C. S., Sudré, C. P., Pimenta, S., Gonçalves, L. S. A., Rodrigues, R. (2020). Genotype-Ideotype distance index and multivariate

analysis to select sources of anthracnose resistance in *Capsicum* spp. *European Journal of Plant Pathology*, 156(1): 223-236.

Amorim, L., Rezende, J. A. M., Bergamin Filho, A. (2011). Manual de fitopatologia: princípios e conceitos. São Paulo.

Andrade, A. E., Silva, L. P., Pereira, J. L., Noronha, E. F., Reis Jr, F. B., Bloch Jr, C., Mehta, A. (2008). In vivo proteome analysis of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* in the interaction with the host plant *Brassica oleracea*. *FEMS microbiology letters*, 281(2): 167-174.

Antonio, A. S., Wiedemann, L. S. M., Junior, V. V. (2018). The genus *Capsicum*: a phytochemical review of bioactive secondary metabolites. *RSC advances*, 8(45): 25767-25784.

ANVISA – Agência Nacional de Vigilância Sanitária (2018). Programa de Análise de Resíduos de Agrotóxicos em Alimentos (PARA). <<https://www.gov.br/anvisa/pt-br/assuntos/agrotoxicos/programa-de-analise-de-residuos-em-alimentos/arquivos/3770json-file-1>>. Acesso: 20/07/2021.

Apel, K., Hirt, H. (2004). Reactive oxygen species: metabolism, oxidative stress, and signal transduction. *Annu. Rev. Plant Biol*, 55: 373-399.

Araújo, M. S. B., Graça, G. A., Alencar, A. A. S., Bispo, R. B., Fukuji, A. Y. S., Fukuji, K. K. N., Cassaro, S., Rodrigues, R. (2019). Predicting genetic potential of advanced pepper lines for resistance to anthracnose caused by *Colletotrichum gloeosporioides*. In: Proceedings of the 17th EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of *Capsicum* and Eggplant 17, 228-229. <https://symposium.inrae.fr/eucarpia-capsicum-eggplant2019/content/download/5824/79309/version/1/file/Proceedings_17thCapsEggEUCARPIA_Avignon2019.pdf>. Acesso em 06 de agosto de 2021.

Areas, M. S., Gonçalves, R. M., Soman, J. M., Sakate, R. K., Gioria, R., da Silva Júnior, T. A., Maringoni, A. C. (2015). Prevalence of *Xanthomonas euvesicatoria* on pepper in Brazil. *Journal of Phytopathology*, 163(11-12): 1050-1054.

- Ashwin, N. M. R., Barnabas, L., Ramesh Sundar, A., Malathi, P., Viswanathan, R., Masi, A., Rakwal, R. (2017). Advances in proteomic technologies and their scope of application in understanding plant–pathogen interactions. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 26(4): 371-386.
- Assunção, M. P., Krause, W., Dallacort, R., dos Santos, P. R. J., Neves, L. G. (2015). Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP. *Rev Caatinga*, 28(2): 57-63.
- Baba, V. Y., Constantino, L. V., Ivamoto, S. T., Moreira, A. F. P., Madeira, T. B., Nixdorf, S. L., Gonçalves, L. S. A. (2019). *Capsicum-Colletotrichum* interaction: Identification of resistance sources and quantification of secondary metabolites in unripe and ripe fruits in response to anthracnose infection. *Scientia Horticulturae*, 246: 469-477.
- Baba, V. Y., Powell, A. F., Ivamoto-Suzuki, S. T., Pereira, L. F., Vanzela, A. L., Giacomini, R. M., Gonçalves, L. S. (2020). Capsidiol-related genes are highly expressed in response to *Colletotrichum scovillei* during *Capsicum annuum* fruit development stages. *Scientific reports*, 10(1): 1-14.
- Barboza, G. E., Bianchetti, L. B. (2005). Three new species of *Capsicum* (Solanaceae) and a key to the wild species from Brazil. *Systematic Botany*, 30:863-871.
- Barboza, G. E., Agra, M. F., Romero, M. V., Scaldaferrro, M. A., Moscone, E. A. (2011) New endemic species of *Capsicum* (Solanaceae) from the Brazilian Caatinga: comparison with the re-circumscribed *C. parvifolium*. *Systematic Botany*. 36:768-781.
- Barboza, G. E, Bianchetti L. B, Stehmann, J. R. (2020). *Capsicum carassense* (Solanaceae), a new species from the Brazilian Atlantic Forest. *PhytoKeys* 140: 125–138.
- Begara-Morales, J. C., Sanchez-Calvo, B., Chaki, M., Valderrama, R., Mata-Perez, C., Lopez-Jaramillo, J. (2013). Dual regulation of cytosolic ascorbate peroxidase

(APX) by tyrosine nitration and S-nitrosylation. *J. Exp. Bot.* 65, 527–538. doi: 10.1093/jxb/ert396

Bento, C. S., de Souza, A. G., Sudré, C. P., Pimenta, S., Rodrigues, R. (2017). Multiple genetic resistances in *Capsicum* spp. *Genetics and molecular research*, 16(3).

Bergamin Filho, A., Amorim, L. (2002). Diseases with a variable incubation period as a function of the host phenology. *Fitopatologia brasileira*, 27(6).

Bianchetti, L. B. (1996) Aspectos morfológicos, ecológicos e biogeográficos de dez táxons de *Capsicum* (Solanaceae) ocorrentes no Brasil. Dissertação (Mestrado em botânica) – Brasília - Universidade de Brasília, 174p.

Blee, K. A., Jupe, S. C., Richard, G., Bolwell, G. P. (2001). Molecular identification and expression of the peroxidase responsible for the oxidative burst in French bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and related members of the gene family. *Plant Molecular Biology*, 47: 607–620.

Bohlmann, H. (1994). The role of thionins in plant protection. *Crit. Rev. Plant Sci.* 13:1–16.

Bolwell, G. P., Bindschedler, L. V., Blee, K. A., Butt, V. S., Davies, D. R., Gardner, S. L., Minibayeva, F. (2002). The apoplastic oxidative burst in response to biotic stress in plants: a three-component system. *Journal of experimental botany*, 53(372): 1367-1376.

Bonas, U. (1994). hrp Genes of Phytopathogenic Bacteria. In: Dangl J.L. (eds) *Bacterial Pathogenesis of Plants and Animals. Current Topics in Microbiology and Immunology*. Springer, Berlin, Heidelberg, 192: 79-96.

Boughammoura, A., Franza, T., Dellagi, A., Roux, C., Matzanke-Markstein, B., Expert, D. (2007). Ferritins, bacterial virulence and plant defence. *Biometals*, 20(3): 347-353.

- Briat, J. F., Ravet, K., Arnaud, N., Duc, C., Boucherez, J., Touraine, B., Gaymard, F. (2010). New insights into ferritin synthesis and function highlight a link between iron homeostasis and oxidative stress in plants. *Annals of botany*, 105(5): 811-822.
- Brown, I., Mansfield, J., Bonas, U. (1995). hrp Genes in *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* determine ability to suppress papilla deposition in pepper mesophyll cells. *Molecular plant-microbe interactions*. 8: 825-836.
- Brown, I., Trethowan, J., Kerry, M., Mansfield, J. W., Bolwell, G. P. (1998). Location of components of the oxidative cross-linking of glycoproteins and callose synthesis in papillae formed during the interaction between non-pathogenic strains of *Xanthomonas campestris* and French bean mesophyll cells. *The Plant Journal*. 15: 333–343.
- Caires, N. P., Pinho, D. B., Souza, J. S. C., Silva, M. A., Lisboa, D. O., Pereira, O. L., Furtado, G. Q. (2014). First report of anthracnose on pepper fruit caused by *Colletotrichum scovillei* in Brazil. *Plant disease*, 98(10): 1437-1437.
- Canonne, J., Froidure-Nicolas, S., Rivas, S. (2011). Phospholipases in action during
- Capaldi, R. A., Aggeler, R., Turina, P., Wilkens, S. (1994). Coupling between catalytic sites and the proton channel in F1F0-type ATPases. *Trends in biochemical sciences*, 19(7): 284-289.
- Casado-Vela, J., Sellés, S., Martínez, R. B. (2006). Proteomic analysis of *tobacco mosaic virus*-infected tomato (*Lycopersicon esculentum* M.) fruits and detection of viral coat protein. *Proteomics*, 6(S1): S196-S206.
- Catara, V., Bella, P. (2020). Bacterial diseases. In *Integrated Pest and Disease Management in Greenhouse Crops*. Springer, Cham, p. 33-54.
- Carvalho, S. I. C., Bianchetti, L. B., Lopes, A. C. A., Cruz, E. M. (2008). Agência de Informação Embrapa, Pimenta. Pré-Produção/ Características. Disponível em:

<<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/pimenta/arvore/CONT000gn05zz5y02wx5ok0liq1mqvd1bet3.html>> acesso em 05 de fevereiro de 2022.

- Carvalho, L. P. D., Farias, F. J. C., Morello, C. D. L., Teodoro, P. E. (2016). Use of REML/BLUP methodology for selecting cotton genotypes with higher adaptability and productive stability. *Bragantia*, 75: 314-321.
- Caverzan, A., Passaia, G., Rosa, S. B., Ribeiro, C. W., Lazzarotto, F., Margis-Pinheiro, M. (2012). Plant responses to stresses: role of ascorbate peroxidase in the antioxidant protection. *Genetics and molecular biology*, 35(4): 1011-1019.
- CEAGESP – Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo (2015). Classificação de pimentão. <<http://www.ceagesp.gov.br/wp-content/uploads/2015/07/pimentao.pdf>. Acesso em 22 julho de 2021>.
- Chen, F., Yuan, Y., Li, Q., He, Z. (2007). Proteomic analysis of rice plasma membrane reveals proteins involved in early defense response to bacterial blight. *Proteomics*, 7(9): 1529-1539.
- Chinchilla, D., Bauer, Z., Regenass, M., Boller, T., Felix, G. (2006). The *Arabidopsis* receptor kinase FLS2 binds flg22 and determines the specificity of flagellin perception. *The Plant Cell*, 18(2): 465-476.
- Chisholm, S. T., Dahlbeck, D., Krishnamurthy, N., Day, B., Sjolander, K., Staskawicz, B. J. (2005). Molecular characterization of proteolytic cleavage sites of the *Pseudomonas syringae* effector *AvrRpt2*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(6): 2087-2092.
- Choi, H. W., Kim, Y. J., Lee, S. C., Hong, J. K., Hwang, B. K. (2007). Hydrogen peroxide generation by the pepper extracellular peroxidase *CaPO2* activates local and systemic cell death and defense response to bacterial pathogens. *Plant physiology*, 145(3): 890-904.

- Chunthawodtiporn, J., Hill, T., Stoffel, K., Van Deynze, A. (2018). Quantitative trait loci controlling fruit size and other horticultural traits in bell pepper (*Capsicum annuum*). *plant genome*, 11(1): 160125.
- Coaker, G., Falick, A., Staskawicz, B. (2005). Activation of a phytopathogenic bacterial effector protein by a eukaryotic cyclophilin. *Science*. 308: 548–550.
- Conesa, A., Götz, S., García-Gómez, J. M., Terol, J., Talón, M., Robles, M. (2005). Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. *Bioinformatics*, 21(18): 3674-3676.
- Costa, R. A., Rodrigues, R., Sudré, C. P. (2002). Resistência à mancha bacteriana em genótipos de pimentão. *Horticultura Brasileira*. 20: 86-89.
- Costa, D. V., Almeida, C. L. P., Bento C. S., Sudré, C. P., Cavalcanti, T. F. M., Gonçalves, L. S. A., Viana, A. P., Rodrigues, R. (2021). Breeding for Pepper yellow mosaic virus resistance and agronomic attributes in recombinant inbred lines of chili pepper (*Capsicum baccatum* L.) using mixed models. *Scientific Horticulture*, 282: 110025
- Couto, D., Zipfel, C. (2016). Regulation of pattern recognition receptor signalling in plants. *Nature Reviews Immunology*, 16(9): 537-552.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2004). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, Brasil.
- Dangl, J. L., Jones, J. D. (2001). Plant pathogens and integrated defence responses to infection. *Nature*, 411(6839): 826-833.
- Dar, M. I., Naikoo, M. I., Rehman, F., Naushin, F., Khan, F. A. (2016). Proline accumulation in plants: roles in stress tolerance and plant development. In *Osmolytes and plants acclimation to changing environment: emerging omics technologies*. Springer, New Delhi, p. 155-166.
- Dangl, J. L., Jones, J. D. (2001). Plant pathogens and integrated defence responses to infection. *Nature*, 411(6839): 826-833.

- Daskalov, S., Poulos, J. M. (1994). Update *Capsicum* gene list. *Capsicum Eggplant Nswl.* 13: 16-26.
- Davletova, S., Rizhsky, L., Liang, H., Shengqiang, Z., Oliver, D. J., Coutu, J., Mittler, R. (2005). Cytosolic ascorbate peroxidase 1 is a central component of the reactive oxygen gene network of *Arabidopsis*. *The Plant Cell*, 17(1): 268-281.
- De Lorenzo, G., D'Ovidio, R., Cervone, F. (2001). The role of polygalacturonase-inhibiting proteins (PGIPs) in defense against pathogenic fungi. *Annual review of phytopathology*, 39(1): 313-335.
- De Lorenzo, G., Ferrari, S. (2002). Polygalacturonase-inhibiting proteins in defense against phytopathogenic fungi. *Current opinion in plant biology*, 5(4): 295-299.
- Dean, R., Van Kan, J. A., Pretorius, Z. A., Hammond-ksak, K. E., Di Pietro, A., Spanu, P. D., Rudd, J. J., Dickman, M., Kalmann, R., Ellis, J., Foster, G. D. (2012). The Top 10 Fungal Pathogens in Molecular Plant Pathology. *Molecular Plant Pathology*. 13: 414-430.
- Dellero, Y., Jossier, M., Glab, N., Oury, C., Tcherkez, G., Hodges, M. (2016). Decreased glycolate oxidase activity leads to altered carbon allocation and leaf senescence after a transfer from high CO₂ to ambient air in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Experimental Botany*. 67: 3149–3163.
- Derera, N. F. (2000). Condiment Paprika: Breeding, Harvesting and Commercialization: a Report for the Rural Industries Research and Development Corporation. *RIRDC publication*, p. 155.
- Deshpande, R. B. (1935). Inheritance of pungency in *Capsicum annum* L. *Indian Journal Agriculture Scientific*. 5:513-516.
- Diao, Y. Z., Zhang, C., Liu, F., Wang, W. Z., Liu, L., Cai, L., Liu, X. L. (2017). *Colletotrichum* species causing anthracnose disease of pimenta in China. *Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*. 38: 20-37.

- Ding, B., Wen, G., Ma, C., Yang, X. (2018). An efficient and robust framework for SAR target recognition by hierarchically fusing global and local features. *IEEE Transactions on Image Processing*, 27(12): 5983-5995.
- Ding, H., Wang, B., Han, Y., Li, S. (2020). The pivotal function of dehydroascorbate reductase in glutathione homeostasis in plants. *Journal of experimental botany*, 71(12): 3405-3416.
- Distler, U., Kuharev, J., Navarro, P., Levin, Y., Schild, H., Tenzer, S. (2013). Drift time-specific collision energies enable deep-coverage data-independent acquisition proteomics. *Nature methods*, 11(2): 167.
- Distler, U., Kuharev, J., Navarro, P., Tenzer, S. (2016). Label-free quantification in ion mobility-enhanced data-independent acquisition proteomics. *Nature protocols*, 11(4): 795.
- D'Ovidio, R., Mattei, B., Roberti, S., Bellincampi, D. (2004). Polygalacturonases, polygalacturonase-inhibiting proteins and pectic oligomers in plant-pathogen interactions. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Proteins and Proteomics*, 1696(2): 237-244.
- Duroux, L., Welinder, K. G. (2003). The peroxidase gene family in plants: a phylogenetic overview. *Journal of Molecular Evolution*, 57(4): 397-407.
- Ekramoddoullah, A. K., Hunt, R. S. (1993). Changes in protein profile of susceptible and resistant sugar pine foliage infected with the white pine blister rust fungus *Cronartium ribicola*. *Canadian journal of plant pathology*, 15(4): 259-264.
- Elmore, J. M., Griffin, B. D., Walley, J. W. (2021). Advances in functional proteomics to study plant-pathogen interactions. *Current opinion in plant biology*, 63: 102061.
- Elvira, M. I., Galdeano, M. M., Gilardi, P., García-Luque, I., Serra, M. T. (2008). Proteomic analysis of pathogenesis-related proteins (PRs) induced by compatible and incompatible interactions of pepper mild mottle virus (PMMoV) in

- Capsicum chinense* L 3 plants. *Journal of Experimental Botany*, 59(6): 1253-1265.
- Epple P, Apel K, Bohlmann H. (1997). Overexpression of an endogenous thionin enhances resistance of *Arabidopsis* against *Fusarium oxysporum*. *Plant Cell* 9:509–20.
- Eshbaugh, W. H. (1993). History and exploitation of a serendipitous new crop discovery. In: J. Janick and J.E. Simon (eds.), *New crops*. Wiley, New York, p. 132-139.
- Eulgem, T. (2005). Regulation of the *Arabidopsis* defense transcriptome. *Trends Plant Sci.* 10: 71–78.
- Fan, K. T., Wang, K. H., Chang, W. H., Yang, J. C., Yeh, C. F., Cheng, K. T., Chen, Y. R. (2019). Application of data-independent acquisition approach to study the proteome changes from early to later phases of tomato pathogenesis responses. *International journal of molecular sciences*, 20(4): 863.
- Fang, X., Chen, W., Xin, Y., Zhang, H., Yan, C., Yu, H., Ruan, S. (2012). Proteomic analysis of strawberry leaves infected with *Colletotrichum fragariae*. *Journal of proteomics*, 75(13): 4074-4090.
- Felix, G., Duran, J. D., Volko, S., Boller, T. (1999). Plants have a sensitive perception system for the most conserved domain of bacterial flagellin. *The Plant Journal*, 18(3): 265–276
- Filgueira, F. A. R. (2013). Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. Viçosa: UFV, p. 421.
- Flor, H. H. (1955). Host-parasite interactions in flax Gene for Gene. In *Phytopathology*. 45: 680–685.
- Foyer, C. H., Noctor, G. (2011). Ascorbate and glutathione: the heart of the redox hub. *Plant Physiology*. 155:2–18.

