

MÉTODO GENEALÓGICO E REML/BLUP ASSOCIADOS AO
DESENVOLVIMENTO DO PIMENTÃO (*Capsicum annuum* L.)
RESISTENTE À MANCHA BACTERIANA

GASPAR AFONSO DA GRAÇA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MAIO – 2019

MÉTODO GENEALÓGICO E REML/BLUP ASSOCIADOS AO
DESENVOLVIMENTO DO PIMENTÃO (*Capsicum annuum* L.)
RESISTENTE À MANCHA BACTERIANA

GASPAR AFONSO DA GRAÇA

“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.”

Orientadora: Prof^a. Rosana Rodrigues

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MAIO – 2019

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

G729

Graça, Gaspar Afonso da.

MÉTODO GENEALÓGICO E REML/BLUP ASSOCIADOS AO DESENVOLVIMENTO DO PIMENTÃO (*Capsicum annuum L.*) RESISTENTE À MANCHA BACTERIANA / Gaspar Afonso da Graça. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

87 f. : il.

Bibliografia: 53 - 70.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2019.
Orientadora: Rosana Rodrigues.

1. Xanthomonas euvesicatoria. 2. Melhoramento genético. 3. Resistência a doenças em plantas. 4. Modelos mistos. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

MÉTODO GENEALÓGICO E REML/BLUP ASSOCIADOS AO
DESENVOLVIMENTO DO PIMENTÃO (*Capsicum annuum* L.)
RESISTENTE À MANCHA BACTERIANA

GASPAR AFONSO DA GRAÇA

“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 27 de maio de 2019.

Comissão examinadora:

Prof.^a. Telma Nair Santana Pereira (Ph.D., Plant Breeding) - UENF

Prof. Geraldo do Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia) - UENF

Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF

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

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

DEDICATÓRIA

Aos meus pais Manuel da Graça (*in memoriam*) e Eufragina do Espírito da Graça Afonso por darem todo pouco que tinham para que eu atingisse a esse extremo. À minha esposa Abidsilay Soares da Glória, à minha filha Silvia Soares da Graça e ao meu filho Marcelo Soares da Graça pelo amor e afeto.

AGRADECIMENTOS

A Deus, em primeiro lugar, pela vida, saúde e sabedoria que me concedeu para atingir esta meta;

Aos meus pais Manuel da Graça (*in memoriam*) e Eufragina do Espírito Afonso da Graça por tudo que fizeram por mim enquanto puderam;

À minha esposa Abidsilay Soares da Glória que pôde e soube suportar a minha longa ausência;

À minha filha Silvia Soares da Graça e ao meu filho Marcelo Soares da Graça pelo afeto e amor demonstrados ao longo desses anos em que não pude estar fisicamente presente;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela recepção e oportunidade que me ofereceram em poder cursar o meu doutorado nesta instituição;

A CAPES e à FAPERJ pela concessão da minha bolsa de manutenção e apoio à minha pesquisa do doutorado;

À PGCD (Programa de Pós-Graduação Ciência para Desenvolvimento) pela oportunidade e pela bolsa concedida durante a primeira fase do programa em Cabo Verde;

À CIAT-STP (Centro de Investigação Agro-Tecnológica de São Tomé e Príncipe);

À professora Rosana Rodrigues por me receber no seu laboratório, pela oportunidade de fazer parte da sua equipe, e ter disponibilizado a sua orientação, ensinamento e todo suporte no momento oportuno;

Aos professores Alexandre Pio Viana, Geraldo do Amaral Gravina e professora Telma Nair Santana Pereira pelos ensinamentos, orientações e valiosas contribuições dadas para aprimoramento dos meus conhecimentos;

Aos professores Marcelo Vivas e Leandro Simões Azeredo Gonçalves pela participação na banca e contribuição com valiosas sugestões;

Aos demais professores do programa de Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, em particular aos professores Messias Gonzaga Pereira e Antônio Teixeira do Amaral Júnior pelos conhecimentos transmitidos;

À doutora Claudia Pombo Sudré pelo apoio e ensinamento incondicionais;

Ao doutor Samy Pimenta e doutora Cintia Bento pelas contribuições acrescentadas ao meu trabalho;

Aos colegas do laboratório, os excepcionais “Resistentes”: Maria do Socorro, Antônio André, Jefferson, Claudia Lougon, Thâmara Figueiredo, Anderson, Karina, Rosimara, Ligia Renata, Ingrid Gaspar, Elizangela Kinaublach, Sabrina Cassaro, Luiz Fernando, Claudia Roberta, Laila, Paula, Guilherme, Paola, Eduardo e Marlon; Agradecimentos extensivos a Aminthia Pombo e Lídia Pereira;

Ao professor Alessandro Coutinho Ramos;

Um particular agradecimento ao Secretário, José Daniel pelo apoio que sempre me prestou, do primeiro ao último dia, logo que o solicitei ainda mesmo lá do outro lado do Atlântico;

Aos colegas e amigos (as) de PGCD 2015;

À equipe da PESAGRO José Manoel, Enildo, e Jocimar pelas colaborações nos ensaios conduzidos ali;

Aos professores Severino Neto do Espírito Santo, Filipe Luís Bandeira Bonfim e Ana Maria Deus Lima;

A todos (as) colegas e amigos (as) da UENF que tive o privilégio de conhecer e partilhar conhecimentos e momentos de lazer.

“O presente trabalho foi financiado em parte pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) – Código de financiamento 001”

SUMÁRIO

RESUMO	xii
ABSTRACT	xiv
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1 Objetivo Geral.....	4
2.2 Objetivos Específicos.....	4
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	5
3.1 Cultura do pimentão: Origem, diversidade, taxonomia e botânica.....	5
3.2 Valor nutritivo do pimentão	8
3.3 Mercado do pimentão	8
3.4 Mancha bacteriana em <i>Capsicum</i>	13
3.5 Medidas preventivas de controle da mancha bacteriana	15
3.6 Patossistema <i>Capsicum</i> x <i>Xanthomonas</i> spp.....	16
3.7 Melhoramento de <i>Capsicum annuum</i> na UENF	19
3.8 Método genealógico na condução de gerações segregantes.....	21
3.9 Metodologia dos Modelos mistos no melhoramento de plantas autógamas	21
4 MATERIAL E MÉTODOS	25
4.1 Fenotipagem morfoagronômica e Reação à mancha bacteriana.....	25
4.1.1 Condução e avaliação da geração F _{2:3}	25
4.1.2 Avaliação da reação à mancha bacteriana na geração F _{2:3}	27

4.1.3 Fenotipagem das características morfoagronômicas das linhas F _{2:3}	30
4.2 Análise estatística	33
5. RESULTADOS	36
5.1 Resultados da geração F _{2:3}	36
5.2. Resultados da geração F _{3:4}	41
6. DISCUSSÃO	47
7. CONCLUSÕES	52
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	53

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Diagrama de espécies de <i>Capsicum</i> e sua distribuição com base em complexos gênicos, números de cromossomos e espécies silvestres encontradas no Brasil. (Fonte: Rodrigues et al., 2016)	7
Figura 2. Subgrupos do pimentão em função da: A- coloração da superfície do fruto; B- Comprimento do fruto (cm); C- Diâmetro do fruto (cm) adaptado da Secretaria de Agricultura e Abastecimento de São Paulo, 2019.....	10
Figura 3. Fluxograma do programa de melhoramento de <i>Capsicum</i> da UENF para obtenção de linhagens recombinantes resistentes à mancha bacteriana e antracnose pelo método SSD e <i>pedigree</i> . Adaptado de Pimenta (2015). Campos dos Goytacazes, UENF, 2019.....	20
Figura 4. Fluxograma da condução da população $F_{2:3}$ e $F_{3:4}$ do <i>Capsicum annuum</i> pelo método genealógico obtido do cruzamento entre UENF 2285 e UENF 1381, baseado na seleção via modelos mistos. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.....	26
Figura 5. Fenótipo dos frutos de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i> . A- Parentais w geração F_1 . B- Variabilidade de formato dos frutos da população F_2 Adaptado: Silva (2017). Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.....	27

Figura 6. Mudas de <i>Capsicum annuum</i> da geração F _{2:3} produzidas em bandejas de poliestireno expandido de 200 células em casa de vegetação. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.....	27
Figura 7. Preparação da suspensão bacteriana e inoculação. A- <i>X. euvesicatoria</i> (ENA 4135) em meio DYGS e óleo mineral; B- Preparo da suspensão bacteriana em água estéril; C- Inoculação por infiltração no mesófilo foliar. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.....	28
Figura 8. Escala de severidade com base em notas para avaliação da mancha bacteriana (<i>Xanthomonas euvesicatoria</i>) em folhas de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i> (Riva-Souza et al., 2009).....	29
Figura 9. Visão geral do experimento na fase vegetativa em condições de campo com 60 famílias F _{2:3} de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i> oriundas do cruzamento UENF 2285 x UENF 1381. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.....	30
Figura 10. Visão geral do experimento no início da fase reprodutiva, em condições de campo, com 57 famílias F _{3:4} de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i> oriundas do cruzamento UENF 2285 x UENF 1381. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.....	32
Figura 11. Formatos de fruto observado na geração F _{2:3} de <i>Capsicum annuum</i> . Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.....	36
Figura 12. Distribuição dos indivíduos F _{2:3} de <i>Capsicum annuum</i> em classes de resistência reação à mancha bacteriana. (AR-Altamente resistente, R-resistente, MR- Moderadamente resistente, MS- Moderadamente suscetível, S- suscetível e AS- Altamente suscetível), com base no AACPD.	40
Figura 13. Distribuição dos indivíduos F _{2:3} de <i>Capsicum annuum</i> resistentes à mancha bacteriana de acordo à dimensão do fruto. (AR- Altamente resistente, R- resistente e MR- Moderadamente resistente)	40
Figura 14. Genótipos com características de mini pimentão comercial (subclasse de 4 a 6 cm de diâmetro do fruto), de acordo com as normas de classificação de pimentão no Brasil.....	41

Figura 15. Formatos de fruto observado na geração F _{3:3} de <i>Capicum annuum</i> . Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.....	42
---	----

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Classes e subclasses do pimentão em função do comprimento e diâmetro do fruto (Nick & Borém, 2016).....	9
Tabela 2. Limites de tolerância de defeitos graves e leves para cada categoria de qualidade que permitem a classificação de extra, categoria I, II e III (Nick & Borém, 2016).....	11
Tabela 3. Raças de <i>Xanthomona euvesicatoria</i> distribuídas por região e por estados do Brasil.	14
Tabela 4. Genes de resistência à mancha bacteriana em acessos de <i>Capsicum</i> spp e os respectivos genes de avirulência que interagem com eles. Adaptado de Stall, et al., 2009.	18
Tabela 5. Descritores das características qualitativas avaliadas <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i>	31
Tabela 6. Descritores de <i>Capsicum</i> utilizados para avaliar as características quantitativas de frutos de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i> Campos dos Goytacazes - RJ, UENF, 2019.....	31
Tabela 7. Análise de <i>deviance</i> para os caracteres de resistência à mancha bacteriana e características morfoagronômicas de frutos ² em 60 progênies F _{2:3} de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i>	37

Tabela 8. Estimativa dos componentes de variância (REML) e parâmetros genéticos para variáveis de resistência à mancha bacteriana e características morfoagronômicas de frutos em 60 progênies F _{2:3} de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i>	38
Tabela 9. Ranqueamento das progênies baseado nos ganhos genéticos esperados utilizando o índice de seleção de <i>rank</i> médio para variáveis de resistência à mancha bacteriana e variáveis morfoagronômicas de 60 progênies F _{2:3} de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i>	39
Tabela 10. Análise de <i>deviance</i> para os caracteres de resistência à mancha bacteriana e características morfoagronômicas de frutos em 60 progênies F _{3:4} de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i>	42
Tabela 11. Estimativa dos componentes de variância (REML) e parâmetros genéticos para variáveis de resistência à mancha bacteriana e características morfoagronômicas de frutos ³ em 60 progênies F _{3:4} de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i>	44
Tabela 12. Ranqueamento das progênies baseado nos ganhos genéticos esperados utilizando o índice de seleção de <i>rank</i> médio para variáveis de resistência à mancha bacteriana e variáveis morfoagronômicas de 60 progênies F _{3:4} de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i>	45
Tabela 13. Média das gerações devidas aos efeitos incorporados das progênies e populações em F ₂ , F ₃ e F ₄	46

RESUMO

GRAÇA, Gaspar Afonso; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Maio, 2019. Método genealógico e REML/BLUP associados ao desenvolvimento do pimentão (*Capsicum annuum* L.) resistente à mancha bacteriana; Orientadora: Rosana Rodrigues; Conselheiros Geraldo de Amaral Gravina e Alexandre Pio Viana.