- Freire, L. R. (2013). Manual de calagem e adubação do Estado do Rio de Janeiro. Embrapa Solos-Livro técnico (INFOTECA-E).
- Fu, Z. Q., Dong, X. (2013). Systemic acquired resistance: turning local infection into global defense. *Annual review of plant biology*, 64: 839-863.
- Gan, P., Ikeda, K., Irieda, H., Narusaka, M., O'Connell, R.J., Narusaka, Y., Takano, Y., Kubo, Y., Shirasu, K. (2012). Comparative genomic and transcriptomic analyses reveal the hemibiotrophic stage shift of *Colletotrichum* fungi. *New Phytologist*. 197:1236–1249.
- Gao, S., Wang, F., Niran, J., Li, N., Yin, Y., Yu, C., Yao, M. (2021). Transcriptome analysis reveals defense-related genes and pathways against *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* in pepper (*Capsicum annuum* L.). *Plos one*, 16(3): e0240279.
- Garita-Cambroner, J., Palacio-Bielsa, A., Lopez, M. M., Cubero, J. (2016). Comparative genomic and phenotypic characterization of pathogenic and non-pathogenic strains of *Xanthomonas arboricola* reveals insights into the infection process of bacterial spot disease of stone fruits. *PloS one*, 11(8): e0161977.
- Garofalo, C. G., Garavaglia, B. S., Dunger, G., Gottig, N., Orellano, E. G., Ottado, J. (2009). Expression analysis of small heat shock proteins during compatible and incompatible plant-pathogen interactions. *Advanced Studies in Biology*. 5: 197-205.
- Gerber, I. B., Laukens, K., Witters, E., Dubery, I. A. (2006). Lipopolysaccharide-responsive phosphoproteins in *Nicotiana tabacum* cells. *Plant Physiology and Biochemistry*, 44(5-6): 369-379.
- Giacomin, R. M., Ruas, C. D. F., Moreira, A. F. P., Guidone, G. H. M., Baba, V. Y., Rodrigues, R., Gonçalves, L. S. A. (2020). Inheritance of anthracnose resistance (*Colletotrichum scovillei*) in ripe and unripe *Capsicum annuum* fruits. *Journal of Phytopathology*, 168(3): 184-192.

- Giacomin, R. M., de Fátima Ruas, C., Baba, V. Y., De Godoy, S. M., Sudré, C. P., dos Santos Bento, C., Gonçalves, L. S. (2021). Phenotypic, molecular and pathogenic characterization of *Colletotrichum scovillei* infecting *Capsicum* species in Rio de Janeiro, Brazil. *PeerJ*, 9: e10782.
- Geronimo, I. G. C. (2018). Melhoramento de *Capsicum annuum* visando resistência à antracnose: caracterização de isolados de *Colletotrichum* spp., herança da resistência e proposta de série diferenciadora. Tese, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
- Godoy, A. V., Lazzaro, A. S., Casalengué, C. A., San Segundo, B. (2000). Expression of a *Solanum tuberosum* cyclophilin gene is regulated by fungal infection and abiotic stress conditions. *Plant Science*, 152(2): 123-134.
- Graça, G. A., Araújo, M. S. B., Alencar, A. A. S., Geronimo, I. G. C., Correa, J. W. S., Almeida, C. L. P., Sudré, C. P., Rodrigues, R. (2020). Associating REML/BLUP and pedigree in developing sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) progenies resistant to bacterial spot. *Euphytica*, 216(7): 1-15.
- Grover, A. (2012). Plant chitinases: genetic diversity and physiological roles. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 31(1): 57-73.
- Guevara-Morato, M. A., García de Lacoba, M., García-Luque, I., Serra, M. T. (2010). Characterization of a pathogenesis-related protein 4 (PR-4) induced in *Capsicum chinense* L3 plants with dual RNase and DNase activities. *Journal of experimental botany*, 61(12): 3259-3271.
- Gupta, R., Min, C. W., Son, S., Lee, G. H., Jang, J. W., Kwon, S. W., Kim, S. T. (2022). Comparative proteome profiling of susceptible and resistant rice cultivars identified an arginase involved in rice defense against *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *Plant Physiology and Biochemistry*. 175:105-114.
- Harp, T. L., Pernezny, K., Ivey, M. L. L., Miller, S. A., Kuhn, P. J., Datnoff, L. (2008). The etiology of recent pepper anthracnose outbreaks in Florida. *Crop Protection*. 27: 1380-1384.

- Harp, T., Kuhn, P., Roberts, P. D., Pernezny, K. L. (2014). Management and cross-infectivity potential of *Colletotrichum acutatum* causing anthracnose on bell pepper in Florida. *Phytoparasitica*. 42: 31-39.
- Heber, U., Bligny, R., Streb, P., Douce, R. (1996). Photorespiration is essential for the protection of the photosynthetic apparatus of C3 plants against photoinactivation under sunlight. *Botanica Acta*, 109(4): 307-315.
- Hernandez-Valladares, M., Aasebo, E., Mjaavatten, O., Vaudel, M., Bruserud, O., Berven, F., Selheim, F. (2016). Reliable FASP-based procedures for optimal quantitative proteomic and phosphoproteomic analysis on samples from acute myeloid leukemia patients. *Biological procedures online*, 18(1): 1-10.
- Hfbrasil.org.br (2017) - HORTIFRUTI/CEPEA: Principais características do pimentão no BR. Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada – CEPEA. Disponível em: <<https://www.hfbrasil.org.br/br/hortifruti-cepea-principais-caracteristicas-do-pimentao-no-br.aspx>>. Acessado em 05 de fevereiro de 2022.
- Hogenhout, S. A., Bos, J. I. (2011). Effector proteins that modulate plant–insect interactions. *Current opinion in plant biology*, 14(4): 422-428.
- Hong, J. K., Hwang, B. K. (2005). Functional characterization of PR-1 protein, β -1, 3-glucanase and chitinase genes during defense response to biotic and abiotic stresses in *Capsicum annuum*. *The Plant Pathology Journal*, 21(3): 195-206.
- Hu, J., Rampitsch, C., Bykova, N. V. (2015). Advances in plant proteomics toward improvement of crop productivity and stress resistance. *Frontiers in plant science*, 6: 209.
- Huang, L. K., Wang, M. J. J. (1995). Image thresholding by minimizing the measures of fuzziness. *Pattern recognit*, 28(1): 41-51.
- Huang, Y., Wang, W., Yu, H., Peng, J., Hu, Z., Chen, L. (2021). The role of 14-3-3 proteins in plant growth and response to abiotic stress. *Plant Cell Reports*. 1-20.

- IPGRI, A. Catie. (1995). Descriptors for *Capsicum* (*Capsicum* spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy; the Asian Vegetable Research and Development Center, Taipei, Taiwan, and the Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza. *Turrialba, Costa Rica*, 17, 4-68.
- Iqbal, Z., Iqbal, M. S., Hashem, A., Abd_Allah, E. F., Ansari, M. I. (2021). Plant defense responses to biotic stress and its interplay with fluctuating dark/light conditions. *Frontiers in Plant Science*, 12: 297.
- Jacques, M. A., Arlat, M., Boulanger, A., Boureau, T., Carrère, S., Cesbron, S., Vernière, C. (2016). Using ecology, physiology, and genomics to understand host specificity in *Xanthomonas*. *Annual review of phytopathology*, 54: 163-187.
- Jain, D., Khurana, J. P. (2018). Role of Pathogenesis-Related (PR) Proteins in Plant Defense Mechanism. In *Molecular Aspects of Plant-Pathogen Interaction*. Springer, Singapore, p. 265-281.
- Jayawardena, R. S., Hyde, K. D., Damm, U., Cai, L., Liu, M., Li, X. H., Yan, J. Y. (2016). Notes on currently accepted species of *Colletotrichum*. *Mycosphere*. 7: 1192-1260.
- Ji, R., Wang, Y., Wang, X., Liu, Y., Shen, X., Feng, H. (2018). Proteomic analysis of the interaction between *Plasmodiophora brassicae* and Chinese cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *Pekinensis*) at the initial infection stage. *Scientia Horticulturae*. 233: 386-393.
- Jing, M., Ma, H., Li, H., Guo, B., Zhang, X., Ye, W., Wang, Y. (2015). Differential regulation of defense-related proteins in soybean during compatible and incompatible interactions between *Phytophthora sojae* and soybean by comparative proteomic analysis. *Plant cell reports*, 34(7): 1263-1280.
- 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, Jeffrey 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. *Systematic and Applied Microbiology*, 27(6): 755–762.
- Jones, J. D., Dangl, J. L. (2006). The plant immune system. *Nature*, 444(7117): 323.
- Joshi, R., Paul, M., Kumar, A., Pandey, D. (2019). Role of calreticulin in biotic and abiotic stress signalling and tolerance mechanisms in plants. *Gene*, 714: 144004.
- Justino, E. V., Fonseca, M. E. N., Ferreira, M. E., Boiteux, L. S., Silva, P. P., Nascimento, W. M. (2018). Estimate of natural cross-pollination rate of *Capsicum annuum* using a codominant molecular marker associated with fruit pungency. *Genetics and Molecular Research*, 17(1).
- Kelleher, N. (2004). Top-down proteomics. *Anual Chem.* 76: 197A-203A.
- Keen, N. T. and Yoshikawa, M. (1983). β -1,3-Endoglucanase from soybean releases elicitor-active carbohydrates from fungus cell wall. *Plant Physiol.* 71:460-465.
- Kethom, W., Mongkolporn, O. (2021). New QTLs for anthracnose resistance identified in *Capsicum baccatum* 'PBC80'-derived recombinant inbred lines. *Euphytica*, 217(6): 1-12.
- Khan, A., Ali, M., Khattak, A. M., Gai, W. X., Zhang, H. X., Wei, A. M., Gong, Z. H. (2019). Heat shock proteins: dynamic biomolecules to counter plant biotic and abiotic stresses. *International journal of molecular sciences*, 20(21): 5321.
- Kim, Y. J. and Hwang, B. K. (1997). Isolation of a basic 34 kiloDalton β -1-3-glucanase with inhibitory against *Phytophthora capsici* from pepper stems. *Physiology Molecular Plant Pathology*. 50: 103-115.
- Kim, S., Kim, K. T., Kim, D. H., Yang, E. Y., Cho, M. C., Jamal, A., Hwang, J. K. (2010) Identification of quantitative trait loci associated with anthracnose resistance in chili pepper (*Capsicum* spp.). *Korean Journal of Horticultural Science and Technology*. 28: 1014-1024.

- Kim, J. G., Stork, W., Mudgett, M. B. (2013). *Xanthomonas* type III effector XopD desumoylates tomato transcription factor SlERF4 to suppress ethylene responses and promote pathogen growth. *Cell host & microbe*, 13(2): 143-154.
- Kint, G., Fierro, C., Marchal, K., Vanderleyden, J., and De Keersmaecker, S. C. J. (2010). Integration of 'omics' data: does it lead to new insights into host-microbe interactions? *Future Microbiol.* 5: 313–328.
- Köppen, W. (1948). *Climatologia: con un estudio de los climas de La Tierra, México: Fondo de Cultura Economica*, 479 p.
- Kong, H. Y., Lee, S. C., Hwang, B. K. (2001). Expression of pepper cyclophilin gene is differentially regulated during the pathogen infection and abiotic stress conditions. *Physiological and molecular plant pathology*, 59(4): 189-199.
- Kraft, K. H., Brown, C. H., Nabhan, G. P., Luedeling, E., Ruiz, J. D. J. L., d'Eeckenbrugge, G. C., Gepts, P. (2014). Multiple lines of evidence for the origin of domesticated chili pepper, *Capsicum annuum*, in Mexico. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(17): 6165-6170.
- Kromina, K. A., Ignatov, A. N., Abdeeva, I. A. (2008). Role of peptidyl-prolyl-cis/trans-isomerases in pathologic processes. *Biochemistry (Moscow) Supplement Series A. Membrane and Cell Biology*, 2(3): 195-202.
- La Camera, S., Geoffroy, P., Samaha, H., Ndiaye, A., Rahim, G., Legrand, M., Heitz, T. (2005). A pathogen-inducible patatin-like lipid acyl hydrolase facilitates fungal and bacterial host colonization in *Arabidopsis*. *The Plant Journal*, 44(5): 810-825.
- Lay, F. T., Anderson MA. (2005). Defensins—components of the innate immune system in plants. *Current Protein & Peptide Science*. 6:85–101.
- Lee, J., Hong, J. H., Do, J. W., Yoon, J. B. (2010). Identification of QTLs for resistance to anthracnose to two *Colletotrichum* species in pepper. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 13: 227-233.

- Leterrier M, Corpas FJ, Barroso JB, Sandalio LM, del Río LA. (2005). Peroxisomal monodehydroascorbate reductase genomic clone characterization and functional analysis under environmental stress conditions. *Plant Physiology*. 138: 2111–23.
- Lodha, T. D., Hembram, P., Nitile Tep, J. B. (2013). Proteomics: a successful approach to understand the molecular mechanism of plant-pathogen interaction. *American Journal of Plant Sciences*, 4(6): 1212 – 1226.
- Lipecka, J., Chhuon, C., Bourderioux, M., Bessard, M. A., Endert, P., Edelman, A., Guerrero, I. C. (2016). Sensitivity of mass spectrometry analysis depends on the shape of the filtration unit used for filter aided sample preparation (FASP). *Proteomics*. 16:1852-1857
- Liu, F., Tang, G., Zheng, X., Li, Y., Sun, X., Qi, X., Zhang, S. (2016). Molecular and phenotypic characterization of *Colletotrichum* species associated with anthracnose disease in peppers from Sichuan Province, China. *Scientific Reports*, 6(32761): 1-17.
- Lu, M., Chen, C., Lan, Y., Xiao, J., Li, R., Huang, J., Ho, C. T. (2020). Capsaicin—the major bioactive ingredient of chili peppers: Bio-efficacy and delivery systems. *Food & function*, 11(4): 2848-2860.
- Luna, E., Pastor, V., Robert, J., Flors, V., Mauch-Mani, B., Ton, J. (2011). Callose deposition: a multifaceted plant defense response. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 24(2): 183-193.
- Mahasuk, P., Khumpeng, N., Wasee, S., Taylor, P. W., Mongkolporn, O. (2009a). Inheritance of resistance to anthracnose (*Colletotrichum capsici*) at seedling and fruiting stages in chili pepper (*Capsicum* spp.). *Plant Breeding*. 128: 701-706.
- Mahasuk, P., Taylor, P. W. J e Mongkolporn O (2009b). Identification of two new genes conferring resistance to *Colletotrichum acutatum* in *Capsicum baccatum*. *Phytopathology*. 99: 1100-1104.

- Mahasuk, P., Chinthaisong, J., Mongkolporn, O. (2013). Differential resistances to anthracnose in *Capsicum baccatum* as responding to two *Colletotrichum* pathotypes and inoculation methods. *Breeding science*, 63: 333-338.
- Mahasuk, P., Struss, D., Mongkolporn, O. (2016). QTLs for resistance to anthracnose identified in two *Capsicum* sources. *Molecular Breeding*. 36: 10.
- Mahmood, T., Jan, A., Kakishima, M., Komatsu, S. (2006). Proteomic analysis of bacterial-blight defense-responsive proteins in rice leaf blades. *Proteomics*, 6(22): 6053-6065.
- Manda, R. R., Pavithra, G., Addanki, V. A., Srivastava, S. (2020). Anthracnose of *Capsicum annuum* L. (Chilli). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 9(11): 749-756.
- Maracahipes, Á. C., Taveira, G. B., Mello, E. O., Carvalho, A. O., Rodrigues, R., Perales, J., Gomes, V. M. (2019). Biochemical analysis of antimicrobial peptides in two different *Capsicum* genotypes after fruit infection by *Colletotrichum gloeosporioides*. *Bioscience reports*. 39(4).
- Maracahipes, Á. C., Taveira, G. B., Sousa-Machado, L. Y., Machado, O. L. T., Rodrigues, R., Carvalho, A. O., Gomes, V. M. (2019). Characterization and antifungal activity of a plant peptide expressed in the interaction between *Capsicum annuum* fruits and the anthracnose fungus. *Bioscience reports*. 39(12).
- Marin-Felix, Y., Groenewald, J. Z., Cai, L., Chen, Q., Marincowitz, S., Barnes, I., Crous, P. W. (2017). Genera of phytopathogenic fungi: GOPHY 1. *Studies in Mycology*, 86: 99–216.
- Markovič, O., Janeček, Š. (2004). Pectin methylesterases: sequence-structural features and phylogenetic relationships. *Carbohydrate Research*, 339(13): 2281-2295.
- Marra, R., Ambrosino, P., Carbone, V., Vinale, F., Woo, S. L., Ruocco, M., Gigante, S. (2006). Study of the three-way interaction between *Trichoderma atroviride*,

plant and fungal pathogens by using a proteomic approach. *Current genetics*, 50(5): 307-321.