Em pimentão (*Capsicum annuum* L.) à mancha bacteriana, causada por *Xanthomonas euvesicatoria*, é um dos fatores limitantes à cultura. Medidas de controle como rotação de culturas e eliminação de restos culturais na área de cultivo são recomendadas. No entanto, a utilização de cultivares resistentes é a medida que confere maior eficiência no controle desta doença. O objetivo do presente trabalho foi selecionar genótipos de pimentão e mini pimentão resistentes à mancha bacteriana e com características agronômicas desejáveis via modelos mistos. Neste trabalho foram fenotipadas 60 linhas da geração F_{2:3} e 57 linhas F_{3:4} conduzidas pelo método genealógico. Essas linhas foram oriundas do cruzamento UENF 2285 x UENF 1381. Para avaliação da reação à mancha bacteriana foi utilizado o isolado ENA 4135 de *X. euvesicatoria*. A inoculação foi realizada em mudas com quatro folhas definitivas, por infiltração da suspensão bacteriana (10^5 ufc.mL⁻¹) em 1,0 cm² do mesófilo foliar. A avaliação foi realizada por meio de escala de notas, com valores de um a cinco, realizada durante 11 dias consecutivos após a inoculação. As plantas com notas um (1) e dois (2) foram consideradas resistentes e as demais suscetíveis. Com os valores da Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD) e com as características quantitativas relacionadas

ao fruto foram estimados os componentes de variância, predito os valores genéticos e ganhos genéticos via modelos mistos (REML/BLUP). Para seleção das progênie promissoras foi utilizado o índice de Mulamba e Mock adaptado. O coeficiente de variação genética aditiva variou de 12,97% a 32,57% na $F_{2:3}$, e 8,51% a 58,41% na $F_{3:4}$ valores que confirmam a existência de variabilidade genética nas populações. A herdabilidade média da progênie foi de alta magnitude variando de 80% a 97% para $F_{2:3}$, e 59% a 96% para $F_{3:4}$. A herdabilidade no sentido restrito foi de magnitude baixa a média, variando de 17% a 65% na $F_{2:3}$ e de 6,7% a 52% na $F_{3:4}$. A acurácia esteve acima de 80% para todos caracteres estudados na geração $F_{2:3}$ e acima de 77% para $F_{3:4}$, o que indica a confiabilidade na seleção das linhas e alta correlação entre valor genético verdadeiro e o estimado. O índice de seleção permitiu selecionar 33% das linhas segregantes na geração $F_{2:3}$ e 38% na geração $F_{3:4}$. Nestas linhas, o valor genético predito para AACPD foi negativo e o ganho genético nulo, em contrapartida para a variável Período de Incubação (PI) e para as características morfoagronômicas o ganho genético predito foi alto. A maioria das linhas resistentes selecionadas possuem frutos com menor comprimento e diâmetro, sendo indicadas para o mercado de mini pimentão. A seleção dessas linhas possibilitará a obtenção de cultivares de pimentão resistentes à mancha bacteriana e com características agronômicas desejáveis, principalmente de mini pimentões.

Palavras-chave: *Xanthomonas euvesicatoria*; Melhoramento genético; Resistência a doenças em plantas; Modelos mistos.

ABSTRACT

GRAÇA, Gaspar Afonso; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Maio, 2019. Genealogical method and REML/BLUP associated to the development of sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) resistant to bacterial spot; Adviser: Rosana Rodrigues; Committee members: Geraldo de Amaral Gravina e Alexandre Pio Viana.

In sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) the bacterial spot, caused by *Xanthomonas euvesicatoria*, is one of the limiting factors to the crop. Control measures such as crop rotation and cultural residue elimination in the cultivated area are recommended. However, the use of resistant cultivars is the measure that confers greater efficiency in the control of this disease. The aim of this study was to estimate the genetic parameters, predict genetic gain and explore the genetic variability in a segregating population of *C. Annuum*, in order to select resistant genotypes to bacterial spot and desirable agronomic traits. In the present work, 60 lines in F_{2:3} generation and 57 lines in F_{3:4} conducted by the genealogical method were phenotyped. These lines came from crossing between UENF 2285 x UENF 1381. To evaluate the reaction to the bacterial spot was used the ENA 4135 isolate from *X. euvesicatoria*. The inoculation was performed in seedlings with four definitive leaves, by infiltration of the bacterial suspension (10⁵ ufc/mL) in 1.0 cm² of the foliar mesophyll. The evaluation was done by means of a scale of scores, with values from one to five, performed during 11 consecutive days from the day after the inoculation. The plants with notes one (1) and two (2) were considered resistant and the others susceptible. With the values of the area under disease progress curve

(AUDPC) the components of variance were estimated and the genetic values for resistance to bacterial spot were predicted via mixed models (REML/BLUP). The gains were also predicted for the quantitative and production characteristics related to the fruits. The mean rank index was used to select the promising progenies. The additive genetic variation coefficient ranged from 12,97% to 32,57% in $F_{2:3}$, and 8,51% to 58,41% in $F_{3:4}$ values that confirm the existence of genetic variability in these populations. The average heritability of the progeny was of high magnitude ranging from 80% to 97% for $F_{2:3}$, e 59% a 96% for $F_{3:4}$ and heritability in the narrow sense was of mean average magnitude varying from 17% to 65% in $F_{2:3}$ and from 6,7% to 52% in $F_{3:4}$. The accuracy of the selection was above 80% for all traits studied in $F_{2:3}$ generation, and above 77% for $F_{3:4}$ which indicates the reliability in the selection of lines and high correlation between true and estimated genetic value. The selection index allowed to select 33% of the segregating lines in $F_{2:3}$, and 38% in $F_{3:4}$. In these lines, the predicted genetic value for AACPD was negative and the genetic gain was null, in contrast to the variable incubation period (PI) and the morphoagronomic traits predicted genetic gain was high. The selection of these lines will make it possible to obtain sweet pepper cultivars resistant to bacterial spot and with desirable agronomic traits, especially of mini sweet pepper.

Keywords: *Xanthomonas euvesicatoria*; Genetic breeding; Resistance to plant diseases; Mixed.models

1. INTRODUÇÃO

O consumo de pimentão e pimenta (*Capsicum* spp.) em geral, tem aumentado no âmbito mundial pelo seu valor nutritivo: rico em vitaminas C e E, pró-vitamina A e carotenoides e compostos com propriedades antioxidantes (Loizzo et al., 2015; Chapa-Oliver & Mejía-Teniente, 2016; Baenas et al., 2019). No Brasil, o pimentão (*Capsicum annuum* L.) representa uma cultura com grande importância socioeconômica, por estar fortemente associada à agricultura familiar, gerando emprego e renda, devido à alta demanda por mão de obra (Santos et al., 2014). Contudo, essa cultura tem sido apontada como uma das hortaliças com maior índice de contaminação por defensivos agrícolas (Carneiro et al., 2015; ANVISA, 2016; Pignati et al., 2017; Brasil, 2018). Este índice de contaminação deve-se ao uso de defensivos não registrados para a cultura, além de aplicações de quantidades acima dos valores recomendados.

A qualidade e a produção de pimentão têm sido prejudicadas pelas doenças que acometem esta cultura. Dentre as doenças bacterianas em pimentão, à mancha bacteriana, causada por *Xanthomonas euvesicatoria* (Jones et al., 2004; Potnis et al., 2015) é considerada a segunda doença mais prejudicial a essa cultura no mundo, depois da murcha bacteriana provocada por *Ralstonia solanacearum* (Lin et al., 2014). No Brasil, a *X. euvesicatoria* é o agente bacteriano fitopatogênico com maior prevalência na cultura do pimentão, apresentando vantagem competitiva em relação as outras espécies (Areas et al., 2015). Controlar a mancha bacteriana nas lavouras comerciais é um desafio para agricultura moderna, devido a reduzida

eficácia do controle com defensivos agrícolas e pela inexistência de cultivares de pimentão geneticamente resistentes do tipo linha pura, não obstante a existência de três híbridos, DAHRA RX, MIRELLA e SV1634PH, com resistência a certas raças (Sakata, 2018; Seminis, 2018).

Populações e raças de *Xanthomonas* spp. tolerantes a bactericidas cúpricos têm sido relatadas mundialmente (Araújo et al., 2012; Pontes et al., 2016; Griffin et al., 2017; Burlakoti et al., 2018). Essa tolerância provavelmente deve estar associada a mudanças nas populações do patógeno. Apesar disso, mantêm-se o uso continuado desses defensivos agrícolas devido à falta de informação e assistência técnica adequada, além de sua disponibilidade generalizada.

Face às preocupações ambientais e com os consumidores, bem como o risco de insensibilidade aos defensivos agrícolas à base de cobre, recomenda-se controle biológico (Shrestha, Kim & Park, 2014; van Lenteren et al., 2018) ou desenvolvimento de cultivares geneticamente resistentes como formas mais efetivas de reduzir o impacto das doenças (Quezado-Duval & Camargo, 2004; Riva-Souza et al., 2009).

Muitos trabalhos têm sido desenvolvidos no sentido de identificar fontes de resistência, estudar a reação à mancha bacteriana, a herança genética e o número de genes que controlam a resistência à mancha bacteriana em *Capsicum* spp. (Riva et al., 2004; Moreira et al., 2015; Kyeon et al., 2016; Silvar & García-González, 2017; Bento et al., 2017; Silva et al., 2017). No entanto, poucas cultivares de pimentão resistentes estão disponíveis no mercado, o que demanda pesquisas no sentido de desenvolver cultivares resistentes à diferentes raças de acordo com as suas ocorrências regionais.

Os modelos mistos têm sido utilizados em diferentes programas de melhoramento de plantas (Oliveira et al., 2015; Santos et al., 2015; Souza et al., 2016; Carias et al., 2016; Santos et al., 2017). Essa abordagem estatística permite melhor estimação dos parâmetros genéticos e maximização da acurácia seletiva e dos ganhos genéticos (REML/BLUP), por ser um procedimento ótimo de estimação dos componentes de variância e de predição dos valores genéticos (Balzarini, 2015; Resende, 2016).

A necessidade de obtenção de genótipos com boa performance em experimentos com avaliação de gerações, e de vários indivíduos por gerações, faz dos modelos mistos, procedimentos genéticos-estatísticos mais eficientes para

avaliação em melhoramento das plantas autógamas e identificação das progênes e linhas com alto mérito genético (Ramalho & Araújo, 2011). Este procedimento estatístico é uma estratégia que aprimora a eficiência de seleção em plantas autógamas, porque possibilita explorar a informação da genealogia das progênes registradas ao longo das gerações de autofecundação, e adequa essas informações por meio de análise e avaliação de progênes ao longo das gerações segregantes (Nunes et al., 2008). O uso do REML/BLUP associado ao *pedigree* no melhoramento de plantas autógamas anuais tem sido pouco explorado e pouco relatado na literatura.

A aplicação do REM/BLUP permitir trabalhar com sucessivas gerações de autofecundação em que são avaliados muitos indivíduos entre e dentro das famílias. Por outro lado, esta metodologia permite trabalhar com dados desbalanceados, e oferece acurácia mais robusta das estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais, bem como predição dos valores genéticos de forma não enviesada e fornecendo informações adicionais relevantes para a identificação de genótipos superiores para condução na geração seguinte (Smith et al., 2005).

Segundo Resende et al. (2015), o uso dos modelos mistos por meio do BLUP para conduzir uma sequência de análises em sucessivas gerações de acordo ao método genealógico, pode ser empregado com sucesso em programas de melhoramento de plantas autógamas. O índice de seleção via BLUP permite incorporar na análise toda estrutura de um programa de melhoramento em planta autógama, incluindo os dados dos parentais, dos híbridos e das gerações segregantes, visto ser importante ter um índice de seleção que não só inclui o efeito da progênie em cada geração, mas sim o efeito simultâneo da população em todas as gerações bem como efeito dos parentais, dos híbridos e da geração F_2 (Resende et al., 2016).

O objetivo do presente trabalho foi estimar os parâmetros genéticos, predizer o ganho genético nas populações $F_{2:3}$ e $F_{3:4}$ e explorar a variabilidade genética existente nestas populações no sentido de selecionar genótipos de pimentão resistentes à mancha bacteriana e com características agronômicas desejáveis.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Desenvolver linhas recombinadas de pimentões resistentes à mancha bacteriana e com características agronômicas de interesse.

2.2 Objetivos Específicos

Conduzir populações segregantes pelo método genealógico nas gerações $F_{2:3}$ e $F_{3:4}$;

Estimar parâmetros genéticos e predizer o ganho genético em cada geração via modelos mistos;

Selecionar entre e dentro de linhas $F_{2:3}$ e $F_{3:4}$ genótipos de pimentão e mini pimentão resistentes à mancha bacteriana.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 Cultura do pimentão: Origem, diversidade, taxonomia e botânica.

O centro de origem do gênero *Capsicum* está localizado no continente americano. Carrizo-García et al. (2016) com base em caracteres morfológicos, anatômicos, citogenéticos e moleculares e dados de passaporte de 34 espécies verificaram que possivelmente o ancestral do *Capsicum* originou-se da região do Peru, Equador e Colômbia. Este resultado difere de propostas anteriores, nas quais citam a Bolívia como centro de origem (Moscone et al., 2007) ou um cinturão contínuo do Sudoeste do Brasil à região andina (Pozzobon et al., 2006). *Capsicum chacoense* é o provável ancestral comum a partir do qual se originaram as demais espécies, por processos de migração e especiação nas regiões dos Andes e nas terras baixas do Amazonas.

O Peru e o Brasil são importantes áreas da diversificação do *Capsicum* abrigando maior diversidade do gênero em nível mundial (Meckelmann et al., 2013). O Brasil, centro secundário das pimentas e pimentões, e importante centro de diversidade para o gênero, possui representantes dos três níveis de domesticação (Büttow et al., 2010), destaca-se por possuir ampla diversidade das quatro espécies domesticadas: *C. annuum*, *C. baccatum*, *C. chinense* e *C. frutescens*.

O pimentão (*C. annuum* var. *annuum*) pertence à família Solanaceae. Esta família inclui importantes culturas como tomate (*Solanum lycopersicum*), berinjela (*S. melongena*), batata (*S. tuberosum*) e tabaco (*Nicotiana tabacum*). A taxonomia do gênero *Capsicum* é bem descrita, sendo: Reino: Plantae, Divisão:

Magnoliophyta, Classe: Magnoliopsida, Ordem: Solanales, Família: Solanaceae, Subfamília: Solanoideae, Tribo: Solaneae, Subtribo: Capsicinae e Gênero: *Capsicum*.

O gênero *Capsicum* é representado por mais de 30 espécies, tendo se registrado um aumento no número de espécies identificadas ao longo dos anos. Moscone et al. (2007) relataram a existência de 32 espécies do gênero, por sua vez, Carrizo-García et al. (2016) listaram 35 espécies. Rodrigues et al. (2016) consideraram 37 espécies existentes (Figura 1), sendo que *C. ciliatum* e *C. rhomboideum* é considerada a mesma espécie. E USDA's Genetic Resources Information Network reconhece 38 espécies.

A classificação taxonômica é baseada em três diferentes categorias: morfológica, compatibilidade sexual e análise de cromossomos e genes. Estas técnicas permitem conclusões sobre as relações filogenéticas entre as espécies de *Capsicum*. Considerando características citogenéticas, morfológicas e estudos de hibridação, as espécies que compõem o gênero *Capsicum* foram divididas em três complexos gênicos distintos: complexo *C. annuum*, complexo *C. baccatum* e complexo *C. pubescens*, todos com $2n=24$ cromossomos. O complexo *C. annuum* inclui as três espécies domesticadas compartilhando um *pool* gênico ancestral: *Capsicum annuum* var. *annuum*, *C. frutescens* e *C. chinense*. Esse complexo também contém a variedade *C. annuum* var. *glabriusculum*, ancestral silvestre proposto para a espécie *C. annuum*, anteriormente conhecido como *C. annuum* var. *aviculare* (Eshbaugh, 2012).

Com base no processo de domesticação essas espécies se classificam em: domesticadas, semidomesticadas e silvestres. Sendo que cinco delas são consideradas espécies domesticadas: *C. annuum* var. *annuum*, *C. pubescens*, *C. frutescens*, *C. chinense* e *C. baccatum* var. *pendulum* (IBPGR, 1983; Rodrigues, et al., 2016).

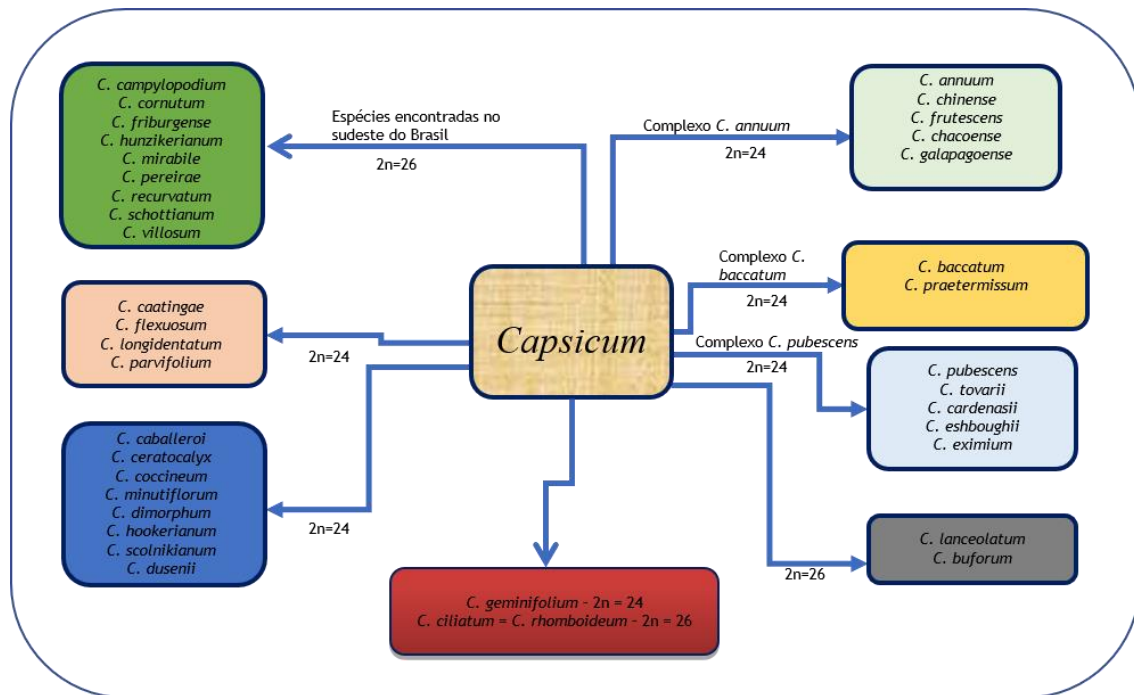


Figura 1. Diagrama de espécies de *Capsicum* e sua distribuição com base em complexos gênicos, números de cromossomos e espécies silvestres encontradas no Brasil. (Fonte: Rodrigues et al., 2016).

Plantas do gênero *Capsicum* são arbustivas, com caule semilenhoso, que pode ultrapassar um metro de altura. As espécies cultivadas apresentam uma grande variabilidade morfológica, incluindo características úteis para distingui-las em espécies. Como pubescência, número de flores por nó, constrição do cálice, cor e tonalidade da corola e cor da semente (IPGRI, 1995). Bem como variabilidade em relação as características com valor comercial como cor, formato, sabor e componentes bioquímicos de fruto, incluindo atributos relacionados à nutrição como capacidade antioxidante e capsaicinoide (Antonious , 2006; Wahyuni et al., 2011).

As plantas do gênero *Capsicum* são cultivadas como anuais, embora sejam perenes. *C. annuum* possui flores isoladas e hermafroditas, com cinco anteras e um único estigma; sua corola possui coloração branca leitosa (Casali et al., 1984). É uma planta preferencialmente autógama, embora a taxa de cruzamento possa ser elevada, dependendo da ação de insetos polinizadores. Justino (2014) verificou uma taxa de 10,8% de cruzamento natural em *C. baccatum*, corroborando a inclusão desta espécie na categoria de autógama facultativa. Seus frutos são bagas ocas, pendentes, de tamanho e formato variados, geralmente cônico ou quadrado, de cores com diferentes gradações, passando, quando maduros, por verde,

vermelho, amarelo, creme, roxo, entre outras. A espécie *C. annuum* é diploide, com $2n = 24$ cromossomos (Moscone et al., 2007).

3.2 Valor nutritivo do pimentão

O pimentão é um dos vegetais mais importantes pelo seu múltiplo uso, e consumo em diferentes estágios de maturação. São geralmente consumidos crus em saladas, cozidos e usados como condimentos. São boas fontes de vitaminas C, E, vitaminas do complexo B1 e B2 e de minerais como ferro, cálcio e fósforo, pró-vitamina A, carotenoides, folatos e compostos com propriedades antioxidantes relacionados com a prevenção de doenças degenerativas (Wahyuni et al., 2011; Wahyuni et al., 2013; Baenas et al., 2019). As diversas cultivares existentes de pimentões produzem frutos cujos teores de vitamina C superam os de alguns frutos cítricos.

O conhecimento e o melhoramento dos componentes nutritivos do pimentão podem permitir uma excelente estratégia de prevenção e tratamento para má nutrição e controle de doenças. A propriedade antimicrobiana também tem sido explorada dentro do gênero *Capsicum*, assim com o benefício dos seus componentes fitoquímicos para saúde (Omolo et al., 2014).

Identificar variedades de pimentões com altos níveis de vários nutrientes é muito importante para melhorar a dieta alimentar em conteúdos de vitaminas evitando a sua administração via biofortificantes (Blancquaert et al., 2014). No Brasil, o pimentão (*C. annuum*) representa uma cultura com grande importância socioeconômica, por estar fortemente associada à agricultura familiar, gerando emprego e renda devido à alta demanda por mão de obra (Santos et al., 2014).

3.3 Mercado do pimentão

A espécie *C. annuum* tem maior importância econômica dentro do gênero, sendo a mais cultivada. Nessa espécie, estão incluídos os pimentões, as pimentas doces para páprica, as pimentas 'Jalapeño', 'Cayenne', 'Serrano', 'Cereja', entre outras, além de algumas cultivares ornamentais. Apesar de existir uma grande variedade de pimentões, a preferência está centrada no pimentão verde de formato

cônico, embora os verdes de formato quadrado tenham boa aceitabilidade entre os consumidores.

O pimentão verde, cônico ou semicônico era o único disponibilizado no mercado de hortaliças, em geral colhido na fase imaturo (verde). No entanto, cultivares coloridas surgiram para revolucionar o mercado consumidor, caracterizando-se por produzir frutos com formato excelente, predominantemente retangular, espessura da polpa grossa e com cores de diversas tonalidades, variando de tons cremes ao quase preto, passando pelo amarelo, laranja, vermelho e roxo. Porém as cores predominantes e mais populares nas cultivares de pimentões comerciais são vermelhas e amarelas (Nick & Borém, 2016).

Os pimentões devem ser colhidos quando estão com máximo desenvolvimento comercial, entre 14 a 18 cm de comprimento, atuais híbridos, mas podendo variar conforme a classe e subclasse em função do comprimento e diâmetro do fruto (Tabela 1).

Tabela 1. Classes e subclasses do pimentão em função do comprimento e diâmetro do fruto (Nick & Borém, 2016).

Classe		Subclasse	
Classe	Comprimento (cm)	Subclasse	Diâmetro (cm)
4	4<6	4	4<6
6	6<8	6	6<8
8	8<10	8	8<10
10	10<12	10	10<12
12	12<15		
15	15<18		
18	18<21		
21	21<24		
24	24<27		

Essas dimensões podem variar segundo o material genético, fatores edafoclimáticos e manejo do produtor. Os pimentões devem ser colhidos de acordo com o tamanho e coloração preferida pelo consumidor. Os mais populares e mais comercializados continuam sendo os frutos verdes que devem ser colhidos quando mudam de coloração verde para verde-escuro brilhante (verde azul). Para os vermelhos, amarelos e laranja devem ser colhidos quando mais de 80% da

superfície atingir a correspondente coloração, e para os subgrupos verde, creme e roxo a superfície do fruto tem que atingir 100% da coloração segundo a regulamentação da comercialização (Figura 2) (São Paulo, 2019).

Os frutos são consumidos *in natura* e podem ser utilizados como matéria-prima para a indústria alimentícia e corante natural para alimentos; indústria farmacêutica, para extração de compostos utilizados como princípio ativo para medicamentos, entre outras utilidades (Wahyuni et al., 2011; Meckelmann et al., 2013Rodrigues et al., 2016). Há grandes perspectivas e potencialidades do mercado pimentões pela versatilidade de suas aplicações culinárias, industriais e medicinais.

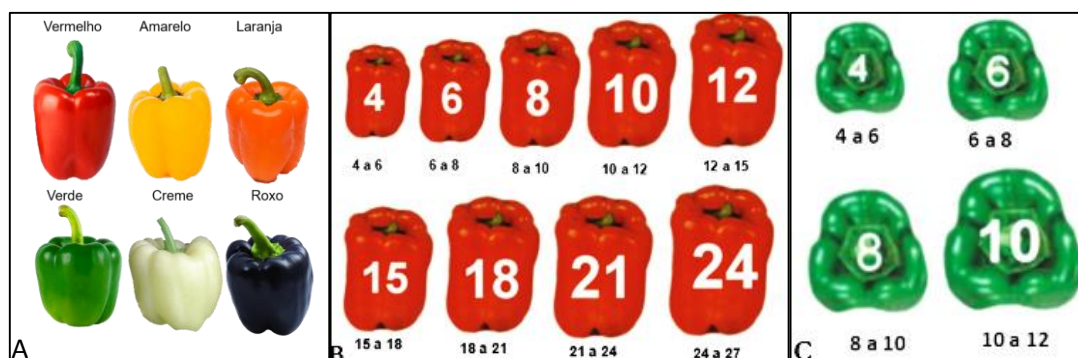


Figura 2. Subgrupos do pimentão em função da: A- coloração da superfície do fruto; B- Comprimento do fruto (cm); C- Diâmetro do fruto (cm) adaptado da Secretaria de Agricultura e Abastecimento de São Paulo, 2019.