Martinelli, F., Reagan, R. L., Dolan, D., Fileccia, V., Dandekar, A. M. (2016). Proteomic analysis highlights the role of detoxification pathways in increased tolerance to Huanglongbing disease. *BMC plant biology*, 16(1): 167.

McAvoy, C., Roberts, P., Jones, J. B. (2021). Bacterial Spot of Pepper. *EDIS*. p. 1-3

McLafferty, F. W., Breuker, K., Jin, M., Han, X., Infusini, G., Jiang, H., Kong, X., Begley, T. P. (2007). Top-down MS, a powerful complement to the high capabilities of proteolysis proteomics. *FEBS J.* 274:6256-6268.

Mcleod, M. J., Guttman, S. I., Enshbaugh, W. H. (1982). Early Evolution of Chili Peppers (*Capsicum*). *Economic Botany*, 36(4): 361-368.

Merda, D., Briand, M., Bosis, E., Rousseau, C., Portier, P., Barret, M., Fischer-Le Saux, M. (2017). Ancestral acquisitions, gene flow and multiple evolutionary trajectories of the type three secretion system and effectors in *Xanthomonas* plant pathogens. *Molecular ecology*, 26(21): 5939-5952.

Minsavage, G.V., Dahlbeck, D., Whalen, M.C., Kearny, B., Bonas, U., Staskawicz, B.J. and Stall, R.E. (1990). Gene-for-gene relationships specifying disease resistance in *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*–pepper interactions. *Molecular Plant–Microbe Interaction*. 3: 41–47.

Mikulic-Petkovsek, M., Schmitzer, V., Jakopic, J., Cunja, V., Veberic, R., Munda, A., Stampar, F. (2013). Phenolic compounds as defence response of pepper fruits to *Colletotrichum coccodes*. *Physiology Molecular Plant Pathology*. 84: 138–145.

Mongkolporn, O., Taylor, P. W. J. (2011) *Capsicum*. In: Kole C. Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources. *Springer*, New York, 5: 43–57.

Mongkolporn, O., Taylor, P. W. J. (2018). Chili anthracnose: *Colletotrichum* taxonomy and pathogenicity. *Plant Pathology*, 67(6): 1255-1263.

- Moscone, E. A., Scaldaferrro, M. A., Grabile, M., Cecchini, N. M., Garcia, Y. S., Jarret, R., Daviña, J. R., Ducasse, D. A., Barboza, G. E., Ehrendorfer, F. (2007). The Evolution of Chili Peppers (*Capsicum* – Solanaceae): A Cytogenetic Perspective. *Acta Horticulturae*. 745: 137- 169.
- Moses, M., Umaharan, P., Dayanandan, S. (2014). Microsatellite based analysis of the genetic structure and diversity of *Capsicum chinense* in the Neotropics. *Genet. Resour. Crop Evolution*. 61: 741-755.
- Montri, P., Taylor, P. W. J., Mongkolporn, O. (2009). Pathotypes of *Colletotrichum capsici*, the causal agent of chili anthracnose, in Thailand. *Plant Disease*, 93: 17-20.
- Moreira, S. O., Rodrigues, R., Araújo, M. L., Sudré, C. P., Riva-Souza, E. M. (2009). Desempenho agronômico de linhas endogâmicas recombinadas de pimenta em dois sistemas de cultivo. *Ciência Rural*. 39: 1387-1393.
- Moreira, S. O., Rodrigues, R., Araújo, M. L. D., Riva-Souza, E. M., Oliveira, R. L. D. (2010) Agronomic performance of recombinant inbred of *Capsicum annuum* L. lines cultivated under organic system and greenhouse conditions. *Ciência e agrotecnologia*, 34: 886-891.
- Moreira, S. O., Rodrigues, R., Oliveira, H. S., Medeiros, A. M., Sudré, C. P., Gonçalves, L. S. A. (2013). Phenotypic and genotypic variation among *Capsicum annuum* recombinant inbred lines resistant to bacterial spot. *Genetics and Molecular Research*. 12: 1232-1242.
- Muthamilarasan, M., Prasad, M. (2013). Plant innate immunity: an updated insight into defense mechanism. *Journal of biosciences*, 38(2): 433-449.
- Nagalakshmi, U., Wang, Z., Waern, K., Shou, C., Raha, D., Gerstein, M., Snyder, M. (2008). The transcriptional landscape of the yeast genome defined by RNA sequencing. *Science*, 320(5881): 1344-1349.

- Nanjo, Y., Skultety, L., Uvać kova, L., Klubicova, K., Hajduch, M., Komatsu, S. (2012). Mass spectrometry-based analysis of proteomic changes in the root tips of flooded soybean seedlings. *Journal Proteome Research*. 11: 372–385.
- Nascimento, F. X., Vicente, C. S. L., Barbosa, P., Espada, M., Glick, B. R., Mota, M. (2013). Evidence for the involvement of ACC deaminase from *Pseudomonas putida* UW4 in the biocontrol of pine wilt disease caused by *Bursaphelenchus xylophilus*. *BioControl*. 58: 427–433.
- Neitzke, R. S., Barbieri, R. L., Vasconcelos, C. S., Fischer, S. Z., Vilella, J. C. B., Castro, C. M. (2014). Caracterização Morfológica e Estimativa da Distância Genética de Acessos de Pimenta do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado. *Embrapa Clima Temperado. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento*, 178: 1678-2518.
- Nejat, N., Rookes, J., Mantri, N. L., Cahill, D. M. (2017). Plant–pathogen interactions: toward development of next-generation disease-resistant plants. *Critical reviews in biotechnology*, 37(2): 229-237.
- Neupane, P., Bhujju, S., Thapa, N., Bhattarai, H. K. (2019). ATP synthase: structure, function and inhibition. *Biomolecular concepts*, 10(1): 1-10.
- Nie, X., Singh, R. P., Tai, G. C. (2002). Molecular characterization and expression analysis of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homologs from potato under abiotic and biotic stresses. *Genome*, 45(5): 905-913.
- Noctor, G., Lelarge-Trouverie, C., Mhamdi, A. (2015). The metabolomics of oxidative stress. *Phytochemistry*. 112: 33–53.
- Nouet, C., Motte, P., Hanikenne, M. (2011). Chloroplastic and mitochondrial metal homeostasis. *Trends in plant science*, 16(7): 395-404.
- O'Brien, J. A., Daudi, A., Butt, V. S., Bolwell, G. P. (2012). Reactive oxygen species and their role in plant defence and cell wall metabolism. *Plant*, 236(3): 765-779.

- O'Connell, R. J., Thon, M. R., Hacquard, S., Amyotte, S. G., Kleemann, J., Torres, M. F., Damm, U., Buiate, E. A., Epstein, L., Alkan, N. (2012). Lifestyle transitions in plant pathogenic *Colletotrichum* fungi deciphered by genome and transcriptome analyses. *Nature Genetics*. 44: 1060–1065.
- O'Farrell, P. H. (1975). High resolution two-dimensional electrophoresis of proteins. *Journal of Biological Chemistry*, 250(10): 4007-4021.
- Oliveira, H. S., Rodrigues, R., Bento, C. B., Medeiros, A. M., Sudré, C. P., Couto, M. F., Viana, A. P. (2015). Towards a new strategy to breed an autogamous plant: A case of study in *Capsicum baccatum* var. *pendulum*. *Scientia Horticulturae*, 192: 279-286.
- Ozyigit, I. I., Filiz, E., Vatansever, R., Kurtoglu, K. Y., Koc, I., Öztürk, M. X., Anjum, N. A. (2016). Identification and comparative analysis of H₂O₂-scavenging enzymes (ascorbate peroxidase and glutathione peroxidase) in selected plants employing bioinformatics approaches. *Frontiers*, 7: 301.
- Pandey, S. S., Patnana, P. K., Lomada, S. K., Tomar, A., Chatterjee, S. (2016). Co-regulation of Iron Metabolism and Virulence Associated Functions by Iron and XibR, a Novel Iron Binding Transcription Factor, in the Plant Pathogen *Xanthomonas*. *PLoS Pathogens*, 12(11): e1006019.
- Passardi F, Penel C, Dunand C. (2004). Performing the paradoxical: How plant peroxidases modify the cell wall. *Trends Plant Sci*. 9:534–40.
- Park, S., Jeong, W. Y., Lee, J. H., Kim, Y. H., Jeong, S. W., Kim, G. S., Bae, D. W., Lim, C. S., Jin, J. S., Lee, S. J., Shin, S. C. (2012). Determination of Polyphenol Levels Variation in *Capsicum annuum* L. cv. Chelsea (yellow bell pepper) infected by anthracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*) using liquid chromatography-tandem mass spectrometry. *Food chemistry*. 130:981-985.
- Pandey, K. K., Gupta, R. C. (2016). Management of anthracnose (*Colletotrichum capsici*) in chilli (*Capsicum annum* L.) through fungicides, bioagents and hand picking methods. *Journal of Spices and Aromatic Crops*, 24(2): 141-144.

- Pakdeevaporn, P., Wasee, S., Taylor, P. W. J., Mongkolporn, O. (2005). Inheritance of Resistance to Anthracnose Caused by *Colletotrichum capsici* in *Capsicum*. *Plant Breeding*; 124(2): 206-208.
- Park, S., Kim, S. H., Park, H. G., Yoon, J. B. (2009). *Capsicum* germplasm resistant to pepper anthracnose differentially interact with *Colletotrichum* isolates. *Horticulture Environment Biotechnology*. 50: 17-23.
- Patterson, H. D., & Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58(3), 545-554.
- Pennington, S. R., Dunn, M. J. (Eds.). (2001). Proteomics: from protein sequence to function. *Garland Science*. p. 285.
- Pereira, R. B., Pinheiro, J. B., Guimarães, J. A. (2016). Manejo de Doenças Fúngicas no Sistema de Produção Integrada do Pimentão (PIP). Embrapa Hortaliças, Brasília, DF. *Embrapa Hortaliças. Circular técnica*. 147: 1-12.
- Peyraud, R., Dubiella, U., Barbacci, A., Genin, S., Raffaele, S., Roby, D. (2017). Advances on plant–pathogen interactions from molecular toward systems biology perspectives. *The Plant Journal*, 90(4): 720-737.
- Phoulivong, S., Cai, L., Chen, H., McKenzie, E. H., Abdelsalam, K., Chukeatirote, E., Hyde, K. D. (2010). *Colletotrichum gloeosporioides* is not a common pathogen on tropical fruits. *Fungal Diversity*, 44(1): 33-43.
- Pickersgill, B. (1986). *Capsicum* spp. In: León, J. (Org.). Guidelines for seed exchange and plant introduction in tropical crops. *FAO*, p. 73-78.
- Pickersgill, B. (1997). Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp. *Euphytica*, 96: 129-133.
- Pimenta, S., Rodrigues, R., Sudré, C. P., Moraes, J. G., Bento, C. S., Medeiros, A. M. (2016). Protecting vegetable cultivars in Brazil: a chili pepper case-study research. *Horticultura Brasileira*, 34(2): 161-167.

- Pinto, C. M. F., Cruz, R. M. (2011). Agronegócio Pimenta em Minas Gerais. In: Congresso Brasileiro de Olericultura. *Horticultura brasileira*, Viçosa, 51: 5744-5765.
- Pinto, C. M. F., Santos, I. C. D., Araujo, F. F. D., Silva, T. P. D. (2016). Pepper importance and growth (*Capsicum* spp.). In: *Production and breeding of chilli peppers (Capsicum spp.)*. Springer, Cham. p. 1-25.
- Potnis, N., Minsavage, G., Kennon Smith, J., Hurlbert, J.C., Norman, D., Rodrigues, R., Stall, R.E. and Jones, J.B. (2012). Avirulence proteins *AvrBs7* from *Xanthomonas gardneri* and *AvrBs1* from *Xanthomonas euvesicatoria* contribute to a novel gene-for-gene interaction in Pepper. *Mol. Plant–Microbe Interact.* 25: 307–320.
- Prusky, D., Alkan, N., Mengiste, T., Fluhr, R. (2013). Quiescent and necrotrophic lifestyle choice during postharvest disease development. *Annual Review of Phytopathology.* 51: 155–176.
- Qiu, Y., Xi, J., Du, L., Roje, S., & Poovaiah, B. W. (2012). A dual regulatory role of *Arabidopsis* calreticulin-2 in plant innate immunity. *The Plant Journal*, 69(3): 489-500.
- Rampitsch, C., Bykova, N. V., McCallum, B., Beimcik, E. V. A., Ens, W. (2006). Analysis of the wheat and *Puccinia triticina* (leaf rust) proteomes during a susceptible host-pathogen interaction. *Proteomics*, 6(6): 1897-1907.
- Ranathunge, N. P., Mongkolporn, O., Ford, R., Taylor, P. W. J. (2012). *Colletotrichum truncatum* pathosystem on *Capsicum* spp: infection, colonization and defence mechanisms. *Australasian Plant Pathology*, 41: 463 – 73.
- Reifschneider, F. J. B., Melo, W. F., Amaro, G. B., Vilela, N. J., Henz, G. P., Ribeiro, C. S. C. (2008). Agência de Informação Embrapa, Pimenta/Importância. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/pimenta/arvore/CONT000gn05zz5y02wx5ok0liq1mqqndpd2.html>>. Acessado em 05 de fevereiro de 2022.

- Reis, A., Boiteux, L. S., Henz, G. P. (2009). Antracnose em hortaliças da família Solanacea. *Embrapa Hortaliças, Circular técnica*. 79 1-9.
- Rep, M., Dekker, H. L., Vossen, J. H., Boer, A. D., Houterman, P. M., Speijer, D., Cornelissen, B. J. (2002). Mass spectrometric identification of isoforms of PR proteins in xylem sap of fungus-infected tomato. *Plant Physiology*, 130(2): 904-917.
- Resende, M. D. V. (2007). Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético (1a). Colombo, p. 561.
- Resende, M. D. V. (2016). Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding Applied Biotechnology*, 16: 330-339.
- Resende, M. D. V., Alves, R. S. (2021). Genética: estratégias de melhoramento e métodos de seleção. Embrapa Florestas, p. 32.
- Ribeiro, C. S. C., Reifschneider, F. J. B. (2008) Genética e melhoramento. In: Ribeiro, C. S. C., Lopes, C. A., Carvalho, S. I. C., Henz, G. P., Reifschneider, F. J. B. (Ed.). Pimentas *Capsicum*. Brasília: Embrapa Hortaliças. p. 55-69.
- Riva, E. M., Rodrigues, R., Pereira, M. G., Sudré, C. P., Amaral Júnior, A. T., Karasawa, M. (2003). Efeitos gênicos na herança da resistência à mancha bacteriana em pimentão. *Horticultura Brasileira*. 21: 363.
- Riva, E. M., Rodrigues, R., Pereira, M. G., Sudré, C. P., Karasawa, M. Amaral Júnior, A. T. (2004). Inheritance of bacterial spot disease in *Capsicum annuum* L. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4: 490-494.
- 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: 418.
- Riva-Souza, E. M., Rodrigues, R., Sudré, C. P., Pereira, M. G., Viana, A. P., Amaral Júnior, A. T. D. (2007). Obtaining pepper F_{2:3} lines with resistance to the bacterial spot using the pedigree method. *Horticultura Brasileira*. 25: 567-571.

- Riva-Souza, E. M., Rodrigues, R., Sudré, C. P., Pereira, M. G., Bento, C. B., Matta, F. P. (2009). Genetic parameters and selection for resistance to bacterial spot in recombinant F₆ lines of *Capsicum annum*. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 9:108-115.
- Roberts, M. R., Salinas, J., Collinge, D. B. (2002). 14-3-3 proteins and the response to abiotic and biotic stress. *Plant molecular biology*, 50(6): 1031-1039.
- Roberts, P. D., Adkins, S., Pernezny, K., Jones, J. B. (2004). Diseases of pepper and their management. In *Diseases of Fruits and Vegetables: Volume II*. Springer, Dordrecht, p. 333-387.
- Rodrigues, R., Bento, C. S., Pimenta, S., Sudré, C. P. (2016). Melhoramento genético de pimentão e pimentas - *Capsicum* spp. In: Nick, C. e Borém, A. (Eds) *Melhoramento de hortaliças*. Viçosa-MG: UFV, p.221-250.
- Romero, A. M., Kousik, C. S., Ritchie, D. F. (2001). Resistance to bacterial spot in bell pepper induced by acibenzolar-S-methyl. *Plant Disease*, 85(2): 189-194.
- Ruduś, I., Sasiak, M., Kępczyński, J. (2013). Regulation of ethylene biosynthesis at the level of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase (ACO) gene. *Acta Physiologiae Plantarum*, 35(2): 295-307.
- Ruelas, C., Tiznado-Hernandez, M.E., Sanchez-Estrada, A., Robles-Burgueno, M.R., Troncoso-Rojas, R. (2006). Changes in phenolic acid content during *Alternaria alternata* infection in tomato fruit. *J. Phytopathol.* 154: 236–244.
- Rustagi, A., Singh, G., Agrawal, S., Gupta, P. K. (2018). Proteomic studies revealing enigma of plant–pathogen interaction. In *Molecular Aspects of Plant-Pathogen Interaction*. Springer, Singapore, p. 239-264.
- Ryan, R. P., Vorhölter, F. J., Potnis, N., Jones, J. B., Van Sluys, M. A., Bogdanove, A. J., Dow, J. M. (2011). Pathogenomics of *Xanthomonas*: understanding bacterium–plant interactions. *Nature Reviews Microbiology*, 9(5), 344.

- Sahitya, U. L., Deepthi, S., Kasim, P., Suneetha, P., Krishna, M. S. R. (2014) Anthracnose, a prevalent disease in *Capsicum*. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 5(3): 1583-1604.
- Saijo, Y., Tintor, N., Lu, X., Rauf, P., Pajerowska-Mukhtar, K., Häweker, H., Schulze-Lefert, P. (2009). Receptor quality control in the endoplasmic reticulum for plant innate immunity. *The EMBO journal*, 28(21): 3439-3449.
- Salvato, F., Carvalho, M. C. D. C. G. D. (2010). Métodos e estratégias em proteômica e suas aplicações na área vegetal. *Ciência rural*, (40). 727-734.
- Saxena, A., Raghuwanshi, R., Gupta, V. K., Singh, H. B. (2016). Chilli anthracnose: The epidemiology and management. *Frontiers in Microbiology*, 7.
- Schluter, H., Apweiler, R., Holzhutter, H., Jungblut, P. R. (2009). Finding one's way in proteomics: a protein species nomenclature. *Chemistry Central Journal* 3(11):11.
- Schuller, D.J., Ban, N., van Huystee, R.B., McPherson, A., Poulos, T.L. (1996). The crystal structure of peanut peroxidase. *Structure*, 4(3):311-321.
- Sediyama, M. A. N., dos Santos, I. C., de Lima, P. C. (2015). Cultivo de hortaliças no sistema orgânico. *Ceres*, 61(7).
- Šević, M., Gašić, K., Ignjatov, M., Mijatović, M., Prokić, A., & Obradović, A. (2019). Integration of biological and conventional treatments in control of pepper bacterial spot. *Crop Protection*, 119: 46–51.
- Sharma, M., Kulshrestha, S. (2015). *Colletotrichum gloeosporioides*: an anthracnose causing pathogen of fruits and vegetables. *Biosciences Biotechnology Research Asia*, 12(2): 1233-1246.
- Shin, R., Lee, G. J., Park, C. J., Kim, T. Y., You, J. S., Nam, Y. W., Paek, K. H. (2001). Isolation of pepper mRNAs differentially expressed during the hypersensitive

response to tobacco mosaic virus and characterization of a proteinase inhibitor gene. *Plant Science*. 161: 727–737.

Siddappa, S., Marathe, G. K. (2020). What we know about plant arginases?. *Plant Physiology and Biochemistry*, 156: 600-610.

Silva, M. P. (2007). Aspectos clássicos e moleculares no melhoramento de pimentão visando à resistência à mancha bacteriana. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 90p.

Silva, S. A., Rodrigues, R., Gonçalves, L. S., Sudré, C. P., Bento, C. S., Carmo, M. G., Medeiros, A. M. (2014). Resistance in *Capsicum* spp. to anthracnose affected by different stages of fruit development during pre-and post-harvest. *Tropical Plant Pathology*, 39: 335-341.

Silva, D. D., Ades, P. K., Crous, P. W. Taylor, P. W. J. (2016). *Colletotrichum* species associated with chili anthracnose in Australia. *Plant Pathology*, 66: 254-267.

Silva, J. R., Chaves, T. P., da Silva, A. R., Barbosa, L. D. F., Costa, J. F., Ramos-Sobrinho, R., Assunção, I. P. (2017). Molecular and morpho-cultural characterization of *Colletotrichum* spp. associated with anthracnose on *Capsicum* spp. in northeastern Brazil. *Tropical Plant Pathology*, 42(4): 315-319.

Silva, L. R. A., Rodrigues, R., Pimenta, S., Correa, J. W. S., Araujo, M. S. B., Bento, C. S., Sudré, C. P. (2017). Inheritance of bacterial spot resistance in *Capsicum annum* var. *annuum*. *Genetic and Molecular Research*, 16(2): 1-11.

Silva, D. D., Ades, P. K., Taylor, P. W. (2021). Pathogenicity of *Colletotrichum* species causing anthracnose of *Capsicum* in Asia. *Plant Pathology*, 70(4): 875-884.

Singh, P., Pitambara, R. R., Dev, D., Maharshi, A. (2018). Proteomics approaches to study host pathogen interaction. *J Pharmacogn Phytochem*, 7(4): 1649-1654.

- Seo, Y. S., Chern, M., Bartley, L. E., Han, M., Jung, K. H., Lee, I., Ronald, P. C. (2011). Towards establishment of a rice stress response interactome. *PLoS genetics*, 7(4): e1002020.
- Šević, M., Gašić, K., Ignjatov, M., Mijatović, M., Prokić, A., & Obradović, A. (2019). Integration of biological and conventional treatments in control of pepper bacterial spot. *Crop Protection*, 119: 46–51.
- Shan, X. C., Goodwin, P. H. (2006). Silencing an ACC oxidase gene affects the susceptible host response of *Nicotiana benthamiana* to infection by *Colletotrichum orbiculare*. *Plant Cell*. 25: 241–247.
- Smirnoff, N., and Arnaud, D. (2019). Hydrogen peroxide metabolism and functions in plants. *New Phytol.* 221, 1197–1214.
- Soare, R., Dinu, M., Băbeanu, C., Popescu, M., Popescu, A. (2017). Nutritional value and antioxidant activities in fruit of some cultivars of pepper (*Capsicum annuum* L.). *Journal of Agroalimentary Processes and Technologies*, 23(4): 217-222.
- Souza, C. S., Paulsen, B. S., Devalle, S., Lima Costa, S., Borges, H. L., Rehen, S. K. (2015). Commitment of human pluripotent stem cells to a neural lineage is induced by the pro-estrogenic flavonoid apigenin. *Advances in Regenerative Biology*, 2(1): 29244.
- Sofo, A., Scopa, A., Nuzzaci, M., and Vitti, A. (2015). Ascorbate peroxidase and catalase activities and their genetic regulation in plants subjected to drought and salinity stresses. *International Journal of Molecular Sciences*. 16: 13561–13578.
- Son, H.S., Lim, K.S., Chung, H.J., Yang, S.J., Hong, Y.S. (2014). Metabolic phenotyping of berries in different six grape (*Vitis vinifera*) cultivars. *Journal of the Korean Society for Applied Biological Chemistry*. 57 (4): 491–502.
- Srivastava, A., Mangal, M. (2019). *Capsicum* breeding: history and development. In *The Capsicum Genome*. Springer, Cham, p. 25-55.

- Stall, R.E., Jones, J.B. and Minsavage, G.V. (2009). Durability of resistance in tomato and pepper to *xanthomonads* causing bacterial spot. *Annu. Rev. Phytopathol.* 47: 265– 284.
- Strauss, T., van Poecke, R.M.P., Strauss, A., Römer, P., Minsavage, G.V., Singh, S., Wolf, C., Strauss, A., Kim, S., Lee, H.-A. (2012). RNA-seq pinpoints a *Xanthomonas* TAL-effector activated resistance gene in a large-crop genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences.* 109(47): 19480-19485.
- Sun, C., Mao, S. L., Zhang, Z. H., Palloix, A., Wang, L. H., Zhang, B. X. (2015). Resistances to anthracnose (*Colletotrichum acutatum*) of *Capsicum* mature green and ripe fruit are controlled by a major dominant cluster of QTLs on chromosome P5. *Scientia Horticulturae*, 181: 81-88.
- Suwor, P., Thummabenjapone, P., Sanitchon, J., Kumar, S., Techawongstien, S. (2015). Phenotypic and genotypic responses of chili (*Capsicum annuum* L.) progressive lines with different resistant genes against anthracnose pathogen (*Colletotrichum* spp.). *European journal of plant pathology*, 143(4): 725-736.
- Syukur, M., Sujiprihati, S., Koswara, J. (2013). Genetic analysis for resistance to anthracnose caused by *Colletotrichum acutatum* in chili pepper (*Capsicum annuum* L.) using diallel crosses. *Journal of Breeding and Genetics*, 45(3): 400-408.
- Tanabe, S., Okada, M., Jikumaru, Y., Yamane, H., Kaku, H., Shibuya, N. and Minami, E. (2006). Induction of resistance against rice blast fungus in rice plants treated with a potent elicitor, N-acetylchitooligosaccharide. *Bioscience Biotechnology Biochemical.* 70: 1599–1605.
- Than, P. P., Prihastuti, H., Phoulivong, S., Taylor, P. W., Hyde, K. D. (2008). Chili Anthracnose Disease Caused by *Colletotrichum* Species. *Journal of Zhejiang University Science.* 9:764-778.
- Thomma, B. P. H. J., Cammue, B. P. A., Thevissen K. (2002). Plant defensins. *Plant.* 216:193–202.

- Tian, S., Torres, R., Ballester, A.-R., Li, B., Vilanova, L., González-Candelas, L. (2016). Molecular aspects in pathogen-fruit interactions: virulence and resistance. *Postharvest Biological Technology* 122, 11–21.
- Tong N, Bosland, P. W. (2003). Observations on interspecific compatibility and meiotic chromosome behavior of *Capsicum buforum* and *C. lanceolatum*. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 50: 193-199.
- Toyota, M., Spencer, D., Sawai-Toyota, S., Jiaqi, W., Zhang, T., Koo, A. J., Gilroy, S. (2018). Glutamate triggers long-distance, calcium-based plant defense signaling. *Science*, 361(6407): 1112-1115.
- Vallejos, C. E., Jones, V., Stall, R.E., Jones, J. B., Minsavage, G. V., Shultz, D. C., Rodrigues, R., Olsen, L. E., Mazourek, M. (2010). Characterization of two recessive genes controlling resistance to all races of bacterial spot in peppers. *Theoretical and Applied Genetics*. 121: 37-46.
- Van Loon, L. C., Rep, M., Pieterse, C. M. (2006). Significance of inducible defense-related proteins in infected plants. *Annu. Rev. Phytopathol.*, 44: 135-162.
- Van Zonneveld, M., Ramirez, M., Williams, D. E., Petz, M., Meckelmann, S., Avila, T., Bejarano, C., Ríos, L., Peña, K., Jäger, M., Libreros, D., Amaya, K., Scheldeman, X. (2015). Screening genetic resources of *Capsicum* peppers in their primary center of diversity in Bolivia and Peru. *PLoS One*. 10: e0134663.
- Vencovsky, R. (1987). Herança quantitativa. *Melhoramento e produção de milho*, 2: 137-214.
- Viana AP, Resende MDV (2014) Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras. Interciência. Rio de janeiro.
- Villeth, G. R., Carmo, L. S., Silva, L. P., Santos, M. F., de Oliveira Neto, O. B., Grossi-de-Sá, M. F., Mehta, A. (2016). Identification of proteins in susceptible and resistant Brassica oleracea responsive to *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* infection. *Journal of proteomics*, 143: 278-285.

- Voragen, A. G., Coenen, G. J., Verhoef, R. P., Schols, H. A. (2009). Pectin, a versatile polysaccharide present in plant cell walls. *Structural Chemistry*, 20(2): 263-275.
- Wang, D., Bosland, P. W. (2006). The genes of *Capsicum*. *HortScience*, 41(5): 1169-1187.
- Wang, R., Wang, S., Pan, W., Li, Q., Xia, Z., Guan, E., Yi, Z. (2018). Strategy of tobacco plant against black shank and Tobacco mosaic virus infection via induction of PR-1, PR-4 and PR-5 proteins assisted by medicinal plant extracts. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 101: 127-145.
- Wasinger, V. C., Cordwell, S. J., Cerpapoljak, A., Yan, J. X., Gooley, A. A., Wilkins, M. R., Duncan, M. W., Harris, R., Williams, K. L. Humpherysmith, I. (1995). Progress with gene-product mapping of the mollicutes - *Mycoplasma genitalium*. *Electrophoresis*, 16(7):1090-1094.
- Wickham H (2016) ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Springer-Verlag, New York.
- Wilkins, M. R., Williams, K. L., Appel, R. D., Hochstrasser, D. F. (Eds.). (1997). Proteome research: new frontiers in functional genomics. Springer Science & Business Media.
- Wilkins, M. R., Pasquali, C., Appel, R. D., Ou, K., Golaz, O., Sanchez, J. C., Yan, J. X., Gooley, A. A., Hughes, G., HumpherySmith, I., Williams, K.L. Hochstrasser, D.F. (1996a). From proteins to proteomes: Large scale protein identification by two-dimensional electrophoresis and amino acid analysis. *Bio-Technology* 14(1):61-65.
- Winter, G., Todd, C. D., Trovato, M., Forlani, G., Funck, D. (2015). Physiological implications of arginine metabolism in plants. *Frontiers in plant science*, 6: 534.
- Wisniewski, J. R., Zougman, A., Nagaraj, N., Mann, M. (2009). Universal sample preparation method for proteome analysis. *Nat. Methods*. 6:359-362.

- Wydra, K., Beri, H. (2006). Structural changes of homogalacturonan, rhamnogalacturonan I and arabinogalactan protein in xylem cell walls of tomato genotypes in reaction to *Ralstonia solanacearum*. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 68(1-3): 41-50.
- Wu, B., Wang, B. (2019). Comparative analysis of ascorbate peroxidases (APXs) from selected plants with a special focus on *Oryza sativa* employing public databases. *Plos one*, 14(12): e0226543.
- Yamchi, A., Ben, C., Rossignol, M., Zareie, S. R., Mirlohi, A., Sayed-Tabatabaei, B. E., Gentzbittel, L. (2018). Proteomics analysis of *Medicago truncatula* response to infection by the phytopathogenic bacterium *Ralstonia solanacearum* points to jasmonate and salicylate defence pathways. *Cellular microbiology*, 20(4): e12796.
- Ying, S. C., Li, M. S., Hai, Z. Z., Alain, P., Hao, W. L., Xi, Z. B. (2015). Resistances to anthracnose (*Colletotrichum acutatum*) of *Capsicum* mature green and ripe fruit are controlled by a major dominant cluster of QTLs on chromosome P5. *Scientia Horticulturae*. 181: 81-88.
- Yongjian, Q., Xi, Jing, Liqun, Du., Poovaiah, B.W. (2012). The function of calreticulin in plant immunity- new discoveries for an old protein. *Plant Signal. Behav.* 7 (8): 907–910.
- Zhang, T., Meng, L., Kong, W., Yin, Z., Wang, Y., Schneider, J. D., Chen, S. (2018). Quantitative proteomics reveals a role of JAZ7 in plant defense response to *Pseudomonas syringae* DC3000. *Journal of proteomics*, 175: 114-126.
- Zhang, M., Xu, J., Liu, G., Yao, X., Ren, R., Yang, X. (2018). Proteomic analysis of responsive root proteins of *Fusarium oxysporum*-infected watermelon seedlings. *Plant and Soil*, 422(1-2): 169-181.
- Zhao, Y., Liu, Y., Zhang, Z., Cao, Y., Yu, H., Ma, W., Zhang, B., Risheng, W., Gao, J., Wang, L. (2020). Fine mapping of the major anthracnose resistance QTL AnR GO 5 in *Capsicum chinense* 'PBC932'. *BMC plant biol*, 20(1): 1-8.

- Zheng, H. Z., Kim, Y. W., Lee, H. J., Park, R. D., Jung, W. J., Kim, Y. C., Kim, K. Y. (2004). Quantitative changes of PR proteins and antioxidative enzymes in response to *Glomus intraradices* and *Phytophthora capsici* in pepper (*Capsicum annuum* L.) plants. *Journal of microbiology and biotechnology*, 14(3): 553-562.
- Zipfel, C., Robatzek, S., Navarro, L., Oakeley, E. J., Jones, J. D., Felix, G., Boller, T. (2004). Bacterial disease resistance in *Arabidopsis* through flagellin perception. *Nature*, 428(6984): 764.
- Zipfel, C., Felix, G. (2005). Plants and animals: a different taste for microbes?. *Current opinion in plant biology*, 8(4): 353-360.