A colheita no estágio apropriado de maturidade é importante porque condicionará a qualidade nutricional e organoléptica do pimentão a ser oferecido ao consumidor. Em geral, usam-se como critério de colheita o tamanho comercial, a cor e a consistência do fruto. Os pimentões coloridos devem ser colhidos próximo ao amadurecimento total dos frutos, isto é, entre 50% e 70% da coloração final, ou seja, último estágio de maturação, como por exemplo vermelho e amarelo. No entanto, a regulamentação estabelece que esses sejam colhidos quando mais de 80% da superfície atinja a coloração do seu padrão comercial. Apesar da colheita ser dependente da coloração, firmeza e formato, também devem ser observados o

estádio para capitalização de maior teor das vitaminas, teor de sólidos solúveis e acidez.

O Programa Brasileiro para Melhoria dos Padrões Comerciais e Embalagens de Hortigranjeiros (PBMPCEH) elaborado pelo Centro de Qualidades em Horticultura do CEAGESP, com o objetivo de aumentar a competitividade dos agronegócios hortifrutícolas, pela classificação dos produtos, melhoria dos padrões de qualidade e embalagens, bem como formas práticas de comercialização, classificou os pimentões em grupo, subgrupo, classe, subclasse e categoria. O grupo subdivide os pimentões em formato, sendo classificado em: retangular, cônico e quadrado; subgrupo descreve a coloração, e as classes dizem respeito ao tamanho do fruto tendo em conta o comprimento e diâmetro do fruto. Enquanto a categoria refere-se aos níveis de defeito do fruto (Tabela 2).

Tabela 2. Limites de tolerância de defeitos graves e leves para cada categoria de qualidade que permitem a classificação de extra, categoria I, II e III.

Defeitos %	Extra	Cat I	Cat II	Cat III
Defeitos graves				
• Podridão	0	1	1	3
• Murcho	1	2	3	10
• Queimado	1	1	2	10
• Dano não cicatrizado	1	1	2	5
Total de defeitos graves	1	3	5	10
Total de defeitos leves	5	10	15	100
Total geral	5	10	15	100

Segundo PBMPCEH, a classificação do pimentão em tamanho permite discriminar os mini pimentões dos de tamanho comercial convencional.

O mercado consumidor está cada vez mais exigente buscando produtos que ofereçam mais praticidade na aquisição e confecção, agregando sabor e aspecto visual agradável (Sabio et al., 2013).

As mini-hortaliças são produtos com grande apelo comercial e têm sido a nova tendência do mercado. Estes produtos têm despertado o interesse dos agricultores devido ao seu valor agregado e por ser atrativo aos consumidores. Diante destas oportunidades muitas mini-hortaliças estão sendo desenvolvidas,

entre elas o mini pimentão cujas cultivares híbridas foram lançadas, como caso de 'Kaolin', 'Moke', 'Kaike', 'Kalani' e 'Akamu' (Sakata, 2018; Seminis, 2018). Esses híbridos são altamente doces, podendo ser consumidos como lanches, recheios e decoração de pratos. Os frutos apresentam formato cônico e quadrado, de coloração atrativa variando entre verde, vermelho e amarelo. São de ótima apresentação gastronômica e excelente uniformidade facilitando colheita e embalagem para comercialização. Plantas de crescimento vigoroso e rápido, com alto desempenho e potencial de produção, como consequência de sementes desenvolvidas pelo melhoramento genético.

O mercado de mini-hortaliças tem muito espaço para crescer no mercado brasileiro e pode contribuir para consumo de alimentos saudáveis e atrativos por combinar sabor e aspecto visual agradável. As mini-hortaliças são apreciadas pela alta gastronomia e chegam ao mercado para fazer parte das hortaliças de alto valor podendo ser usadas na composição de pratos, aperitivos e lanches. Embora os mini tomates sejam destaque deste nicho de mercado, outras mini-hortaliças como pequenas abóboras, berinjelas e mini pimentões e mini folhas como alface e rúcula também despontam em virtude do grande potencial para culinária (Purquério, 2011).

Por outro lado, o preço de mercado e agregação de valor faz com que o lucro das mini-hortaliças seja superior aos produtos convencionais. Alta produtividade da cultura e seu atendimento a um nicho específico de mercado que paga pelo valor agregado ao produto torna a produção das mini-hortaliças uma atividade atrativa (Negrisoli et al., 2015). No mercado brasileiro, as mini-hortaliças ainda se encontram na fase de consolidação, e o estudo de viabilidade econômica ainda é incipiente. Os estudos existentes apontam para preços mais estáveis e mais elevados para as mini-hortaliças em relação aos produtos comuns. A cenoura possui diferença no varejo superior a 1.000% , enquanto a cenoura é vendida por R\$ 2,10/Kg a mini cenoura é R\$ 31,16/Kg. O preço de venda das mini-hortaliças varia de 5 a 10 vezes mais do produto comum. Entre as vantagens dos mini pimentões destacam-se a potencialidade inovadora para gastronomia e horticultura, alto valor agregado e potencialidade para venda em embalagem, sabor agradável e boa textura visual, e facilidade de consumo por famílias pequenas (Sabio et al., 2013).

3.4 Mancha bacteriana em *Capsicum*

Várias doenças são apontadas na literatura como sendo de grande importância para cultura do pimentão (Bnejdi et al., 2009; Maramba et al., 2010; Lin et al., 2014). Entre elas, destaca-se a mancha bacteriana causada por *Xanthomonas euvesicatoria* (Jones et al., 2004). Esta é uma das doenças mais comuns em pimentão e tomate, em campo aberto e nos sistemas de cultivo com irrigação por aspersão em condições de umidade e temperatura favoráveis (EPPO, 2013).

A mancha bacteriana é disseminada através das sementes e mudas comerciais contaminadas, e sobrevive entre safras, por meio de restos de cultura e fragmentos infectados, assim como plantas daninhas não hospedeiras. A *X. euvesicatoria* faz parte de complexo bacteriano pertencente ao gênero *Xanthomonas*, e está classificada dentro do domínio Bacteria, filo Proteobacteria, classe Gammaproteobacteria, ordem Xanthomonadales, família Xanthomonadaceae. As bactérias desse gênero são gram-negativas, baciliformes, formadoras de colônias amarela lisa em meio de nutriente-ágar e móveis por meio de um flagelo polar (Jones et al., 1998; Jones et al., 2004).

Esse gênero de bactérias engloba muitas espécies fitopatogênicas, sendo que quatro delas causam doenças em pimentão e tomate. Estas são: *Xanthomonas euvesicatoria*, *X. vesicatoria*, *X. perforans* e *X. gardneri*. *X. euvesicatoria* e *X. gardneri* infectam pimentão e tomate, *X. perforans* até recentemente tem causado doença apenas em tomate (Schwartz et al., 2015), e *X. vesicatoria* afeta tomate principalmente. Estudo recente, apoiado na análise do sequenciamento da *X. gardneri*, sugere que ela corresponde a espécie *X. cynarae* (Timilsina et al., 2019).

No Brasil, ainda são incipientes estudos sobre a ocorrência e a prevalência das *Xanthomonas* nas lavouras de pimentão. Dos estudos efetuados no Brasil há registro da ocorrência das quatro espécies de *Xanthomonas* causadoras da mancha bacteriana em tomate e pimentão. Esta ocorrência foi observada em todas as regiões do país. Isolados coletados em diferentes regiões do país em cultivos de tomate foram avaliados e espécie com maior ocorrência foi *X. perforans* seguida da *X. gardneri*, *X. vesicatoria* e *X. euvesicatoria* (Pereira et al., 2011; Araújo et al., 2015; Araújo et al., 2016). Estudos de prevalência da *X. euvesicatoria* na cultura de pimentão no Brasil apontam esta espécie como o principal agente causador da mancha bacteriana nesta cultura. De acordo com Areas et al., (2014), na cultura do

pimentão, *X. euvesicatoria* apresenta vantagem competitiva em relação as outras espécies. Essa vantagem deve ser pela produção da bacteriocina como relatado por Jones et al., (1998), ou pela adaptabilidade térmica (Araújo et al., 2011).

A distribuição e prevalência das quatro espécies de *Xanthomonas* causadoras da mancha bacteriana no Brasil têm mudado ao longo do tempo desde o primeiro relato da presença dessas bactérias no país. *X.vesicatoria* e *X.euvesicatoria* parecem ser as mais antigas, por apresentarem maior diversidade, que *X.perforans* e *X.gardneri*, no entanto estas duas são as que mais prevalecem nos campos agrícolas (Araújo et al., 2016).

Dentro de cada uma dessas espécies existem raças fisiológicas, definidas de acordo com as reações de resistência e suscetibilidade em certos genótipos da planta hospedeira (Jones et al., 2004; Potnis et al., 2015). São 11 as raças causadoras de mancha bacteriana no pimentão (P0 a P10) (Stall et al., 2009). Wierzbicki (2004) observou em lavouras de pimentão em São Paulo as raças 0, 1, 2, 3, 7 e 8 de *X. euvesicatoria*. Lima (2015), estudando o complexo da mancha bacteriana em *Capsicum* no Brasil e sensibilidade das espécies ao cobre observou e descreveu pela primeira vez as raças de *Xanthomonas* distribuídas em diferentes regiões do país (Tabela 3).

Tabela 3. Raças de *Xanthomona euvesicatoria* distribuídas por região e por estados do Brasil.

Região	Estados	Raças de <i>X. euvesicatoria</i>
Norte	AM	0, 3 ou 8, 4 ou 9,
	RR	6 ou 10
	PA	5
Nordeste	PE	5 e 6 ou 10
	SE	0
	CE	0, 5, 3 ou 8, 6 ou 10 e 4 ou 9
	BA	3 ou 8, 4 ou 9 e 7
Centro oeste	DF	0, 5, 3 ou 8, 4 ou 9 e 6 ou 10
	GO	5, 4 ou 9 e 1 ou 7
Sudeste	ES	4 ou 9
	MG	0, 5, 1 ou 7, 3 ou 8, 4 ou 9 e 6 ou 10
	SP	1 ou 7, 2, 5 e 4 ou 9

Na pesquisa desenvolvida por Lima (2015) não foi possível distinguir raça 1 da 7, 3 da 8, 4 da 9 e 6 da 10, por falta da linhagem diferenciadora dessas raças.

Embora as bactérias deste gênero infectem muitos hospedeiros, as raças individuais apresentam uma taxa restrita de hospedeiros (Jacques et al., 2016).

Os danos causados pela mancha bacteriana podem ocorrer em qualquer fase do desenvolvimento da planta podendo afetar todos os órgãos aéreos do vegetal. A doença é caracterizada por lesões necróticas nas folhas, flores e frutos (Jones et al., 1991). Durante a fase inicial do desenvolvimento dos sintomas, aparecem lesões circulares com aspecto de manchas aquosas que mais tarde secam e se tornam castanho escuro ou preto com aspecto úmido (Stall et al., 2009). Com prevalência da doença, e quando esta é severa as manchas coalescem observam-se amarelecimento e queda das folhas impedindo que a planta produza fotoassimilados importantes para o seu desenvolvimento (OEPP/EPPO, 2013). Além disso, pode ocorrer o aborto de flores e frutos.

Como consequência da queda das folhas, a qualidade e a produtividade dos frutos, além de serem afetadas pelas lesões causadas pela doença, depreciam-se pela queima devido a exposição ao sol (escaldadura). Nos frutos, a lesão é inicialmente similar a verrugas esbranquiçadas e depois com centros escurecidos. No caule, as lesões são pequenas e alongadas, de coloração marrom (Costa et al., 2002).

A infecção ocorre por meio de ferimentos e aberturas naturais (estômatos, hidatódios e lenticelas). Pequenas lesões causadas pelo vento, chuvas ou insetos também podem servir de porta de entrada para o patógeno. A disseminação dá-se através do vento, água da chuva, insetos e pelo uso de ferramentas e sementes contaminadas, sendo as sementes contaminadas a principal forma de disseminação a longas distâncias (Moretti et al., 2009). O processo infeccioso é favorecido por umidade relativa acima 90% e temperaturas entre 20 a 35°C (Araújo et al., 2011).

3.5 Medidas preventivas de controle da mancha bacteriana

A remoção das potenciais fontes de inóculo, como as plantas daninhas e plantas infectadas, remoção física e desinfecção dos materiais de colheita, bem como o isolamento de campos de plantas infectadas, acompanhado de medidas de sanidade, e rotação de cultura com plantas não hospedeiras, evitando as solanáceas, são algumas medidas de controle da doença (Ritchie, 2000). Sendo

assim, as estratégias primárias de gestão e controle da mancha bacteriana nas lavouras de tomate e pimentão devem incluir o uso de sementes sanitariamente certificadas e mudas saudáveis obtidas das lavouras livres de patógenos (Cuppels et al., 2006).