APÉNDICE

Quadro 1A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável área abaixo da curva de progresso da doença em frutos imaturos, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	0.5	-9.415	2.3255	0.2227	11.96
2	313.17.6.5	0.5	-9.071	2.6693	0.3488	12.09
3	20.17.8.5	2.25	-7.07	4.67	1.12	12.86
4	313.17.6.1	0.50	-9.07	2.67	0.38	12.12
5	20.17.8.2	0.83	-7.78	3.96	0.87	12.61
6	313.17.9.2	7.25	-6.07	5.67	1.52	13.26
7	313.17.9.3	0.50	-9.42	2.33	0.25	11.99
8	104.2.8.4	1.17	-9.07	2.67	0.44	12.18
9	88.13.2.6	1.50	-7.63	4.11	0.90	12.64
10	104.2.3.6	3.83	-6.95	4.79	1.20	12.95
11	313.17.6.3	1.33	-8.66	3.08	0.57	12.31
12	20.17.8.4	6.33	-5.06	6.69	2.29	14.03
13	313.17.7.1	0.50	-7.98	3.76	0.78	12.52
14	313.17.4.7	0.50	-9.61	2.13	-0.02	11.72
15	104.2.6.2	1.50	-9.51	2.23	0.16	11.90
16	313.17.9.1	0.50	-9.42	2.33	0.29	12.03
17	250.10.8.7	2.50	-6.11	5.63	1.46	13.20
18	313.17.7.4	0.50	-7.98	3.76	0.75	12.49
19	104.2.3.3	1.50	-8.10	3.64	0.72	12.46
21	20.17.8.6	9.00	-3.73	8.01	3.00	14.74
22	250.10.8.4	6.83	-3.97	7.77	2.87	14.62
23	313.17.6.6	9.83	-4.45	7.29	2.60	14.34
24	104.2.6.6	1.50	-9.51	2.23	0.19	11.93
25	313.17.4.6	0.50	-9.61	2.13	0.01	11.75
26	104.2.3.4	5.50	-6.12	5.62	1.43	13.17
27	104.2.3.2	8.50	-4.64	7.10	2.50	14.24
28	88.13.2.3	1.50	-7.63	4.11	0.96	12.70
29	88.13.2.5	1.50	-7.63	4.11	0.93	12.67
30	20.17.8.3	12.00	-2.25	9.49	3.98	15.72
31	317.5.6.2	3.83	-3.60	8.14	3.06	14.80
32	104.2.6.4	1.50	-9.51	2.23	0.13	11.87
33	88.13.2.2	5.17	-5.82	5.92	1.69	13.43
34	104.2.3.5	1.50	-8.10	3.64	0.69	12.43
35	250.10.8.5	6.83	-3.97	7.77	2.84	14.58
36	313.17.4.4	1.30	-9.22	2.52	0.32	12.06
37	313.17.7.3	9.50	-3.52	8.22	3.19	14.93
38	88.5.10.1	5.17	-5.96	5.78	1.60	13.34
39	104.2.3.1	7.50	-5.13	6.61	2.26	14.00
40	104.2.8.3	7.67	-5.85	5.89	1.66	13.40
41	313.17.4.3	0.50	-9.61	2.13	0.04	11.78
42	250.10.6.4	6.17	-4.73	7.01	2.47	14.21
43	250.10.5.3	6.50	-5.38	6.36	2.05	13.79
44	250.10.1.5	12.50	-1.15	10.59	4.71	16.45
45	88.13.2.1	1.50	-7.63	4.11	0.99	12.73
46	313.17.4.1	2.00	-8.87	2.87	0.54	12.28
47	93.1.3.3	3.83	-4.34	7.40	2.63	14.37

Quadro 1A: Cont.						
Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
48	85.6.10.6	5.83	-2.80	8.94	3.68	15.42
49	88.5.3.1	3.83	-5.58	6.16	1.87	13.61
50	309.7.3.4	7.83	0.12	11.86	5.76	17.50
51	104.2.6.6	1.50	-9.51	2.23	0.10	11.84
52	20.10.8.2	0.83	-5.80	5.94	1.72	13.46
53	101.1.2.3	6.50	-3.09	8.65	3.45	15.19
54	250.10.3.2	4.17	-4.99	6.75	2.32	14.06
55	250.10.5.5	6.83	-5.22	6.52	2.20	13.94
56	250.8.5.6	6.50	-2.17	9.57	4.02	15.76
57	313.17.3.1	5.17	-4.29	7.45	2.66	14.40
58	88.13.2.4	14.17	-1.36	10.38	4.61	16.35
59	250.8.5.4	7.50	-1.68	10.06	4.43	16.17
60	250.10.5.6	5.83	-5.71	6.03	1.75	13.49
61	237.15.4.5	10.50	-1.08	10.66	4.86	16.60
62	313.17.3.6	14.83	0.49	12.23	5.92	17.66
63	250.10.6.2	5.17	-5.23	6.51	2.17	13.91
64	313.17.3.5	8.50	-2.64	9.10	3.71	15.45
65	313.17.3.3	8.17	-2.80	8.94	3.65	15.39
66	313.17.4.5	10.17	-4.83	6.91	2.35	14.09
67	250.10.8.3	12.83	-1.00	10.74	5.01	16.75
68	250.10.6.3	5.17	-5.23	6.51	2.14	13.88
69	309.7.3.7	9.50	0.95	12.69	6.16	17.90
70	337.7.3.3	14.50	1.61	13.35	6.86	18.60
71	250.10.5.4	4.50	-6.37	5.37	1.26	13.00
72	88.5.3.6	11.17	-1.95	9.79	4.18	15.92
73	250.10.5.1	10.50	-3.40	8.34	3.29	15.03

Quadro 2A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável área abaixo da curva de progresso da doença em frutos maduros, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	31.17	5.56	21.56	6.63	22.63
2	313.17.6.5	28.83	5.69	21.69	6.89	22.89
3	20.17.8.5	22.90	6.78	22.78	7.70	23.70
4	313.17.6.1	19.17	4.09	20.09	5.83	21.83
5	20.17.8.2	15.83	5.61	21.61	6.71	22.71
6	313.17.9.2	32.50	5.78	21.78	7.00	23.00
7	313.17.9.3	17.50	3.30	19.30	5.24	21.25
8	104.2.8.4	28.50	3.89	19.89	5.57	21.58
9	88.13.2.6	34.50	4.56	20.56	6.11	22.11
10	104.2.3.6	30.50	4.82	20.82	6.35	22.36
11	313.17.6.3	17.50	3.81	19.81	5.41	21.41
12	20.17.8.4	34.50	8.70	24.70	8.70	24.70
13	313.17.7.1	23.50	3.85	19.85	5.46	21.47
14	313.17.4.7	28.50	2.37	18.38	4.62	20.63
15	104.2.6.2	27.50	2.46	18.46	4.72	20.73
16	313.17.9.1	8.50	1.81	17.81	4.47	20.47
17	250.10.8.7	22.50	4.35	20.35	5.90	21.90
18	313.17.7.4	18.50	3.02	19.02	5.03	21.04
19	104.2.3.3	18.83	2.89	18.89	4.93	20.93
21	20.17.8.6	19.50	2.40	18.41	4.67	20.68
22	250.10.8.4	30.50	8.04	24.04	8.26	24.26
23	313.17.6.6	38.50	7.00	23.00	7.88	23.88
24	104.2.6.6	28.50	5.63	21.63	6.79	22.79
25	313.17.4.6	20.50	1.30	17.30	3.98	19.98
26	104.2.3.4	20.17	1.00	17.00	3.68	19.69
27	104.2.3.2	19.17	2.94	18.95	4.98	20.98
28	88.13.2.3	29.50	4.65	20.66	6.18	22.19
29	88.13.2.5	16.50	1.58	17.58	4.26	20.26
30	20.17.8.3	16.00	1.50	17.50	4.12	20.12
31	317.5.6.2	30.50	8.04	24.04	8.37	24.37
32	104.2.6.4	28.50	4.66	20.66	6.26	22.27
33	88.13.2.2	16.17	0.58	16.58	3.35	19.35
34	104.2.3.5	17.17	1.69	17.69	4.36	20.37
35	250.10.8.5	7.00	0.93	16.93	3.60	19.61
36	313.17.4.4	20.50	4.02	20.02	5.70	21.70
37	313.17.7.3	16.83	0.44	16.45	3.24	19.24
38	88.5.10.1	24.83	4.07	20.07	5.76	21.76
39	104.2.3.1	19.83	1.43	17.43	4.07	20.07
40	104.2.8.3	17.17	2.61	18.62	4.83	20.83
41	313.17.4.3	13.17	1.36	17.36	4.03	20.03
42	250.10.6.4	9.83	-0.72	15.29	2.58	18.59
43	250.10.5.3	26.83	2.17	18.17	4.52	20.53
44	250.10.1.5	24.17	1.26	17.27	3.89	19.90
45	88.13.2.1	32.50	6.15	22.16	7.12	23.12
46	313.17.4.1	9.17	0.37	16.37	3.07	19.07
47	93.1.3.3	12.17	-0.33	15.68	2.86	18.86

Quadro 2A: Cont.						
Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
48	85.6.10.6	23.50	1.79	17.80	4.42	20.42
49	88.5.3.1	34.50	3.65	19.65	5.36	21.36
50	309.7.3.4	17.17	0.80	16.81	3.46	19.46
51	104.2.6.6	26.50	6.30	22.30	7.35	23.36
52	20.10.8.2	4.50	-1.35	14.65	2.12	18.13
53	101.1.2.3	14.17	-0.19	15.81	2.90	18.90
54	250.10.3.2	19.50	1.63	17.63	4.31	20.32
55	250.10.5.5	17.83	0.68	16.68	3.38	19.39
56	250.8.5.6	19.17	0.44	16.44	3.20	19.21
57	313.17.3.1	17.00	2.47	18.48	4.77	20.78
58	88.13.2.4	11.83	0.73	16.74	3.42	19.42
59	250.8.5.4	26.50	3.23	19.24	5.09	21.09
60	250.10.5.6	21.83	3.27	19.27	5.14	21.14
61	237.15.4.5	12.83	-0.61	15.39	2.65	18.66
62	313.17.3.6	24.83	3.29	19.29	5.19	21.19
63	250.10.6.2	34.50	4.48	20.49	5.97	21.97
64	313.17.3.5	13.83	0.01	16.02	2.97	18.97
65	313.17.3.3	15.17	1.29	17.29	3.94	19.94
66	313.17.4.5	14.50	1.18	17.18	3.81	19.81
67	250.10.8.3	11.83	-0.38	15.62	2.82	18.83
68	250.10.6.3	13.50	2.86	18.86	4.88	20.88
69	309.7.3.7	10.50	-0.54	15.47	2.69	18.69
70	337.7.3.3	11.83	3.87	19.88	5.52	21.52
71	250.10.5.4	4.50	-1.99	14.01	1.84	17.84
72	88.5.3.6	4.50	-1.99	14.01	1.84	17.84
73	250.10.5.1	18.50	1.02	17.03	3.72	19.73

Quadro 3A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável período de incubação em frutos imaturos, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annuum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	7.67	3.24	7.45	3.44	7.65
2	313.17.6.5	8.00	3.26	7.47	3.49	7.70
3	20.17.8.5	8.00	3.53	7.74	3.60	7.81
4	313.17.6.1	8.00	3.26	7.47	3.51	7.72
5	20.17.8.2	8.00	3.53	7.74	3.61	7.82
6	313.17.9.2	5.50	1.65	5.86	2.87	7.08
7	313.17.9.3	8.00	3.48	7.69	3.56	7.77
8	104.2.8.4	7.33	3.01	7.21	3.34	7.55
9	88.13.2.6	6.00	1.80	6.00	2.93	7.13
10	104.2.3.6	4.00	0.14	4.35	1.87	6.08
11	313.17.6.3	6.33	2.04	6.25	3.13	7.33
12	20.17.8.4	7.33	3.04	7.25	3.36	7.56
13	313.17.7.1	8.00	3.11	7.32	3.43	7.63
14	313.17.4.7	8.00	3.34	7.55	3.53	7.74
15	104.2.6.2	8.00	3.63	7.84	3.63	7.84
16	313.17.9.1	8.00	3.48	7.69	3.57	7.78
17	250.10.8.7	6.00	1.27	5.48	2.67	6.88
18	313.17.7.4	8.00	3.11	7.32	3.41	7.62
19	104.2.3.3	8.00	3.07	7.28	3.38	7.59
21	20.17.8.6	8.00	3.50	7.71	3.59	7.80
22	250.10.8.4	7.00	2.80	7.00	3.28	7.49
23	313.17.6.6	4.00	-0.19	4.02	1.39	5.59
24	104.2.6.6	3.00	-0.40	3.81	0.91	5.12
25	313.17.4.6	8.00	3.63	7.84	3.63	7.84
26	104.2.3.4	7.67	3.10	7.31	3.40	7.60
27	104.2.3.2	4.33	0.39	4.59	2.09	6.30
28	88.13.2.3	4.00	0.14	4.35	1.89	6.10
29	88.13.2.5	8.00	3.26	7.47	3.46	7.67
30	20.17.8.3	8.00	3.26	7.47	3.45	7.66
31	317.5.6.2	6.67	2.55	6.76	3.24	7.45
32	104.2.6.4	4.00	-0.29	3.92	1.13	5.34
33	88.13.2.2	8.00	3.63	7.84	3.63	7.84
34	104.2.3.5	6.33	2.04	6.25	3.10	7.31
35	250.10.8.5	8.00	3.07	7.28	3.37	7.58
36	313.17.4.4	4.00	-0.19	4.02	1.37	5.58
37	313.17.7.3	6.00	1.88	6.09	2.95	7.16
38	88.5.10.1	3.33	-0.31	3.90	1.07	5.27
39	104.2.3.1	4.00	-0.09	4.12	1.55	5.76
40	104.2.8.3	4.33	0.39	4.59	2.11	6.32
41	313.17.4.3	5.67	1.79	6.00	2.90	7.11
42	250.10.6.4	8.00	3.34	7.55	3.54	7.75
43	250.10.5.3	4.00	-0.16	4.05	1.44	5.65
44	250.10.1.5	5.00	0.69	4.90	2.40	6.61
45	88.13.2.1	3.67	-0.32	3.89	1.02	5.23
46	313.17.4.1	8.00	3.26	7.47	3.48	7.69
47	93.1.3.3	5.67	1.63	5.84	2.84	7.05

Quadro 3A: Cont.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
48	85.6.10.6	4.00	-0.27	3.94	1.18	5.39
49	88.5.3.1	3.33	-0.73	3.48	0.53	4.74
50	309.7.3.4	4.00	-0.22	3.99	1.30	5.51
51	104.2.6.6	4.33	0.08	4.29	1.71	5.92
52	20.10.8.2	8.00	3.63	7.84	3.63	7.84
53	101.1.2.3	7.00	2.23	6.43	3.19	7.40
54	250.10.3.2	4.00	-0.27	3.94	1.21	5.42
55	250.10.5.5	4.00	-0.20	4.01	1.34	5.55
56	250.8.5.6	3.67	-0.28	3.93	1.14	5.35
57	313.17.3.1	4.00	-0.32	3.89	1.01	5.22
58	88.13.2.4	4.33	-0.02	4.19	1.68	5.88
59	250.8.5.4	4.00	0.33	4.54	2.00	6.21
60	250.10.5.6	3.67	-0.56	3.65	0.74	4.94
61	237.15.4.5	4.00	-0.04	4.17	1.59	5.80
62	313.17.3.6	3.33	-0.63	3.58	0.61	4.81
63	250.10.6.2	3.00	-0.99	3.22	0.29	4.50
64	313.17.3.5	4.00	-0.16	4.05	1.46	5.67
65	313.17.3.3	3.33	-0.75	3.46	0.53	4.73
66	313.17.4.5	4.33	-0.02	4.19	1.66	5.87
67	250.10.8.3	4.00	0.41	4.62	2.14	6.35
68	250.10.6.3	3.00	-0.92	3.28	0.31	4.52
69	309.7.3.7	4.67	0.33	4.54	2.02	6.23
70	337.7.3.3	5.67	1.06	5.27	2.64	6.85
71	250.10.5.4	3.67	-0.52	3.69	0.83	5.04
72	88.5.3.6	4.67	0.45	4.66	2.21	6.42
73	250.10.5.1	4.33	0.03	4.23	1.69	5.90

Quadro 4A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável período de incubação em frutos maduros, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annuum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	3.00	-0.07	3.28	0.17	3.52
2	313.17.6.5	3.00	-0.24	3.11	0.04	3.39
3	20.17.8.5	3.40	-0.06	3.29	0.19	3.54
4	313.17.6.1	3.00	-0.24	3.11	0.05	3.40
5	20.17.8.2	3.67	-0.01	3.34	0.22	3.57
6	313.17.9.2	3.00	-0.07	3.28	0.18	3.53
7	313.17.9.3	3.00	-0.07	3.28	0.18	3.53
8	104.2.8.4	3.00	-0.07	3.28	0.19	3.54
9	88.13.2.6	3.00	-0.01	3.34	0.23	3.58
10	104.2.3.6	3.00	-0.08	3.27	0.16	3.51
11	313.17.6.3	3.00	-0.24	3.11	0.04	3.39
12	20.17.8.4	3.00	-0.14	3.21	0.13	3.48
13	313.17.7.1	3.00	-0.22	3.13	0.07	3.42
14	313.17.4.7	3.00	-0.08	3.27	0.15	3.50
15	104.2.6.2	3.00	-0.24	3.11	0.05	3.40
16	313.17.9.1	4.33	0.18	3.53	0.37	3.72
17	250.10.8.7	3.67	0.02	3.37	0.25	3.60
18	313.17.7.4	3.00	-0.22	3.13	0.07	3.42
19	104.2.3.3	3.33	-0.01	3.34	0.22	3.57
21	20.17.8.6	3.00	-0.07	3.28	0.19	3.54
22	250.10.8.4	3.00	-0.14	3.21	0.13	3.48
23	313.17.6.6	3.00	-0.11	3.24	0.14	3.49
24	104.2.6.6	3.00	-0.24	3.11	0.04	3.39
25	313.17.4.6	3.00	-0.24	3.11	0.05	3.40
26	104.2.3.4	3.67	0.05	3.40	0.27	3.62
27	104.2.3.2	3.00	-0.08	3.27	0.17	3.52
28	88.13.2.3	3.00	-0.08	3.27	0.17	3.52
29	88.13.2.5	3.00	-0.01	3.34	0.24	3.59
30	20.17.8.3	3.50	0.09	3.44	0.28	3.63
31	317.5.6.2	3.00	-0.14	3.21	0.13	3.48
32	104.2.6.4	3.00	-0.14	3.21	0.13	3.48
33	88.13.2.2	3.00	-0.24	3.11	0.05	3.40
34	104.2.3.5	3.33	0.06	3.41	0.27	3.62
35	250.10.8.5	4.00	0.11	3.46	0.30	3.65
36	313.17.4.4	3.00	-0.11	3.24	0.14	3.49
37	313.17.7.3	3.00	-0.08	3.27	0.16	3.51
38	88.5.10.1	3.00	-0.22	3.13	0.07	3.42
39	104.2.3.1	3.00	-0.14	3.21	0.11	3.46
40	104.2.8.3	3.67	0.05	3.40	0.27	3.62
41	313.17.4.3	4.00	0.12	3.47	0.31	3.66
42	250.10.6.4	3.00	-0.08	3.27	0.16	3.51
43	250.10.5.3	3.00	-0.24	3.11	0.04	3.39
44	250.10.1.5	3.00	-0.18	3.17	0.10	3.45
45	88.13.2.1	3.00	-0.14	3.21	0.12	3.47
46	313.17.4.1	4.33	0.24	3.59	0.42	3.77
47	93.1.3.3	3.00	-0.08	3.27	0.16	3.51

Quadro 4A: Cont.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
48	85.6.10.6	3.00	-0.14	3.21	0.11	3.46
49	88.5.3.1	3.00	0.01	3.36	0.25	3.60
50	309.7.3.4	3.00	-0.19	3.16	0.09	3.44
51	104.2.6.6	3.00	-0.23	3.12	0.06	3.41
52	20.10.8.2	3.00	-0.24	3.11	0.05	3.40
53	101.1.2.3	4.00	0.26	3.61	0.44	3.79
54	250.10.3.2	3.00	-0.19	3.16	0.09	3.44
55	250.10.5.5	3.33	-0.01	3.34	0.23	3.58
56	250.8.5.6	3.67	-0.05	3.30	0.21	3.56
57	313.17.3.1	3.00	-0.22	3.13	0.06	3.41
58	88.13.2.4	4.33	0.18	3.53	0.38	3.72
59	250.8.5.4	3.00	-0.01	3.34	0.24	3.59
60	250.10.5.6	3.00	-0.22	3.13	0.06	3.41
61	237.15.4.5	3.00	-0.18	3.17	0.10	3.45
62	313.17.3.6	3.33	-0.01	3.34	0.23	3.58
63	250.10.6.2	3.00	-0.07	3.28	0.18	3.53
64	313.17.3.5	3.00	-0.24	3.11	0.04	3.39
65	313.17.3.3	3.00	-0.07	3.28	0.18	3.53
66	313.17.4.5	3.00	-0.07	3.28	0.19	3.54
67	250.10.8.3	4.33	0.18	3.53	0.36	3.71
68	250.10.6.3	3.00	-0.11	3.24	0.14	3.49
69	309.7.3.7	3.00	-0.24	3.11	0.04	3.39
70	337.7.3.3	3.00	-0.23	3.12	0.05	3.40
71	250.10.5.4	3.00	-0.19	3.16	0.08	3.43
72	88.5.3.6	3.00	-0.18	3.17	0.10	3.45
73	250.10.5.1	3.00	-0.19	3.16	0.09	3.44

Quadro 5A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável período latente em frutos imaturos, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	8.00	1.16	7.73	1.22	7.80
2	313.17.6.5	8.00	1.19	7.76	1.24	7.82
3	20.17.8.5	7.63	0.85	7.42	1.08	7.66
4	313.17.6.1	8.00	1.19	7.76	1.25	7.82
5	20.17.8.2	8.00	1.02	7.59	1.18	7.75
6	313.17.9.2	7.00	0.70	7.27	1.02	7.60
7	313.17.9.3	8.00	1.16	7.73	1.23	7.80
8	104.2.8.4	8.00	1.20	7.77	1.25	7.83
9	88.13.2.6	8.00	0.99	7.56	1.16	7.73
10	104.2.3.6	8.00	1.26	7.83	1.27	7.84
11	313.17.6.3	8.00	1.19	7.76	1.24	7.82
12	20.17.8.4	7.33	0.71	7.28	1.04	7.62
13	313.17.7.1	8.00	1.05	7.62	1.19	7.76
14	313.17.4.7	7.33	0.71	7.28	1.04	7.62
15	104.2.6.2	8.00	1.28	7.85	1.28	7.85
16	313.17.9.1	8.00	1.16	7.73	1.23	7.80
17	250.10.8.7	8.00	1.06	7.63	1.20	7.77
18	313.17.7.4	8.00	1.05	7.62	1.19	7.76
19	104.2.3.3	8.00	1.26	7.83	1.27	7.85
21	20.17.8.6	8.00	1.20	7.77	1.26	7.83
22	250.10.8.4	7.33	0.71	7.28	1.04	7.61
23	313.17.6.6	8.00	1.06	7.63	1.21	7.78
24	104.2.6.6	7.33	0.88	7.46	1.10	7.67
25	313.17.4.6	8.00	1.28	7.85	1.28	7.85
26	104.2.3.4	8.00	1.26	7.83	1.27	7.84
27	104.2.3.2	8.00	1.26	7.83	1.27	7.85
28	88.13.2.3	8.00	1.26	7.83	1.28	7.85
29	88.13.2.5	8.00	0.99	7.56	1.17	7.74
30	20.17.8.3	8.00	0.99	7.56	1.16	7.74
31	317.5.6.2	6.67	0.41	6.98	0.92	7.49
32	104.2.6.4	8.00	0.70	7.27	1.04	7.61
33	88.13.2.2	8.00	1.28	7.85	1.28	7.85
34	104.2.3.5	7.33	0.68	7.25	1.02	7.59
35	250.10.8.5	8.00	1.26	7.83	1.27	7.84
36	313.17.4.4	8.00	1.06	7.63	1.20	7.78
37	313.17.7.3	8.00	1.26	7.83	1.27	7.84
38	88.5.10.1	7.33	0.74	7.32	1.06	7.63
39	104.2.3.1	7.67	0.90	7.47	1.11	7.68
40	104.2.8.3	7.33	0.95	7.52	1.13	7.70
41	313.17.4.3	7.00	0.74	7.31	1.05	7.63
42	250.10.6.4	8.00	1.26	7.83	1.27	7.84
43	250.10.5.3	8.00	1.03	7.61	1.18	7.76
44	250.10.1.5	7.33	0.86	7.43	1.09	7.66
45	88.13.2.1	6.33	0.17	6.74	0.80	7.37
46	313.17.4.1	8.00	0.99	7.56	1.17	7.74
47	93.1.3.3	8.00	1.26	7.83	1.27	7.84

Quadro 5A: Cont.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
48	85.6.10.6	8.00	0.61	7.18	0.98	7.56
49	88.5.3.1	8.00	0.58	7.16	0.97	7.55
50	309.7.3.4	8.00	0.95	7.53	1.14	7.71
51	104.2.6.6	6.67	-0.47	6.10	0.52	7.09
52	20.10.8.2	8.00	1.28	7.85	1.28	7.85
53	101.1.2.3	8.00	0.70	7.27	1.03	7.60
54	250.10.3.2	8.00	0.79	7.36	1.07	7.65
55	250.10.5.5	8.00	0.87	7.45	1.09	7.66
56	250.8.5.6	8.00	1.17	7.74	1.24	7.81
57	313.17.3.1	7.67	0.42	6.99	0.93	7.50
58	88.13.2.4	8.00	1.09	7.66	1.21	7.79
59	250.8.5.4	5.67	-0.08	6.49	0.70	7.27
60	250.10.5.6	7.33	0.26	6.83	0.84	7.41
61	237.15.4.5	8.00	1.17	7.74	1.23	7.81
62	313.17.3.6	7.00	0.26	6.84	0.84	7.42
63	250.10.6.2	7.00	0.62	7.20	0.99	7.56
64	313.17.3.5	7.67	0.88	7.46	1.10	7.67
65	313.17.3.3	8.00	1.09	7.66	1.21	7.78
66	313.17.4.5	7.33	0.78	7.35	1.07	7.64
67	250.10.8.3	7.00	0.80	7.37	1.08	7.65
68	250.10.6.3	6.67	0.44	7.02	0.94	7.51
69	309.7.3.7	7.33	0.73	7.30	1.05	7.62
70	337.7.3.3	6.67	-0.47	6.10	0.51	7.09
71	250.10.5.4	5.67	-0.52	6.06	0.49	7.06
72	88.5.3.6	8.00	1.17	7.74	1.24	7.81
73	250.10.5.1	6.33	0.18	6.76	0.81	7.38

Quadro 6A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável período latente em frutos maduros, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annuum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	4.00	-0.92	5.01	0.09	6.02
2	313.17.6.5	4.33	-1.01	4.92	0.08	6.00
3	20.17.8.5	4.60	-1.07	4.85	0.07	6.00
4	313.17.6.1	5.00	-0.87	5.06	0.12	6.05
5	20.17.8.2	5.67	-0.84	5.08	0.15	6.07
6	313.17.9.2	4.00	-0.92	5.01	0.10	6.02
7	313.17.9.3	5.00	-0.70	5.23	0.22	6.15
8	104.2.8.4	4.00	-0.87	5.05	0.10	6.03
9	88.13.2.6	4.00	-0.75	5.18	0.17	6.10
10	104.2.3.6	4.33	-0.70	5.23	0.23	6.15
11	313.17.6.3	5.00	-0.87	5.06	0.12	6.04
12	20.17.8.4	4.00	-1.20	4.72	0.05	5.98
13	313.17.7.1	4.67	-0.75	5.17	0.17	6.09
14	313.17.4.7	4.00	-0.56	5.36	0.27	6.19
15	104.2.6.2	5.00	-0.25	5.68	0.46	6.39
16	313.17.9.1	6.67	-0.34	5.59	0.39	6.31
17	250.10.8.7	5.00	-0.52	5.41	0.28	6.20
18	313.17.7.4	5.50	-0.58	5.35	0.25	6.18
19	104.2.3.3	5.33	-0.48	5.45	0.29	6.21
21	20.17.8.6	4.67	-0.73	5.20	0.20	6.12
22	250.10.8.4	4.00	-1.20	4.72	0.04	5.97
23	313.17.6.6	4.00	-0.73	5.19	0.19	6.12
24	104.2.6.6	4.00	-1.08	4.84	0.06	5.99
25	313.17.4.6	5.00	-0.25	5.68	0.47	6.39
26	104.2.3.4	5.33	-0.28	5.65	0.44	6.37
27	104.2.3.2	5.33	-0.48	5.45	0.28	6.21
28	88.13.2.3	4.00	-0.77	5.16	0.16	6.09
29	88.13.2.5	5.67	-0.39	5.54	0.38	6.30
30	20.17.8.3	5.50	-0.43	5.50	0.35	6.27
31	317.5.6.2	4.00	-1.20	4.72	0.06	5.98
32	104.2.6.4	4.33	-0.72	5.21	0.20	6.13
33	88.13.2.2	5.33	-0.17	5.75	0.51	6.44
34	104.2.3.5	5.33	-0.46	5.46	0.31	6.24
35	250.10.8.5	7.50	-0.01	5.91	0.57	6.50
36	313.17.4.4	6.00	-0.30	5.62	0.42	6.35
37	313.17.7.3	5.67	-0.20	5.72	0.50	6.43
38	88.5.10.1	4.33	-0.83	5.10	0.15	6.08
39	104.2.3.1	5.00	-0.42	5.51	0.35	6.28
40	104.2.8.3	5.33	-0.48	5.45	0.29	6.22
41	313.17.4.3	6.00	-0.44	5.48	0.33	6.26
42	250.10.6.4	6.67	0.01	5.94	0.59	6.52
43	250.10.5.3	4.00	-0.65	5.28	0.24	6.17
44	250.10.1.5	4.33	-0.45	5.48	0.32	6.25
45	88.13.2.1	4.00	-0.87	5.06	0.11	6.04
46	313.17.4.1	6.67	-0.17	5.75	0.52	6.45
47	93.1.3.3	6.33	-0.06	5.87	0.56	6.49

Quadro 6A: Cont.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
48	85.6.10.6	4.50	-0.54	5.38	0.27	6.20
49	88.5.3.1	4.00	-0.34	5.59	0.39	6.32
50	309.7.3.4	5.33	-0.40	5.52	0.36	6.29
51	104.2.6.6	4.50	-0.86	5.07	0.13	6.06
52	20.10.8.2	8.00	0.40	6.33	0.81	6.73
53	101.1.2.3	6.17	0.08	6.01	0.62	6.55
54	250.10.3.2	5.00	-0.48	5.45	0.31	6.23
55	250.10.5.5	5.00	-0.42	5.51	0.36	6.28
56	250.8.5.6	5.00	-0.30	5.62	0.41	6.34
57	313.17.3.1	5.00	-0.71	5.22	0.21	6.13
58	88.13.2.4	5.67	-0.31	5.62	0.41	6.33
59	250.8.5.4	4.00	-0.75	5.18	0.18	6.10
60	250.10.5.6	5.00	-0.71	5.22	0.21	6.14
61	237.15.4.5	6.33	-0.02	5.91	0.57	6.49
62	313.17.3.6	4.67	-0.57	5.36	0.26	6.19
63	250.10.6.2	4.00	-0.67	5.26	0.24	6.16
64	313.17.3.5	4.00	-0.65	5.28	0.24	6.17
65	313.17.3.3	6.00	-0.24	5.69	0.47	6.40
66	313.17.4.5	6.00	-0.24	5.69	0.48	6.41
67	250.10.8.3	6.00	-0.13	5.80	0.54	6.47
68	250.10.6.3	6.33	-0.23	5.69	0.49	6.41
69	309.7.3.7	6.67	-0.07	5.86	0.55	6.48
70	337.7.3.3	6.33	-0.46	5.46	0.32	6.24
71	250.10.5.4	4.00	-0.57	5.36	0.25	6.18
72	88.5.3.6	8.00	0.34	6.27	0.77	6.70
73	250.10.5.1	5.00	-0.48	5.45	0.30	6.23