O controle biológico também tem feito parte das tentativas para controle da mancha bacteriana (Shrestha et al., 2014; Marin et al., 2019), incluindo mutantes *hrp* dos patógenos (Moss et al., 2007; Hanemian et al., 2013). A eficiência de bacteriófagos como agente biológico de controle da mancha bacteriana em condições de casa de vegetação tem tido resultado promissor (Gašić et al., 2018). Este tipo de controle é estratégia sustentável em proteção de plantas tendo em conta que são facilmente biodegradáveis. Acrescido de que não apresentam fitotoxicidade, as raças bacterianas desenvolvem-se muito mais lentamente e são seguras para saúde humana.

Embora a aplicação foliar dos bacteriófagos tenha revelado eficiência, a sua eficácia depende dos fatores ambientais que determinam o estágio de sobrevivência nas plantas (Jones et al., 2012). A estratégia recorrente no controle da mancha bacteriana em pimentão tem sido o uso de pulverização foliar com fungicida a base de cobre combinado com mancozeb e maneb. Apesar disso, esse mecanismo de controle no campo permanece deficitário devido à baixa eficiência desses produtos e à predominância de estirpes resistentes ao sulfato de estreptomicina e aos produtos à base de cobre (Obradovic et al., 2004; Martin et al., 2004; Abbasi et al., 2015; Burlakoti et al., 2018). Por isso existem poucas alternativas práticas para controle da mancha bacteriana a base de defensivos cúpricos, o que enfatiza a necessidade de se recorrer ao melhoramento genético para conferir as plantas hospedeiras à resistência aos patógenos.

Cabe ressaltar que entre os métodos de controle recomendados, a resistência genética é considerada o mais econômico e tecnicamente mais prático, principalmente quando se observam os custos, o risco potencial de resíduos químicos nos frutos e a resistência do patógeno aos produtos químicos utilizados.

3.6 Patossistema *Capsicum* x *Xanthomonas* spp.

As interações planta-bactéria podem ser classificadas como compatíveis ou incompatíveis. A principal característica de muitas interações incompatíveis é a ocorrência de morte rápida da célula da planta no local ou ao redor do sítio da

infecção em questão, conhecida como reação de hipersensibilidade (RH). Esta capacidade de causar hipersensibilidade em genótipos de *Capsicum*, provavelmente está relacionada com a perda do gene *avrBsT* (Lima, 2015). Acredita-se que genes de herança monogênica em pimentão sejam responsáveis pela resistência não hospedeira (Jones et al., 1998).

No gênero *Capsicum* a identificação de raças do patógeno é realizada com a observação da reação de hipersensibilidade em linhas quase isogênicas de pimentão oriundas da variedade *Early California Wonder* (ECW) de *C. annuum*, e em *C. pubescens* PI 235047. Cada linha quase isogênica de *C. annuum* carrega um gene distinto de resistência (*Bs1*, *Bs2* ou *Bs3*). Em *C. pubescens* o gene identificado recebeu a denominação de *Bs4* (Sahin & Miller, 1998).

No complexo etiológico da mancha bacteriana para as solanáceas causada por *Xanthomonas* spp. Já foram identificadas 11 raças para *Capsicum*, P0 a P10 (Quezado-Duval & Camargo, 2004), definidas com base em um grupo de genótipos hospedeiros. Neste patossistema há interação entre os genes *Bs1*, *Bs2*, *Bs3* presentes no hospedeiro e os respectivos genes de virulência presentes no patógeno *avrBs1*, *avrBs2* e *avrBs3*, seguindo o modelo de interação gene a gene proposto por Flor (1971).

Seis genes dominantes de resistência à mancha bacteriana (Tabela 4) foram identificados em pimentões e pimentas: *Bs1*, *Bs2*, *Bs3* nos acessos PI 163192 (*C. annuum*), PI 260435 (*C. chacoense*) e PI 271322 (*C. annuum*), respectivamente (Jones et al., 1998; Sahin e Miller, 1998), e *Bs4C*, *Bs7* e *BsT* (Potnis et al, 2015), que interagem com os respectivos genes de avirulência *avrBs1*, *avrBs2*, *avrBs3*, *avrBs4C*, *avrBs7* e *avrBsT* promovendo resistência resultante de reação de hipersensibilidade.

Três linhas quase-isogênicas de pimentão, derivadas da cultivar *Early California Wonder*, denominadas ECW10R, ECW20R e ECW30R, cada uma contendo, respectivamente, um gene de resistência *Bs1*, *Bs2*, *Bs3* (Jones et al., 1998) foram desenvolvidas e são utilizadas como padrões de resistência e como variedades diferenciadoras de raças de *Xanthomonas*.

Vários genes de efeito recessivo são relatados ligados a resistência a mancha, sendo denominados *bs5* e *bs6* e em experimentos realizados, apresentaram resultados favoráveis de resistência não-específica (Jones et al., 2002). Fontes de resistência com herança de natureza poligênica controlada por no

mínimo cinco genes também foram encontrados em acessos de *C. annuum* (Silva et al., 2017).

Tabela 4. Genes de resistência à mancha bacteriana em acessos de *Capsicum* spp. e seus respectivos genes de avirulência. Adaptado de Stall et al. (2009)

Genes	Planta		Bactéria	
	Fontes	Espécies	Genes de avirulência	Localização
Bs1	PI163192	<i>C. annuum</i>	<i>avrBs1</i>	Plasmídio
Bs2	PI260435	<i>C. chacoense</i>	<i>avrBs2</i>	Cromossomo
Bs3	PI271322	<i>C. annuum</i>	<i>avrBs3</i>	Plasmídio
Bs4	PI235047	<i>C. pubescens</i>	<i>avrBs4</i>	Plasmídio
bs5	PI163192	<i>C. annuum</i>	ND	ND
bs6	PI163192	<i>C. annuum</i>	ND	ND
Bs7	UENF1556	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	<i>avrBs7</i>	ND
BsT	Pimentão comercial	<i>C. annuum</i>	<i>avrBsT</i>	Plasmídio

Há relato da presença de genes de avirulência do patógeno, *avrBs7*, com forte reação de hipersensibilidade em *C. annuum* (ECW-70R), devido à presença de um gene de dominância *Bs7* (Potnis et al., 2012). Homólogos do gene *avrBs3* encontrados em muitas outras *Xanthomonas* patogênicas de plantas têm sido estudados. Um homólogo do gene *avrBs3* (*avrBHah1*) foi encontrado em uma raça de *X. gardneri* causando reação de hipersensibilidade em pimentão que confere o gene de resistência *Bs3* (Schornack et al., 2008).

Os genes de dominância isoladamente podem ter a sua resistência quebrada por raças específicas de patógenos o que tem dificultado o desenvolvimento de cultivares com resistência monogênica.

Muitos estudos têm sido desenvolvidos no Brasil no sentido de caracterizar e avaliar os acessos nos bancos de germoplasma a fim de conhecer o potencial dos acessos a serem usados nos programas de melhoramento para os diferentes propósitos (Sudré, et al., 2010; Neitzke, et al., 2011; Hill, et al., 2013; Rivera, et al., 2016; Lima et al., 2017; Bento et al., 2017).

3.7 Melhoramento de *Capsicum annuum* na UENF

O alto grau de diversidade genética encontrado dentro do gênero *Capsicum* fornece oportunidades e desafios para os melhoristas destas espécies de plantas. Há grande diversidade em relação a caracteres de interesse econômico, nutricional e ornamental ligados ao fruto e arquitetura da planta de pimentas e pimentões como: comprimento, diâmetro, espessura do pericarpo, formato, textura e brilho do fruto, teor de vitaminas e sólidos solúveis (Rêgo et al., 2011; Kantar et al., 2016). Estes caracteres são focos de interesse em vários programas de melhoramento do *Capsicum* no sentido de desenvolvimento de novas cultivares.

Na UENF o programa de melhoramento de *Capsicum* visa desenvolver linhas competitivas com caracteres agrônômicos desejáveis bem como resistentes a doenças (Figura 3). Este programa foi iniciado no ano de 1998 com a execução do projeto com objetivo de identificar fontes de resistência, estudar a capacidade combinatória entre genótipos de *C. annuum* e desenvolver cultivares de pimentão (*C. annuum*) resistentes à mancha bacteriana (Costa et al., 2002). Três doenças de importância econômica para o gênero *Capsicum* são pesquisadas: mancha bacteriana, causada por *X. euvesicatoria*; antracnose, causada por *Colletotrichum scovillei*; e *Pepper yellow mosaic virus* (Bento et al., 2009; Riva-Souza et al., 2009; Silva et al., 2017; Bento et al., 2017).

Entre os resultados obtidos, ressaltam-se a identificação dos acessos UENF 1381, UENF 1496, UENF 1498, UENF 1558, UENF 1573, UENF 1578 e UENF 1585, como fontes de resistência à mancha bacteriana (Sudré, 2003) e a indicação da combinação UENF 1421 x UENF 1381, como superior para obtenção de cultivares do pimentão resistentes à mancha bacteriana com características agrônômicas desejáveis (Costa et al., 2002). Posteriormente, foi realizado estudo de herança para a resistência à mancha bacteriana e foram estimados pelo menos três genes recessivos controlando a resistência no cruzamento UENF 1421 x UENF 1381 (Riva et al., 2004). A partir desse cruzamento obtiveram-se 18 linhas recombinadas promissoras para a resistência e produção de frutos, utilizando-se o método SSD (*Single Seed Descent*) (Riva, 2006; Riva-Souza et al., 2009).

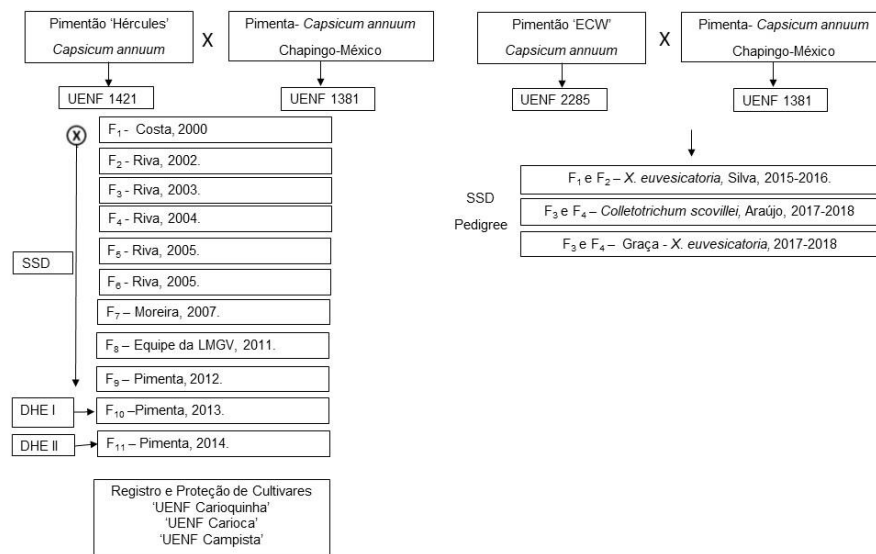


Figura 3. Fluxograma do programa de melhoramento de *Capsicum* da UENF para obtenção de linhagens recombinantes resistentes à mancha bacteriana e antracnose pelo método SSD e *pedigree*. Adaptado de Pimenta (2015). Campos dos Goytacazes, UENF, 2019.

Estudos da interação dessas linhas recombinadas com o ambiente foram feitos e identificaram-se as melhores para o plantio convencional e para o cultivo em ambiente protegido com manejo orgânico, no estado do Rio de Janeiro. Após esse estudo, foi possível identificar as linhas promissoras com resistência à mancha bacteriana (Moreira, 2008; Moreira et al., 2010).

Em 2016, após a execução de ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade (DHE) para requerer o pedido de proteção de cultivar junto ao Ministério de Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA), três cultivares de pimentas resistentes à mancha bacteriana, 'UENF Carioca', 'UENF Cariquinha', e 'UENF Campista', foram protegidas junto ao MAPA (Pimenta et al., 2016).

Estudos de herança desenvolvidos por Silva et al. (2017), cruzando genitores UENF 2285 (P₁) e UENF 1381 (P₂) relatou a existência de pelo menos cinco genes recessivos controlando à mancha bacteriana. A partir desta população, experimentos estão sendo desenvolvidos visando obtenção de pimentas e pimentões resistentes à mancha bacteriana, bem como à antracnose causada por *C. scovillei*.