Quadro 7A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável período latente em frutos maduros, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annuum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	4.00	-0.92	5.01	0.09	6.02
2	313.17.6.5	4.33	-1.01	4.92	0.08	6.00
3	20.17.8.5	4.60	-1.07	4.85	0.07	6.00
4	313.17.6.1	5.00	-0.87	5.06	0.12	6.05
5	20.17.8.2	5.67	-0.84	5.08	0.15	6.07
6	313.17.9.2	4.00	-0.92	5.01	0.10	6.02
7	313.17.9.3	5.00	-0.70	5.23	0.22	6.15
8	104.2.8.4	4.00	-0.87	5.05	0.10	6.03
9	88.13.2.6	4.00	-0.75	5.18	0.17	6.10
10	104.2.3.6	4.33	-0.70	5.23	0.23	6.15
11	313.17.6.3	5.00	-0.87	5.06	0.12	6.04
12	20.17.8.4	4.00	-1.20	4.72	0.05	5.98
13	313.17.7.1	4.67	-0.75	5.17	0.17	6.09
14	313.17.4.7	4.00	-0.56	5.36	0.27	6.19
15	104.2.6.2	5.00	-0.25	5.68	0.46	6.39
16	313.17.9.1	6.67	-0.34	5.59	0.39	6.31
17	250.10.8.7	5.00	-0.52	5.41	0.28	6.20
18	313.17.7.4	5.50	-0.58	5.35	0.25	6.18
19	104.2.3.3	5.33	-0.48	5.45	0.29	6.21
21	20.17.8.6	4.67	-0.73	5.20	0.20	6.12
22	250.10.8.4	4.00	-1.20	4.72	0.04	5.97
23	313.17.6.6	4.00	-0.73	5.19	0.19	6.12
24	104.2.6.6	4.00	-1.08	4.84	0.06	5.99
25	313.17.4.6	5.00	-0.25	5.68	0.47	6.39
26	104.2.3.4	5.33	-0.28	5.65	0.44	6.37
27	104.2.3.2	5.33	-0.48	5.45	0.28	6.21
28	88.13.2.3	4.00	-0.77	5.16	0.16	6.09
29	88.13.2.5	5.67	-0.39	5.54	0.38	6.30
30	20.17.8.3	5.50	-0.43	5.50	0.35	6.27
31	317.5.6.2	4.00	-1.20	4.72	0.06	5.98
32	104.2.6.4	4.33	-0.72	5.21	0.20	6.13
33	88.13.2.2	5.33	-0.17	5.75	0.51	6.44
34	104.2.3.5	5.33	-0.46	5.46	0.31	6.24
35	250.10.8.5	7.50	-0.01	5.91	0.57	6.50
36	313.17.4.4	6.00	-0.30	5.62	0.42	6.35
37	313.17.7.3	5.67	-0.20	5.72	0.50	6.43
38	88.5.10.1	4.33	-0.83	5.10	0.15	6.08
39	104.2.3.1	5.00	-0.42	5.51	0.35	6.28
40	104.2.8.3	5.33	-0.48	5.45	0.29	6.22
41	313.17.4.3	6.00	-0.44	5.48	0.33	6.26
42	250.10.6.4	6.67	0.01	5.94	0.59	6.52
43	250.10.5.3	4.00	-0.65	5.28	0.24	6.17
44	250.10.1.5	4.33	-0.45	5.48	0.32	6.25
45	88.13.2.1	4.00	-0.87	5.06	0.11	6.04
46	313.17.4.1	6.67	-0.17	5.75	0.52	6.45
47	93.1.3.3	6.33	-0.06	5.87	0.56	6.49

Quadro 7A: Cont.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
48	85.6.10.6	4.50	-0.54	5.38	0.27	6.20
49	88.5.3.1	4.00	-0.34	5.59	0.39	6.32
50	309.7.3.4	5.33	-0.40	5.52	0.36	6.29
51	104.2.6.6	4.50	-0.86	5.07	0.13	6.06
52	20.10.8.2	8.00	0.40	6.33	0.81	6.73
53	101.1.2.3	6.17	0.08	6.01	0.62	6.55
54	250.10.3.2	5.00	-0.48	5.45	0.31	6.23
55	250.10.5.5	5.00	-0.42	5.51	0.36	6.28
56	250.8.5.6	5.00	-0.30	5.62	0.41	6.34
57	313.17.3.1	5.00	-0.71	5.22	0.21	6.13
58	88.13.2.4	5.67	-0.31	5.62	0.41	6.33
59	250.8.5.4	4.00	-0.75	5.18	0.18	6.10
60	250.10.5.6	5.00	-0.71	5.22	0.21	6.14
61	237.15.4.5	6.33	-0.02	5.91	0.57	6.49
62	313.17.3.6	4.67	-0.57	5.36	0.26	6.19
63	250.10.6.2	4.00	-0.67	5.26	0.24	6.16
64	313.17.3.5	4.00	-0.65	5.28	0.24	6.17
65	313.17.3.3	6.00	-0.24	5.69	0.47	6.40
66	313.17.4.5	6.00	-0.24	5.69	0.48	6.41
67	250.10.8.3	6.00	-0.13	5.80	0.54	6.47
68	250.10.6.3	6.33	-0.23	5.69	0.49	6.41
69	309.7.3.7	6.67	-0.07	5.86	0.55	6.48
70	337.7.3.3	6.33	-0.46	5.46	0.32	6.24
71	250.10.5.4	4.00	-0.57	5.36	0.25	6.18
72	88.5.3.6	8.00	0.34	6.27	0.77	6.70
73	250.10.5.1	5.00	-0.48	5.45	0.30	6.23

Quadro 8A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável número de frutos, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annuum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	23.00	3.38	20.95	11.18	28.75
2	313.17.6.5	16.00	-0.26	17.31	8.76	26.33
3	20.17.8.5	8.00	-6.49	11.08	4.25	21.82
4	313.17.6.1	21.00	1.58	19.15	10.13	27.70
5	20.17.8.2	2.00	-8.70	8.87	1.61	19.18
6	313.17.9.2	21.00	2.65	20.22	10.52	28.09
7	313.17.9.3	22.00	3.01	20.58	10.91	28.48
8	104.2.8.4	8.00	-7.11	10.46	3.56	21.13
9	88.13.2.6	23.00	8.80	26.37	15.12	32.69
10	104.2.3.6	11.00	-1.17	16.40	7.97	25.54
11	313.17.6.3	18.00	0.48	18.05	9.24	26.81
12	20.17.8.4	16.00	-3.54	14.03	6.46	24.03
13	313.17.7.1	19.00	2.74	20.31	10.65	28.22
14	313.17.4.7	4.00	-3.40	14.17	6.56	24.13
15	104.2.6.2	4.00	-9.75	7.82	0.89	18.46
16	313.17.9.1	16.00	0.80	18.37	9.61	27.18
17	250.10.8.7	1.00	-13.14	4.43	-0.15	17.42
18	313.17.7.4	23.00	4.22	21.79	11.89	29.46
19	104.2.3.3	5.00	-3.38	14.19	6.66	24.23
21	20.17.8.6	9.00	-6.74	10.83	4.16	21.73
22	250.10.8.4	28.00	0.88	18.45	9.74	27.31
23	313.17.6.6	3.00	-12.41	5.16	-0.08	17.49
24	104.2.6.6	18.00	0.48	18.05	9.12	26.69
25	313.17.4.6	7.00	-8.64	8.93	1.88	19.45
26	104.2.3.4	23.00	3.60	21.17	11.46	29.03
27	104.2.3.2	41.00	9.88	27.45	16.31	33.88
28	88.13.2.3	16.00	0.67	18.24	9.49	27.06
29	88.13.2.5	32.00	12.12	29.69	20.65	38.22
30	20.17.8.3	30.00	11.38	28.95	18.54	36.11
31	317.5.6.2	4.00	-7.96	9.61	2.60	20.17
32	104.2.6.4	13.00	-2.91	14.66	7.20	24.77
33	88.13.2.2	10.00	-7.54	10.03	3.23	20.80
34	104.2.3.5	33.00	12.49	30.06	21.22	38.79
35	250.10.8.5	6.00	-3.01	14.56	6.98	24.55
36	313.17.4.4	5.00	-11.67	5.90	0.06	17.63
37	313.17.7.3	20.00	2.49	20.06	10.40	27.97
38	88.5.10.1	26.00	5.32	22.89	13.16	30.73
39	104.2.3.1	82.00	41.00	58.57	41.00	58.57
40	104.2.8.3	41.00	9.88	27.45	16.54	34.11
41	313.17.4.3	11.00	-6.00	11.57	4.70	22.27
42	250.10.6.4	48.00	12.80	30.37	21.85	39.42
43	250.10.5.3	13.00	-5.14	12.43	5.27	22.84
44	250.10.1.5	37.00	5.38	22.95	13.34	30.91
45	88.13.2.1	13.00	-2.91	14.66	7.09	24.66
46	313.17.4.1	34.00	12.85	30.42	22.54	40.11
47	93.1.3.3	21.00	2.86	20.43	10.78	28.35
48	85.6.10.6	43.00	12.02	29.59	19.70	37.27

Quadro 8A: Cont.						
Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
49	88.5.3.1	9.00	7.78	25.35	14.74	32.31
50	309.7.3.4	38.00	10.70	28.27	17.59	35.16
51	104.2.6.6	7.00	-8.65	8.92	1.81	19.38
52	20.10.8.2	9.00	-7.91	9.66	2.75	20.32
53	101.1.2.3	28.00	5.32	22.89	12.99	30.56
54	250.10.3.2	14.00	-0.40	17.17	8.53	26.10
55	250.10.5.5	14.00	-2.27	15.30	7.43	25.00
56	250.8.5.6	7.00	-5.67	11.90	4.89	22.46
57	313.17.3.1	3.00	-10.98	6.59	0.26	17.83
58	88.13.2.4	26.00	11.68	29.25	18.90	36.47
59	250.8.5.4	29.00	11.01	28.58	17.89	35.46
60	250.10.5.6	6.00	-9.87	7.70	0.76	18.33
61	237.15.4.5	9.00	-4.93	12.64	5.36	22.93
62	313.17.3.6	3.00	-9.27	8.30	1.15	18.72
63	250.10.6.2	52.00	21.26	38.83	30.52	48.09
64	313.17.3.5	2.00	-9.19	8.38	1.21	18.78
65	313.17.3.3	21.00	9.84	27.41	16.10	33.67
66	313.17.4.5	44.00	18.31	35.88	28.78	46.35
67	250.10.8.3	8.00	-1.93	15.64	7.54	25.11
68	250.10.6.3	3.00	-12.41	5.16	-0.01	17.56
69	309.7.3.7	10.00	-6.24	11.33	4.34	21.91
70	337.7.3.3	7.00	-8.65	8.92	1.68	19.25
71	250.10.5.4	25.00	3.46	21.03	11.32	28.89
72	88.5.3.6	10.00	-4.56	13.01	5.75	23.32
73	250.10.5.1	14.00	1.86	19.43	10.27	27.84

Quadro 9A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável massa de frutos, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annuum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	0.478	0.136	0.416	0.245	0.525
2	313.17.6.5	0.283	0.051	0.331	0.191	0.471
3	20.17.8.5	0.170	-0.057	0.223	0.099	0.379
4	313.17.6.1	0.587	0.192	0.473	0.272	0.552
5	20.17.8.2	0.036	-0.119	0.161	0.044	0.325
6	313.17.9.2	0.409	0.103	0.383	0.222	0.502
7	313.17.9.3	0.375	0.088	0.368	0.206	0.486
8	104.2.8.4	0.155	-0.100	0.180	0.068	0.348
9	88.13.2.6	0.365	0.135	0.415	0.242	0.522
10	104.2.3.6	0.165	-0.081	0.199	0.082	0.362
11	313.17.6.3	0.352	0.083	0.363	0.201	0.481
12	20.17.8.4	0.641	0.162	0.442	0.258	0.538
13	313.17.7.1	0.300	0.047	0.327	0.188	0.468
14	313.17.4.7	0.075	-0.087	0.193	0.078	0.358
15	104.2.6.2	0.055	-0.191	0.089	0.001	0.281
16	313.17.9.1	0.270	0.039	0.319	0.178	0.459
17	250.10.8.7	0.030	-0.208	0.072	-0.001	0.279
18	313.17.7.4	0.410	0.098	0.378	0.217	0.497
19	104.2.3.3	0.085	-0.119	0.161	0.047	0.327
21	20.17.8.6	0.135	-0.109	0.171	0.056	0.337
22	250.10.8.4	0.391	0.046	0.326	0.183	0.463
23	313.17.6.6	0.068	-0.190	0.090	0.002	0.283
24	104.2.6.6	0.371	0.092	0.372	0.211	0.491
25	313.17.4.6	0.079	-0.180	0.100	0.011	0.291
26	104.2.3.4	0.447	0.086	0.366	0.204	0.484
27	104.2.3.2	0.342	0.001	0.281	0.150	0.431
28	88.13.2.3	0.190	-0.070	0.210	0.090	0.370
29	88.13.2.5	0.340	0.123	0.403	0.228	0.508
30	20.17.8.3	0.619	0.253	0.533	0.324	0.604
31	317.5.6.2	0.098	-0.090	0.190	0.075	0.355
32	104.2.6.4	0.306	0.019	0.299	0.159	0.439
33	88.13.2.2	0.088	-0.176	0.104	0.013	0.294
34	104.2.3.5	0.606	0.247	0.527	0.318	0.598
35	250.10.8.5	0.110	-0.107	0.173	0.060	0.340
36	313.17.4.4	0.110	-0.171	0.109	0.016	0.296
37	313.17.7.3	0.283	0.010	0.290	0.155	0.435
38	88.5.10.1	0.414	0.100	0.380	0.219	0.499
39	104.2.3.1	0.878	0.432	0.712	0.432	0.712
40	104.2.8.3	0.421	0.038	0.318	0.174	0.454
41	313.17.4.3	0.235	-0.062	0.218	0.091	0.371
42	250.10.6.4	0.584	0.150	0.430	0.252	0.532
43	250.10.5.3	0.154	-0.108	0.172	0.058	0.338
44	250.10.1.5	0.750	0.224	0.504	0.296	0.576
45	88.13.2.1	0.231	-0.035	0.245	0.110	0.390
46	313.17.4.1	0.554	0.223	0.503	0.293	0.573
47	93.1.3.3	0.230	-0.015	0.265	0.133	0.413
48	85.6.10.6	0.680	0.209	0.489	0.285	0.565

Quadro 9A: Cont.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
49	88.5.3.1	0.189	0.024	0.304	0.161	0.441
50	309.7.3.4	0.766	0.300	0.580	0.355	0.635
51	104.2.6.6	0.121	-0.110	0.170	0.052	0.332
52	20.10.8.2	0.079	-0.180	0.100	0.010	0.290
53	101.1.2.3	0.658	0.277	0.558	0.336	0.616
54	250.10.3.2	0.234	-0.007	0.273	0.139	0.419
55	250.10.5.5	0.260	-0.015	0.266	0.135	0.415
56	250.8.5.6	0.166	-0.048	0.233	0.103	0.383
57	313.17.3.1	0.087	-0.170	0.110	0.017	0.297
58	88.13.2.4	0.475	0.200	0.480	0.282	0.562
59	250.8.5.4	0.330	0.118	0.399	0.225	0.505
60	250.10.5.6	0.073	-0.177	0.103	0.012	0.292
61	237.15.4.5	0.200	-0.032	0.248	0.114	0.394
62	313.17.3.6	0.075	-0.148	0.132	0.031	0.311
63	250.10.6.2	0.857	0.378	0.658	0.399	0.679
64	313.17.3.5	0.035	-0.163	0.117	0.020	0.300
65	313.17.3.3	0.381	0.156	0.436	0.255	0.535
66	313.17.4.5	0.444	0.186	0.466	0.268	0.548
67	250.10.8.3	0.170	-0.043	0.237	0.105	0.385
68	250.10.6.3	0.077	-0.186	0.094	0.005	0.285
69	309.7.3.7	0.200	-0.086	0.194	0.080	0.360
70	337.7.3.3	0.154	-0.095	0.185	0.071	0.351
71	250.10.5.4	0.354	0.035	0.315	0.169	0.450
72	88.5.3.6	0.206	-0.029	0.251	0.117	0.397
73	250.10.5.1	0.220	0.046	0.326	0.186	0.466

Quadro 10A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável comprimento de frutos, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	53.36	-7.07	53.30	5.28	65.65
2	313.17.6.5	44.24	-10.52	49.85	4.14	64.51
3	20.17.8.5	68.75	10.05	70.43	17.03	77.41
4	313.17.6.1	73.19	7.88	68.25	15.84	76.21
5	20.17.8.2	67.65	9.36	69.73	16.68	77.06
6	313.17.9.2	53.48	-7.00	53.38	5.56	65.93
7	313.17.9.3	53.20	-7.18	53.20	5.19	65.56
8	104.2.8.4	58.75	-2.08	58.29	8.50	68.87
9	88.13.2.6	53.95	-4.17	56.21	7.58	67.95
10	104.2.3.6	70.31	5.81	66.19	14.49	74.87
11	313.17.6.3	69.48	5.52	65.90	14.33	74.71
12	20.17.8.4	89.34	23.14	83.52	25.08	85.46
13	313.17.7.1	42.61	-15.21	45.16	1.58	61.95
14	313.17.4.7	54.37	-5.81	54.56	6.44	66.81
15	104.2.6.2	46.13	-13.82	46.55	1.87	62.24
16	313.17.9.1	47.08	-11.07	49.31	4.04	64.41
17	250.10.8.7	50.78	-7.21	53.16	5.10	65.47
18	313.17.7.4	50.85	-9.97	50.40	4.24	64.61
19	104.2.3.3	59.43	-1.10	59.27	9.01	69.38
21	20.17.8.6	47.92	-8.96	51.41	4.63	65.01
22	250.10.8.4	60.25	4.65	65.02	13.30	73.67
23	313.17.6.6	52.23	-6.29	54.08	6.14	66.51
24	104.2.6.6	51.09	-6.17	54.21	6.24	66.61
25	313.17.4.6	49.05	-11.97	48.40	2.96	63.34
26	104.2.3.4	59.22	-2.73	57.65	8.19	68.56
27	104.2.3.2	39.73	-13.63	46.75	2.05	62.43
28	88.13.2.3	52.34	-5.61	54.76	6.74	67.11
29	88.13.2.5	47.14	-8.50	51.88	4.83	65.20
30	20.17.8.3	58.08	-1.54	58.83	8.81	69.18
31	317.5.6.2	90.99	24.19	84.56	25.84	86.21
32	104.2.6.4	59.67	-0.59	59.78	9.76	70.13
33	88.13.2.2	48.31	-12.44	47.93	2.32	62.70
34	104.2.3.5	62.65	1.36	61.74	10.88	71.25
35	250.10.8.5	69.35	5.20	65.58	14.02	74.40
36	313.17.4.4	67.60	3.48	63.85	12.50	72.88
37	313.17.7.3	55.32	-5.21	55.17	7.16	67.53
38	88.5.10.1	46.93	-12.46	47.91	2.24	62.61
39	104.2.3.1	49.04	-9.51	50.86	4.54	64.91
40	104.2.8.3	61.70	0.34	60.71	10.09	70.47
41	313.17.4.3	63.57	0.99	61.36	10.65	71.02
42	250.10.6.4	45.07	-11.72	48.65	3.25	63.62
43	250.10.5.3	54.18	-3.51	56.86	7.69	68.06
44	250.10.1.5	86.15	19.31	79.68	22.58	82.95
45	88.13.2.1	46.57	-11.59	48.78	3.54	63.91
46	313.17.4.1	79.34	11.97	72.35	17.86	78.23
47	93.1.3.3	43.47	-12.74	47.63	2.15	62.52

Quadro 10A: Cont.						
Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
48	85.6.10.6	54.30	-5.77	54.60	6.54	66.91
49	88.5.3.1	75.56	12.54	72.91	18.03	78.41
50	309.7.3.4	64.98	4.31	64.69	12.90	73.27
51	104.2.6.6	72.75	11.89	72.27	17.69	78.07
52	20.10.8.2	35.32	-20.70	39.68	0.94	61.31
53	101.1.2.3	88.83	24.01	84.38	25.47	85.84
54	250.10.3.2	46.63	-11.42	48.95	3.83	64.21
55	250.10.5.5	72.30	10.01	70.39	16.86	77.24
56	250.8.5.6	64.29	5.41	65.78	14.18	74.55
57	313.17.3.1	78.24	11.55	71.92	17.53	77.90
58	88.13.2.4	46.41	-12.12	48.26	2.78	63.15
59	250.8.5.4	51.91	-5.46	54.91	6.95	67.32
60	250.10.5.6	53.38	-4.25	56.12	7.48	67.85
61	237.15.4.5	60.73	3.15	63.52	12.24	72.61
62	313.17.3.6	56.44	-3.30	57.07	7.79	68.16
63	250.10.6.2	64.48	-0.63	59.74	9.54	69.91
64	313.17.3.5	63.72	2.55	62.93	11.85	72.23
65	313.17.3.3	46.44	-12.10	48.28	2.87	63.24
66	313.17.4.5	41.59	-15.18	45.19	1.68	62.05
67	250.10.8.3	67.63	2.62	62.99	11.98	72.35
68	250.10.6.3	63.53	0.89	61.27	10.42	70.80
69	309.7.3.7	59.84	0.09	60.46	9.87	70.25
70	337.7.3.3	75.08	13.37	73.75	19.12	79.49
71	250.10.5.4	44.54	-14.53	45.84	1.78	62.15
72	88.5.3.6	70.03	9.06	69.43	16.18	76.56
73	250.10.5.1	66.36	5.19	65.56	13.87	74.25

Quadro 11A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável diâmetro de frutos, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	35.35	2.31	34.17	5.23	37.09
2	313.17.6.5	34.91	2.89	34.75	6.02	37.87
3	20.17.8.5	29.14	-1.12	30.73	2.41	34.26
4	313.17.6.1	36.46	3.58	35.43	7.14	39.00
5	20.17.8.2	28.90	-1.23	30.63	2.27	34.13
6	313.17.9.2	35.48	2.37	34.22	5.30	37.16
7	313.17.9.3	31.81	0.75	32.61	3.89	35.75
8	104.2.8.4	38.80	5.51	37.36	10.09	41.94
9	88.13.2.6	29.73	-1.87	29.99	1.88	33.74
10	104.2.3.6	29.32	-2.27	29.59	1.60	33.46
11	313.17.6.3	35.44	3.13	34.98	6.21	38.06
12	20.17.8.4	31.93	0.11	31.96	3.48	35.33
13	313.17.7.1	34.54	1.47	33.32	4.65	36.51
14	313.17.4.7	32.66	-0.14	31.71	3.26	35.12
15	104.2.6.2	26.60	-5.02	26.84	0.61	32.46
16	313.17.9.1	31.85	0.77	32.62	3.99	35.84
17	250.10.8.7	34.90	2.87	34.72	5.93	37.78
18	313.17.7.4	30.17	-0.46	31.40	2.87	34.72
19	104.2.3.3	34.31	-0.07	31.79	3.30	35.16
21	20.17.8.6	34.54	3.63	35.48	7.30	39.15
22	250.10.8.4	35.83	1.83	33.68	4.90	36.75
23	313.17.6.6	33.91	2.43	34.29	5.44	37.30
24	104.2.6.6	34.80	2.84	34.70	5.84	37.70
25	313.17.4.6	26.94	-4.87	26.99	0.64	32.50
26	104.2.3.4	30.34	-1.16	30.69	2.37	34.23
27	104.2.3.2	23.54	-4.81	27.04	0.68	32.53
28	88.13.2.3	30.05	-1.95	29.91	1.85	33.70
29	88.13.2.5	24.19	-4.31	27.55	0.75	32.60
30	20.17.8.3	31.59	-1.05	30.81	2.51	34.37
31	317.5.6.2	34.28	1.14	33.00	4.41	36.26
32	104.2.6.4	41.74	6.95	38.80	10.94	42.79
33	88.13.2.2	26.04	-5.26	26.59	0.57	32.43
34	104.2.3.5	34.88	0.40	32.26	3.61	35.47
35	250.10.8.5	30.45	-1.77	30.09	1.98	33.83
36	313.17.4.4	35.44	3.11	34.96	6.11	37.97
37	313.17.7.3	31.34	-0.72	31.13	2.69	34.54
38	88.5.10.1	32.95	0.77	32.62	3.94	35.79
39	104.2.3.1	27.96	-2.74	29.12	1.31	33.16
40	104.2.8.3	28.79	-2.50	29.35	1.43	33.28
41	313.17.4.3	40.30	6.17	38.02	10.51	42.36
42	250.10.6.4	28.32	-2.05	29.80	1.79	33.64
43	250.10.5.3	33.10	1.18	33.03	4.47	36.32
44	250.10.1.5	32.86	1.26	33.11	4.59	36.44
45	88.13.2.1	33.43	1.11	32.96	4.35	36.21
46	313.17.4.1	30.41	-1.57	30.29	2.11	33.96
47	93.1.3.3	29.02	-1.75	30.11	2.04	33.90

Quadro 11A: Cont.						
Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
48	85.6.10.6	30.19	-1.82	30.04	1.94	33.80
49	88.5.3.1	33.85	0.02	31.87	3.35	35.20
50	309.7.3.4	31.62	-0.54	31.32	2.83	34.69
51	104.2.6.6	29.45	0.97	32.83	4.14	35.99
52	20.10.8.2	23.05	-6.58	25.27	0.10	31.96
53	101.1.2.3	38.14	4.10	35.96	8.51	40.37
54	250.10.3.2	24.57	-4.46	27.40	0.71	32.57
55	250.10.5.5	28.51	-2.35	29.50	1.54	33.40
56	250.8.5.6	37.48	3.29	35.15	6.41	38.26
57	313.17.3.1	37.27	1.58	33.44	4.71	36.57
58	88.13.2.4	32.28	-0.17	31.68	3.18	35.03
59	250.8.5.4	29.19	-2.10	29.75	1.69	33.55
60	250.10.5.6	24.83	-3.90	27.95	0.81	32.66
61	237.15.4.5	34.64	2.04	33.90	5.16	37.02
62	313.17.3.6	35.27	2.40	34.25	5.37	37.23
63	250.10.6.2	32.22	-0.20	31.66	3.14	34.99
64	313.17.3.5	32.90	1.09	32.94	4.30	36.15
65	313.17.3.3	33.83	0.51	32.37	3.80	35.65
66	313.17.4.5	25.80	-3.03	28.83	1.10	32.96
67	250.10.8.3	33.12	0.06	31.92	3.43	35.29
68	250.10.6.3	37.03	3.81	35.66	7.64	39.50
69	309.7.3.7	34.57	1.82	33.68	4.84	36.69
70	337.7.3.3	35.30	3.55	35.41	6.87	38.72
71	250.10.5.4	29.83	-1.42	30.44	2.21	34.06
72	88.5.3.6	32.11	0.93	32.78	4.04	35.89
73	250.10.5.1	29.66	-1.40	30.45	2.24	34.10

Quadro 12A Valores fenotípicos, efeito aditivo predito (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganho genético e nova média predita, para a variável espessura do pericarpo, para os 73 melhores indivíduos de *Capsicum annum* var. *annuum* selecionados.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
1	313.17.9.7	2.80	0.16	2.91	0.37	3.12
2	313.17.6.5	3.23	0.38	3.13	0.54	3.29
3	20.17.8.5	2.70	0.09	2.84	0.32	3.07
4	313.17.6.1	2.93	0.27	3.02	0.45	3.20
5	20.17.8.2	2.40	-0.02	2.73	0.27	3.01
6	313.17.9.2	3.38	0.37	3.12	0.54	3.28
7	313.17.9.3	3.33	0.36	3.10	0.52	3.26
8	104.2.8.4	3.20	0.29	3.04	0.47	3.22
9	88.13.2.6	2.80	-0.16	2.58	0.16	2.91
10	104.2.3.6	2.77	-0.10	2.65	0.20	2.95
11	313.17.6.3	2.95	0.28	3.02	0.46	3.21
12	20.17.8.4	3.10	0.24	2.99	0.43	3.18
13	313.17.7.1	3.45	0.51	3.26	0.64	3.38
14	313.17.4.7	2.63	0.00	2.75	0.28	3.02
15	104.2.6.2	2.33	-0.38	2.37	0.06	2.81
16	313.17.9.1	2.68	0.12	2.86	0.33	3.08
17	250.10.8.7	2.63	-0.06	2.69	0.23	2.98
18	313.17.7.4	3.20	0.42	3.17	0.59	3.33
19	104.2.3.3	2.97	-0.03	2.72	0.26	3.01
21	20.17.8.6	2.90	0.18	2.93	0.38	3.13
22	250.10.8.4	3.93	0.55	3.29	0.66	3.41
23	313.17.6.6	2.80	0.00	2.75	0.27	3.02
24	104.2.6.6	3.58	0.51	3.25	0.62	3.37
25	313.17.4.6	2.33	-0.38	2.37	0.07	2.81
26	104.2.3.4	2.90	0.10	2.85	0.33	3.07
27	104.2.3.2	2.00	-0.38	2.36	0.06	2.81
28	88.13.2.3	2.75	-0.11	2.64	0.19	2.94
29	88.13.2.5	1.73	-0.56	2.19	0.02	2.76
30	20.17.8.3	2.28	-0.36	2.39	0.07	2.82
31	317.5.6.2	2.73	0.11	2.85	0.33	3.08
32	104.2.6.4	3.00	0.16	2.91	0.36	3.11
33	88.13.2.2	2.45	-0.34	2.41	0.08	2.83
34	104.2.3.5	2.43	-0.30	2.45	0.10	2.85
35	250.10.8.5	2.77	-0.10	2.65	0.20	2.95
36	313.17.4.4	2.17	-0.23	2.52	0.13	2.88
37	313.17.7.3	3.28	0.24	2.99	0.44	3.18
38	88.5.10.1	3.33	0.47	3.21	0.61	3.36
39	104.2.3.1	2.68	-0.04	2.70	0.25	3.00
40	104.2.8.3	1.95	-0.40	2.34	0.06	2.80
41	313.17.4.3	3.00	0.22	2.96	0.41	3.16
42	250.10.6.4	3.13	0.19	2.93	0.39	3.14
43	250.10.5.3	3.18	0.15	2.90	0.35	3.10
44	250.10.1.5	2.80	0.12	2.87	0.34	3.08
45	88.13.2.1	4.00	0.80	3.54	0.80	3.55
46	313.17.4.1	2.50	-0.27	2.47	0.11	2.86
47	93.1.3.3	2.68	0.02	2.77	0.28	3.03

Quadro 12A: Cont.

Ranque	Indivíduo	Fenótipo	aditivo	u+a	Ganho	média
48	85.6.10.6	2.28	-0.38	2.37	0.07	2.82
49	88.5.3.1	2.55	-0.20	2.55	0.15	2.90
50	309.7.3.4	2.43	-0.14	2.61	0.17	2.92
51	104.2.6.6	2.55	0.05	2.80	0.29	3.04
52	20.10.8.2	1.95	-0.52	2.23	0.03	2.77
53	101.1.2.3	2.63	-0.07	2.67	0.22	2.97
54	250.10.3.2	3.45	0.37	3.12	0.52	3.27
55	250.10.5.5	2.93	-0.06	2.69	0.24	2.99
56	250.8.5.6	2.60	0.05	2.79	0.29	3.04
57	313.17.3.1	2.90	-0.10	2.64	0.20	2.94
58	88.13.2.4	3.63	0.56	3.31	0.69	3.43
59	250.8.5.4	2.38	-0.32	2.43	0.09	2.84
60	250.10.5.6	2.23	-0.35	2.40	0.08	2.82
61	237.15.4.5	3.50	0.38	3.13	0.55	3.30
62	313.17.3.6	3.70	0.61	3.35	0.70	3.45
63	250.10.6.2	2.88	0.28	3.03	0.47	3.21
64	313.17.3.5	2.60	-0.06	2.69	0.24	2.98
65	313.17.3.3	3.88	0.65	3.40	0.74	3.49
66	313.17.4.5	2.58	0.17	2.92	0.38	3.12
67	250.10.8.3	2.40	-0.08	2.67	0.22	2.96
68	250.10.6.3	3.03	0.09	2.83	0.32	3.07
69	309.7.3.7	2.58	-0.07	2.68	0.23	2.98
70	337.7.3.3	2.60	0.07	2.81	0.31	3.05
71	250.10.5.4	2.85	-0.03	2.72	0.25	3.00
72	88.5.3.6	3.18	0.26	3.01	0.45	3.19
73	250.10.5.1	2.95	0.05	2.80	0.30	3.05

Ranque	Progênie F _{3:4}	Planta F ₅	Pungência	Ranque	Progênie F _{3:4}	Planta F ₅	Pungência	Ranque	Progênie F _{3:4}	Planta F ₅	Pungência
1	313.17.9	7	Ausente	26	104.2.3	4	Presente	51	104.2.6	6	Presente
2	313.17.6	5	Presente	27	104.2.3	2	Presente	52	20.10.8	2	Presente
3	20.17.8	5	Ausente	28	88.13.2	3	Presente	53	101.1.2	3	Ausente
4	313.17.6	1	Presente	29	88.13.2	5	Presente	54	250.10.3	2	Presente
5	20.17.8	2	Presente	30	20.17.8	3	Presente	55	250.10.5	5	Presente
6	313.17.9	2	Presente	31	317.5.6	2	Presente	56	250.8.5	6	Presente
7	313.17.9	3	Presente	32	104.2.6	4	Presente	57	313.17.3	1	Presente
8	104.2.8	4	Presente	33	88.13.2	2	Presente	58	88.13.2	4	Presente
9	88.13.2	6	Presente	34	104.2.3	5	Presente	59	250.8.5	4	Presente
10	104.2.3	6	Presente	35	250.10.8	5	Presente	60	250.10.5	6	Presente
11	313.17.6	3	Presente	36	313.17.4	4	Presente	61	237.15.4	5	Presente
12	20.17.8	4	Presente	37	313.17.7	3	Presente	62	313.17.3	6	Presente
13	313.17.7	1	Presente	38	88.5.10	1	Ausente	63	250.10.6	2	Presente
14	313.17.4	7	Presente	39	104.2.3	1	Presente	64	313.17.3	5	Presente
15	104.2.6	2	Presente	40	104.2.8	3	Presente	65	313.17.3	3	Presente
16	313.17.9	1	Presente	41	313.17.4	3	Presente	66	313.17.4	5	Presente
17	250.10.8	7	Presente	42	250.10.6	4	Presente	67	250.10.8	3	Presente
18	313.17.7	4	Presente	43	250.10.5	3	Presente	68	250.10.6	3	Presente
19	104.2.3	3	Presente	44	250.10.1	5	Presente	69	309.7.3	7	Presente
20	104.2.8	2	Presente	45	88.13.2	1	Presente	70	337.7.3	3	Ausente
21	20.17.8	6	Presente	46	313.17.4	1	Presente	71	250.10.5	4	Ausente
22	250.10.8	4	Presente	47	93.1.3	3	Presente	72	88.5.3	6	Ausente
23	313.17.6	6	Presente	48	85.6.10	6	Presente	73	250.10.5	1	Presente
24	104.2.6	1	Presente	49	88.5.3	1	Ausente				
25	313.17.4	6	Presente	50	309.7.3	4	Ausente				

Quadro 13A Presença ou ausência de capsaicina nas 73 plantas selecionadas pelo índice de seleção proposto por Mulamba e Mock.