3.8 Método genealógico na condução de gerações segregantes

O método genealógico ou *pedigree* foi inicialmente proposto por Hjalman Nilson (Borém e Miranda, 2009). É um método de condução de populações segregantes provenientes, geralmente do cruzamento entre duas linhagens (Pinto, 2009). Neste método, os indivíduos superiores são selecionados nas sucessivas gerações segregantes, sendo mantido um registro genealógico de todas as relações entre os genitores e as progênies. A seleção é iniciada na geração F₂ quando são selecionados os indivíduos promissores que poderão originar as melhores progênies. Nas gerações subsequentes, F₃ e F₄, ainda persiste certa percentagem de heterozigose, permitindo provável distinção genética de indivíduos mesmo dentro da família, sendo praticada a seleção das melhores plantas das melhores famílias. Nas gerações F₅ ou F₆, espera-se que as famílias estejam em homozigose para a maioria dos locos, com 96,9% e 98,40%, respectivamente, sendo ineficiente a seleção dentro das famílias, e indicada a seleção apenas entre famílias. Nesta fase, o registro da genealogia deve possibilitar a escolha de um membro de tais famílias relacionadas, eliminando-se todos os demais (Allard, 1961).

O método genealógico vem sendo empregado em muitos programas de melhoramento visando diferentes propósitos, desde seleção para características morfoagronômicas até seleção para resistência as doenças (Nunes et al., 2008; Riva-Souza et al., 2009; Carbonell, et al., 2010; Bhavani, et al., 2015).

Uma das principais vantagens do método genealógico na condução das populações segregantes é permitir o treinamento da habilidade do melhorista para seleção, em um grau mais elevado do que seria possível em qualquer dos demais métodos usuais em espécies autógamias. Contudo uma das suas limitações é em relação à quantidade do material genético que o melhorista deve conduzir. Essas limitações podem ser reduzidas até certo ponto, iniciando-se diferentes cruzamentos em anos diferentes, escalonando-se, assim, os períodos em que ocorre o máximo de trabalho (Allard, 1961).

3.9 Metodologia dos Modelos mistos no melhoramento de plantas autógamias

O método estatístico dos modelos mistos foi desenvolvido por Henderson (1973) para ser utilizado no melhoramento genético animal. Estes modelos são

utilizados para descrever dados de experimentos cuja estrutura de tratamentos envolve alguns fatores que são fixos, além da média geral, e alguns que são aleatórios, além do erro experimental. Com isto, é possível obter estimativas para os efeitos fixos e previsões para os efeitos aleatórios. Para cada condição experimental e estrutura populacional existe um modelo apropriado com suas estruturas de médias e variâncias, estimadores e preditores associados aos delineamentos experimentais e genéticos empregados no melhoramento genético (Viana & Resende, 2014).

No melhoramento de plantas, os procedimentos estatísticos de avaliação genética desempenham papel fundamental, pois permitem a previsão dos valores genéticos aditivos, genéticos de dominância e genotípicos dos candidatos à seleção, propiciando uma seleção mais acurada. A utilização de técnicas adequadas para a seleção permite a maximização dos ganhos que serão gerenciados mais eficientemente pelos programas de melhoramento. Assim, a utilização de metodologias que aumentem a acurácia do processo seletivo é de extrema importância (Laviola et al., 2010).

O êxito do melhoramento genético está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações (Cruz e Carneiro, 2003; Cruz et al., 2012). A avaliação genética dos candidatos a seleção é uma das maneiras de identificar os potenciais portadores de genes desejáveis para cruzamento (Rocha et al., 2007). Os indivíduos que serão utilizados para recombinação devem ser selecionados com base nos seus valores genéticos, permitindo a obtenção da estimativa da variância genética aditiva e de dominância para a previsão de ganhos (Borges et al., 2010; Resende et al., 2016).

A avaliação genotípica compreende a estimação de componentes de variância e a previsão dos valores genotípicos. Em geral, os experimentos de campo associam-se dados desbalanceados, havendo por isso necessidade de inferir na base da média genotípicas e não fenotípicas, por serem essas as futuras médias quando as cultivares forem plantadas em cultivos comerciais (Borges et al., 2010). Neste caso, um dos procedimentos mais adequado para auxiliar essa avaliação e seleção dos genótipos superiores é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor previsão linear não-viciada). A previsão de valores genéticos usando o BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos na população base não selecionada. Entretanto, na prática, não se

conhecem os verdadeiros valores dos componentes de variância, que são estimados com o procedimento REML, que interagem nas equações de modelos mistos do procedimento BLUP (Viana & Resende, 2014).

De acordo com Resende (2000), o procedimento ótimo de predição de valores genéticos é obtido pelo BLUP e o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância, pelo REML, desenvolvido por Patterson e Thompson (1971), ambos associados a um modelo linear misto. O procedimento BLUP maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior ou pelo menos, igual a qualquer outro método.

As principais vantagens práticas da metodologia REML/BLUP na estimação simultânea de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos são: permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações e anos) e espaço (locais e blocos); não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); pode ser aplicado a dados desbalanceados; permite utilizar simultaneamente grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais concisas (Viana & Resende, 2014; Resende et al., 2016).

Os procedimentos analíticos dos modelos mistos têm ganhado ampla aplicação no melhoramento de plantas, especialmente em espécies florestais, com destaque para eucalipto, pinhão-mansão (Rocha et al., 2006; Laviola et al., 2010) e fruteiras (Oliveira et al., 2012; Santos et al., 2015; Santos et al., 2017).

O enfoque de modelos mistos ainda é pouco explorado em culturas anuais, principalmente em hortaliças. Contudo, alguns trabalhos são citados na literatura em algumas culturas: pimenta (Oliveira et al., 2015), batata (Ticona-Benavente e Silva Filho, 2015), tomate (Amaral Júnior et al., 2017) e feijão (Delfini et al., 2018; Gomes et al., 2018; Paula et al., 2019).

Resende et al.,(2016) estabeleceram um índice de seleção incluindo pais, populações, progênies e gerações [SIPPPG], abrangendo assim toda a estrutura de um programa de melhoramento de plantas autógamas. Este índice conduz a ganhos na eficiência de seleção variando de 5 a 28%, dependendo da magnitude relativa da variação genética entre as populações. A sua aplicação é mais indicada

para uso em programas de seleção recorrente em espécies autógamas, nas quais a seleção antecipada é aplicada e leva a ganhos consideráveis na eficiência da seleção.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Fenotipagem morfoagronômica e Reação à mancha bacteriana

Os experimentos foram conduzidos em dois anos consecutivos, sendo o primeiro no período entre janeiro a outubro de 2017, e o segundo entre abril a dezembro de 2018. Em 2017, foi conduzida a geração F_{2:3} e no ano seguinte a geração F_{3:4}. As gerações foram avaliadas quanto à reação à mancha bacteriana e caracteres morfoagronômicos.

A condução das linhas para fenotipagem morfoagronômica foi realizada a campo na área de convênio da UENF com o Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR) (21° 19' S, 41° 19' O e 11m de altitude), no município de Campos dos Goytacazes– RJ, Brasil.

A avaliação da reação à mancha bacteriana (*Xanthomonas euvesicatoria*) foi realizada em casa de vegetação na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) (21° 45' S, 41° 18' O e 11m de altitude), no município de Campos dos Goytacazes– RJ, Brasil.

4.1.1 Condução e avaliação da geração F_{2:3}

Na geração F_{2:3} 60 famílias foram conduzidas pelo método genealógico (Figura 4), sendo essas selecionadas de acordo com o formato do fruto voltados para pimentão e menores valores da área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) para *Xanthomonas euvesicatoria* na geração F₂. A população F₂ proveio do cruzamento entre os genitores UENF 2285 e UENF 1381 (Figura 5). O genitor

feminino é um pimentão de fruto quadrado, com características agrônômicas comerciais e suscetível à mancha bacteriana, enquanto o genitor masculino é uma pimenta de frutos pungentes com formato alongado e fonte de resistência à mancha bacteriana, cujo controle genético foi estimado em no mínimo três a cinco genes recessivos (Riva et al, 2004; Silva et al., 2017).

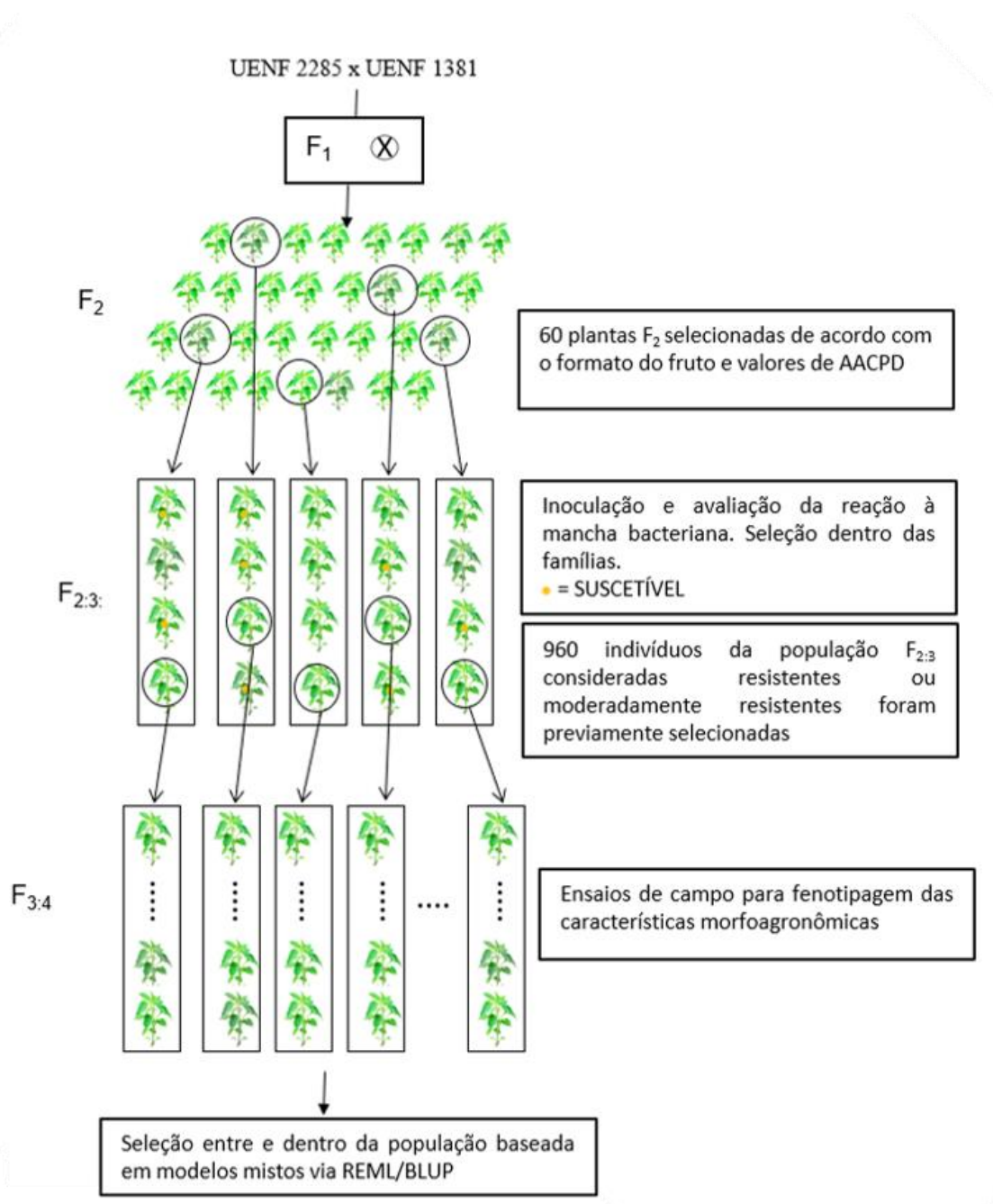


Figura 4. Fluxograma da condução da população F_{2:3} e F_{3:4} do *Capsicum annuum* pelo método genealógico obtida do cruzamento entre UENF 2285 e UENF 1381, baseado na seleção via modelos mistos. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

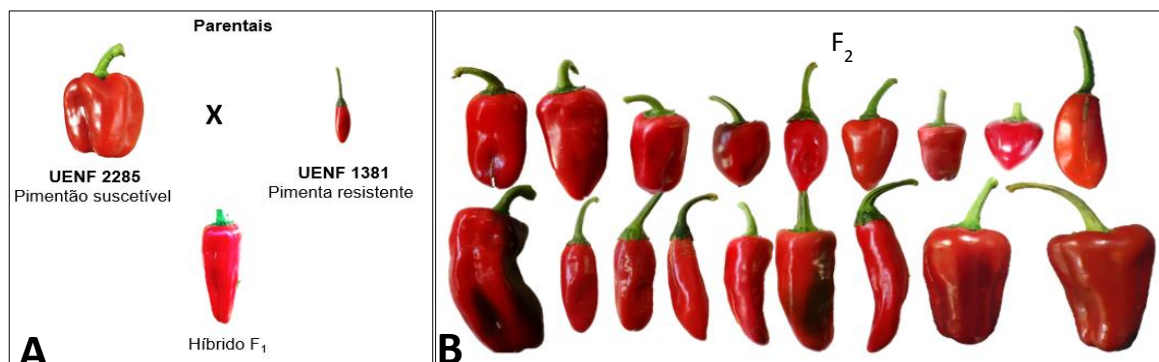


Figura 5. Fenótipo dos frutos de *Capsicum annuum* var. *annuum*. A- Parentais e geração F₁. B- Variabilidade de formato dos frutos da população F₂ Adaptado: Silva (2017). Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

4.1.2 Avaliação da reação à mancha bacteriana na geração F_{2:3}

As mudas F_{2:3} foram produzidas semeando 22 sementes de cada progênie, uma semente por célula, em bandejas de poliestireno de 200 células com o substrato comercial Vivatto® e mantidas em casa de vegetação (Figura 6).



Figura 6. Mudanças de *Capsicum annuum* var. *annuum* da geração F_{2:3} produzidas em bandejas de poliestireno expandido de 200 células em casa de vegetação. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

Após o surgimento de dois pares de folhas definitivas, as mudas foram transferidas para copos plásticos com capacidade de 250 mL a fim de serem

inoculadas (Figura 7C). Mil trezentas e vinte mudas foram inoculadas para avaliação da reação de resistência à mancha bacteriana. Para essa avaliação foi utilizado o isolado ENA 4135 de *X. euvesicatoria* resistente a defensivos agrícolas a base de cobre (Figura 7A).



Figura 7. Preparação da suspensão bacteriana e inoculação. **A-** *Xanthomonas euvesicatoria* (ENA 4135) em meio DYGS e óleo mineral; **B-** Preparo da suspensão bacteriana em água estéril; **C-** Inoculação por infiltração no mesófilo foliar em *Capsicum annuum* var. *annuum*. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

O isolado preservado em meio DYGS + óleo mineral (Figura 7A), foi recuperado cultivando-se em meio DYGS líquido, sob agitação (100 rpm) por um período de 36 h a 28°C. Em seguida, a suspensão bacteriana foi transferida para placas de Petri contendo meio DYGS sólido, com auxílio de alça de platina. Após 36 h de crescimento em estufa bacteriológica à 28°C, as colônias bacterianas foram suspensas em água estéril (Figura 7B). A concentração da suspensão bacteriana foi mensurada com auxílio de espectrofotômetro UV/VIS (Biospectro SP-220) e a concentração de células ajustada para 10^8 ufc/mL, utilizando-se o comprimento de onda de 600nm e absorvância de 0,300. Em seguida, a suspensão foi submetida à diluição seriada, em água deionizada e autoclavada, para obtenção da concentração de 10^5 ufc/mL.

A inoculação foi realizada em casa de vegetação, no período da manhã, por infiltração de aproximadamente 0,3 mL da suspensão bacteriana na concentração de (10^5 ufc/mL) preenchendo cerca de 1,0 cm² do mesófilo foliar, com auxílio de seringa hipodérmica. A folha a ser inoculada foi previamente identificada atando-a com lã colorida.

A avaliação foi realizada diariamente após a inoculação, durante onze dias consecutivos por meio de escala de severidade com base em notas (Riva-Souza et al., 2009), com valores variando de 1 a 5 (nota 1 - quando não há sintoma visível no local inoculado; nota 2 - quando o local de inoculação apresentar cor amarelada; nota 3 - quando a área foliar inoculada estiver amarelada e com alguns pontos de necrose; nota 4 - quando houver manchas necrosadas e nota 5 - quando a área inoculada estiver totalmente necrosada) (Figura 8).

Com as notas obtidas foi calculado a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), conforme fórmula proposta por (Campbell e Madden, 1990).

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

em que n é número de observações, y_i é severidade da doença na “ i ”-ésima observação, y_{i+1} : severidade da doença na época da avaliação $i+1$, t_i é tempo em dias na “ i ”-ésima observação e t_{i+1} : época da avaliação $i+1$.

Além da AACPD também foi avaliado o período de incubação (PI), ou seja, período entre a inoculação e o aparecimento dos primeiros sintomas.

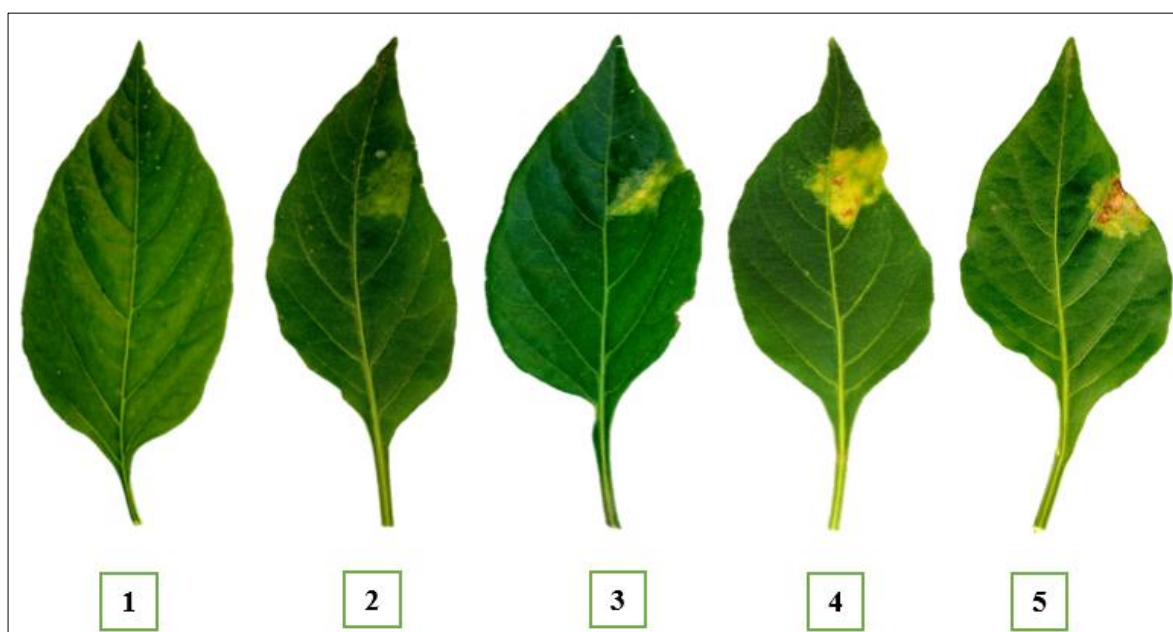


Figura 8. Escala de severidade com base em notas para avaliação da mancha bacteriana (*Xanthomonas euvesicatoria*) em folhas de *Capsicum annuum* var. *annuum* (Riva-Souza et al., 2009).

A seleção dos indivíduos resistentes foi realizada em duas etapas. A primeira seleção ocorreu dentro de famílias (16 plantas/família) com base na nota do último dia de avaliação, excluindo os indivíduos com notas superiores a 3. Os indivíduos selecionados foram levados a campo para avaliação morfoagronômica. Posteriormente analisou-se conjuntamente as variáveis AACPD e PI, obtidas na fase de muda, e as variáveis morfoagronômicas para seleção entre e dentro de famílias.

4.1.3 Fenotipagem das características morfoagronômicas das linhas F_{2:3}

Dezesseis mudas com as menores notas de cada progênie F_{2:3} foram transplantadas em linhas sem repetição no espaçamento de 1,0 m entre linhas e 0,5 m entre plantas, e os parentais foram usados como testemunhas, totalizando 992 plantas (Figura 9).



Figura 9. Visão geral do experimento na fase vegetativa em condições de campo com 60 famílias F_{2:3} de *Capsicum annum* var. *annuum* oriundas do cruzamento UENF 2285 x UENF 1381. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

As plantas receberam os tratos culturais recomendados para a cultura (Filgueira, 2012), tais como: capina manual, tutoramento individualizado e irrigação

por aspersão. A adubação foi baseada em análise de solo e seguindo a recomendação para o estado do Rio de Janeiro para pimentas (Freire et al., 2013). Foram avaliadas sete características agronômicas quantitativas e duas qualitativas de acordo com os descritores para *Capsicum* spp. do *Bioversity International* (IPGRI, 1995), (Tabela 5 e 6). As características qualitativas avaliadas foram o formato do fruto (FFR) e número de lóculos por fruto (NLF).

Tabela 5. Descritores qualitativos avaliados na geração F_{2:3} oriunda do cruzamento UENF 2285 x UENF 1381 de *Capsicum annuum* var. *annuum* Campos dos Goytacazes - RJ, UENF, 2019

Descritor ¹	Avaliação
FFR	Observada quando o fruto estava maduro em todas as plantas da parcela, em cinco frutos por planta (1= alongado, 2= redondo, 3= triangular, 4= campanulado, 5= quadrado)
NLF	Observado cortando-se transversalmente o fruto, utilizando-se 5 frutos por planta.

¹FFR (Formato do fruto); NLF (Número de lóculos por fruto).

Tabela 6. Descritores de *Capsicum* utilizados para avaliar as características quantitativas de frutos de *Capsicum annuum* var. *annuum* Campos dos Goytacazes - RJ, UENF, 2019

Descritor ¹	Avaliação
NFP	Total de frutos por planta em cinco colheitas.
MMF	Razão entre a massa dos frutos frescos e o total de frutos por planta, expresso em gramas, avaliada em balança digital com duas casas decimais.
CMF	Razão entre o comprimento avaliado em cinco frutos e o número de frutos mensurados com auxílio do paquímetro digital, considerando maior comprimento e expresso em milímetros.
DMF	Razão entre o diâmetro avaliado em cinco frutos e o número de frutos mensurados com auxílio do paquímetro digital, considerado maior distância transversal, e expresso em milímetros.
EMP	Razão entre a espessura do pericarpo avaliado em cinco frutos e o número de frutos mensurados com auxílio do paquímetro digital considerando maior espessura, e expresso em milímetros.
DFL	Número de dias entre o transplante até 50% das plantas da parcela estarem com pelo menos uma flor aberta.
PRO	Massa total dos frutos por planta, avaliada com o auxílio da balança digital, expresso em gramas, em cinco colheitas.

¹CMF (Comprimento médio do fruto); DMF (Diâmetro médio do fruto); EMP(Espessura média do pericarpo); NFP (Número de frutos por planta); MMF (Massa média do fruto); DFL (Número de dias até a floração); PRO (Massa total).

4.1.4. Condução e avaliação da geração F_{3:4}

A condução da geração F_{3:4} obedeceu ao mesmo procedimento da geração F_{2:3}. Essa geração foi constituída por 57 famílias derivadas dos indivíduos selecionados entre e dentro das famílias F_{2:3} que apresentaram menores valores de AACPD e com formato do pimentão comercial.

Para formação das mudas, 20 sementes de cada indivíduo selecionado foram semeadas em bandeja de poliestireno expandido de 128 e 200 células. Após adquirir dois pares de folhas definitivas as mudas foram inoculadas para avaliação da reação à mancha bacteriana. A inoculação foi realizada na bandeja. O isolado bacteriano usado foi o mesmo avaliado na geração anterior, e seguindo-se os mesmos procedimentos.

Dez plantas com menores notas foram transplantadas em linhas sem repetição em canteiro com fileira dupla com espaçamento de 1,0 entre linhas e 0,5 m entre plantas (Figura 10).



Figura 10. Visão geral do experimento no início da fase reprodutiva, em condições de campo, com 61 famílias F_{3:4} de *Capsicum annuum* var. *annuum* oriundas do cruzamento UENF 2285 x UENF 1381. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

Os tratos culturais seguiram recomendações para a cultura e a adubação baseou-se na análise do solo e seguindo as recomendações para o estado do Rio de Janeiro. A irrigação foi por gotejamento e controle das plantas competidoras foi

com *mulching*. Foram avaliadas sete características agronômicas quantitativas e três qualitativas de acordo com os descritores do IPGRI para *Capsicum* spp. As características qualitativas avaliadas foram formato do fruto (FF), número de lóculos por fruto (NLF) e presença da capsaicina.

Presença ou ausência de capsaicina foi verificada por meio da imersão de uma porção da placenta (aproximadamente 1cm) retirado dos frutos maduros em uma solução de 3mL de vanadato de amônio. Após pelo menos três horas, a coloração marrom/escuro da placenta indica a presença de capsaicina e quando não há alteração de cor sugere ausência de capsaicina. Para o preparo da solução de vanadato de amônio, 1,0 g de vanadato de amônio foi dissolvido em 100mL de água destilada e adicionaram-se 15 mL de ácido clorídrico.

As características quantitativas avaliadas foram as mesmas da geração anterior com exceção do DFL e em contrapartida foi avaliada o TSS (teor dos sólidos solúveis). O TSS foi avaliado com auxílio do refratômetro digital. Uma amostra de cerca de duas gotas do suco, extraído por prensa manual da polpa da região mediana do fruto maduro foi depositada diretamente sobre o prisma do refratômetro (ATAGO, PR 2012) e os resultados expressos em °Brix.

As características CMF, DMF, EMP, foram estimadas, obtendo-se primeiramente as imagens dos frutos por meio de *scanner* (Plustek OpticPro A320), e em seguida a medição foi feita por meio do *software* ImageJ (Versão 1.38). A imagem digital de cinco frutos por planta foi obtida. Os frutos foram cortados longitudinalmente e escaneados com uma resolução de 300 dpi. Em cada imagem foi colocada uma régua para medida de referência de modo a permitir a calibração das medições das dimensões pelo *software* ImageJ. Após a obtenção das imagens, para estimação das características CMF, DMF, e EMP, a escala de medição foi calibrada para 1 cm marcado a partir da régua da imagem.

4.2 Análise estatística

As variáveis quantitativas foram analisadas com o auxílio do *software* Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007), utilizando o modelo 60. Esse modelo é indicado para avaliação em um local sem delineamento experimental, para linhagens derivadas de um só cruzamento ou população F₂, quando as linhagens

são semeadas em linhas, sem repetição, e as avaliações, feitas em nível de plantas, conforme o seguinte modelo:

$$y = Xr + Za + e$$

em que: y é o vetor de valores fenotípicos; r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); e X e Z representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Equação de modelos mistos

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

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

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

Com as observações fenotípicas foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos (REML individual) e foram preditos os valores genéticos aditivos (BLUP individual) das progênes e valores genotípicos das famílias.

As variáveis foram interpretadas pela estimativa dos componentes de variância (REML Individual) e parâmetros genéticos preditos (BLUP Individual), seguidos do ranqueamento pelos valores da média da população melhorada, resultado da soma da média geral do ganho genético. Para testar a significância do modelo e inferir sobre a significância dos efeitos genotípicos foi realizada a Análise de *deviance* (ANADEV) (Viana e Resende, 2014), conforme o modelo descrito:

$$D = -2\ln(L)$$

$$\ln(L) = -1/2\ln|X'V^{-1}X| - 1/2\ln|V| - 1/2(y-Xm)'V^{-1}(y-Xm)$$

em que: $\ln(L)$ é o ponto máximo da função logarítmica da máxima verossimilhança restrita (REML) (Patterson & Thompson, 1971); y é o vetor da variável analisada; m é o vetor dos efeitos das mensurações, no qual são assumidos fixos e adicionados todas as médias; X é a matriz de incidência para os efeitos fixos; e V a matriz de variância e covariância de y .

O teste estatístico LRT (*likelihood ratio test*) foi utilizado para testar a significância dos efeitos, este foi obtido por: LRT: $-2\ln(L_{se}) + 2\ln(L_{mc})$.

Em que: L_{se} é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos), e L_{mc} é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo.

Os componentes de variância e os valores genotípicos analisados foram os seguintes:

σ^2_a : variância genética entre famílias, equivalendo a variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se os componentes D1 e D2.

σ^2_e : variância residual.

σ^2_f : variância fenotípica individual.

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

h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa.

Acprog: acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa.

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

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

$CV_e\%$: coeficiente de variação residual.

Com uma pressão de seleção de 33%, vinte melhores famílias foram selecionadas pelo ranqueamento realizado através do índice de Mulamba e Mock adaptado. Neste modelo, os valores genotípicos foram ordenados para cada caráter e a média dos *rankings* de cada genótipo foi apresentada como resultado final (Resende, 2006). Os ganhos com a seleção simultânea dos caracteres foram direcionados no sentido negativo para a AACPD e positivo para as demais.

5. RESULTADOS

5.1 Resultados da geração F_{2:3}

A geração F_{2:3} segregou para todas as características avaliadas. Nesta geração a maioria dos formatos da lista de descritores do IPGRI foram encontrados, exceto o formato redondo (Figura 11).

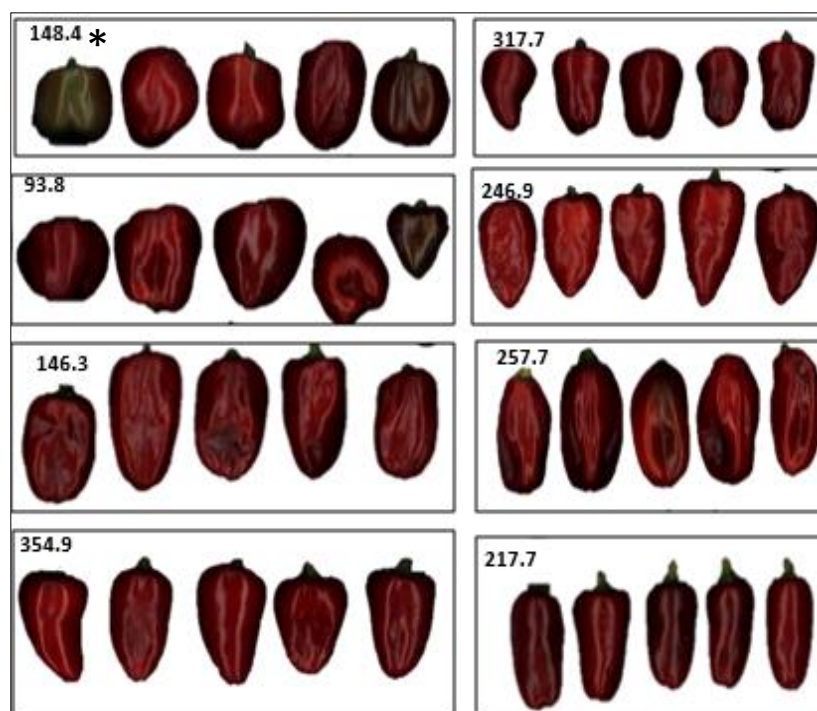


Figura 11. Formatos de fruto observados na geração F_{2:3} de *Capsicum annuum* var. *annuum*. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019. * ID da Planta

Pela análise de *deviance* (ANADEV), o efeito do genótipo foi altamente significativo para todos os caracteres (Tabela 7).

Tabela 7. Análise de *deviance* para os caracteres de resistência à mancha bacteriana¹ e características morfoagronômicas de frutos² em 60 progêneses F_{2:3} de *Capsicum annuum* var. *annuum*

	AACPD		PI		CMF	
Efeito	<i>Deviance</i>	LRT	<i>Deviance</i>	LRT	<i>Deviance</i>	LRT
Genótipos	2857.03	256.96**	1630.26	510.72**	3978.49	219.04**
Modelo completo	2600.07		1119.54		3759.45	
	DMF		NFP		MMF	
Efeito	<i>Deviance</i>	LRT	<i>Deviance</i>	LRT	<i>Deviance</i>	LRT
Genótipos	2890.06	260.29**	4599.12	45.73**	3228.33	239.75**
Modelo completo	2629.77		4553.39		2988.58	
	DFR		EMP		PRO	
Efeito	<i>Deviance</i>	LRT	<i>Deviance</i>	LRT	<i>Deviance</i>	LRT
Genótipos	2399.26	109.17**	120.69	160.19**	7762.71	48.12**
Modelo completo	2290.09		-39.5		7714.59	

¹AACPD-Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença PI- Período de Incubação²/ CMF- comprimento médio dos frutos, DMF- diâmetro médio dos frutos, EMP - espessura média do pericarpo, NFP -número de frutos por planta, MMF- massa média de frutos frescos por planta e PRO- produção por planta, DFR-Dias para Floração, LRT= *likelihood ratio test*. LRT- Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5 e 1%, respectivamente.

A amplitude da variação dos valores genotípicos preditos foi alta para os caracteres de fruto. O comprimento do fruto variou de 35,39 a 117,48 mm e diâmetro de 21,5 a 49,43 mm, respectivamente. O coeficiente de variação residual (CV_e%) variou de médio a muito alto (14,31 a 71) sendo maior para NFP (Tabela 8). Já o coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}%) apresentou magnitudes variando de 12,97% a 32,57% mostrando que há variabilidade na população.

As estimativas da herdabilidade individual no sentido restrito (h²_a) foram de magnitude baixa a média (Brogin et al., 2003) variando de 0,17 a 0,65. Herdabilidade aditiva dentro da parcela (h²_{ad}), ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância, assim como a herdabilidade individual no sentido restrita (h²_a) apresentaram magnitude média para AACPD e para os caracteres ligados a tamanho do fruto, e alto para PI.

As estimativas de h²_{mp} apresentaram valores de alta magnitude, variando de 80% a 97% (Tabela 8). Para AACPD, PI e PRO, característica importante para este programa de melhoramento, tendo em vista a resistência à mancha bacteriana e

produção de frutos, estas estimativas apresentaram magnitude de 94%, 97% e 80%, respectivamente. No presente trabalho, a acurácia foi considerada alta para todos os caracteres estudados, sendo maior que 0,89 (Tabela 8).

Tabela 8. Estimativa dos componentes de variância (REML) e parâmetros genéticos¹ para variáveis de resistência à mancha bacteriana² e características morfoagronômicas de frutos³ em 60 progênies F_{2:3} de *Capsicum annum* var.

Parâmetros genéticos ¹	AACPD	PI	CMF (mm)	DMF (mm)	EMP (mm)	NFP	MMF (g)	PRO (g)	DFR
σ^2_a	16,22	2,94	94,25	17,04	0,14	120,68	29,56	26,82	4,84
σ^2_e	18,91	1,56	127,70	19,85	0,26	573,32	40,70	124,11	12,27
σ^2_f	35,12	4,50	221,95	36,88	0,40	694,00	70,27	150,92	17,11
h^2_a	0,46	0,65	0,43	0,46	0,35	0,17	0,42	0,18	0,28
h^2_{mp}	0,94	0,97	0,93	0,94	0,91	0,80	0,93	0,80	0,88
Acprog	0,97	0,99	0,97	0,97	0,95	0,89	0,97	0,90	0,94
h^2_{ad}	0,42	0,94	0,37	0,43	0,27	0,11	0,36	0,11	0,20
CV _{gi} %	23,32	21,96	17,08	13,26	12,97	32,57	29,62	28,41	3,87
CV _e %	25,18	16,01	19,88	14,31	17,66	71,00	34,75	61,12	6,15
Média geral	17,27	7,80	56,85	31,13	2,90	33,72	18,36	576,38	56,93

annuum

¹/ σ^2_a - Variância genética entre famílias, σ^2_e - variância residual, σ^2_f - variância fenotípica, h^2_a - herdabilidade individual no sentido restrito, h^2_{mp} - herdabilidade da média da progênie, Acprog - acurácia da seleção da progênie, assumindo sobrevivência completa, h^2_{ad} - herdabilidade aditiva dentro da progênie, CV_{gi}% - coeficiente de variação genética aditiva individual, CV_e% - coeficiente de variação residual e média geral. ²/AACPD - Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença, PI - período de incubação. ³/CMF - comprimento médio do fruto, DMF - diâmetro médio do fruto, EMP - espessura média do pericarpo do fruto, NFP - número de frutos por planta, MMF - massa média de frutos frescos por planta, PRO - produção por planta e DFR - dias para floração.

As estimativas dos ganhos percentuais preditos, para 60 progênies de irmãos completos da F_{2:3}, mostraram que a progênie 257 foi a que obteve maior ganho para todas os caracteres, com ganho percentual próximo a 298% (Tabela 9). Vinte progênies promissoras (33% das progênies avaliadas) foram selecionadas utilizando o índice de seleção Mulamba e Mock modificado. Nestas, o valor genético predito para AACPD foi negativo e o ganho genético nulo, em contrapartida para a variável PI e características morfoagronômicas o ganho genético predito foi alto (Tabela 9).

Tabela 9. Ranqueamento das progênies baseado nos ganhos genéticos esperados utilizando o índice de seleção de *rank* médio para variáveis de resistência à mancha bacteriana e variáveis morfoagronômicas de 60 progênies F_{2:3} de *Capsicum annum* var. *annuum*

Ordem	Progênie	Rank-Médio	Ganho	Ganho %	Ordem	Progênie	Rank-Médio	Ganho	Ganho %
1	257	7,67	7,67	297,83	31	161	31,33	22,69	34,41
2	152	13,44	10,56	188,95	32	255	32,00	22,98	32,71
3	258	14,67	11,93	155,75	33	230	32,56	23,27	31,06
4	260	16,56	13,08	133,12	34	98	33,33	23,57	29,41
5	254	17,00	13,87	119,95	35	100	33,67	23,86	27,84
6	91	17,33	14,44	111,15	36	262	33,78	24,13	26,38
7	101	18,00	14,95	103,98	37	116	35,44	24,44	24,80
8	317	18,00	15,33	98,91	38	111	35,67	24,74	23,31
9	180	18,44	15,68	94,53	39	87	36,11	25,03	21,88
10	99	19,22	16,03	90,23	40	173	36,56	25,31	20,49
11	311	21,00	16,49	85,02	41	182	36,56	25,59	19,20
12	318	23,00	17,03	79,12	42	114	37,00	25,86	17,94
13	93	23,11	17,50	74,33	43	252	37,00	26,12	16,77
14	148	23,11	17,90	70,42	44	163	38,67	26,40	15,51
15	226	23,11	18,24	67,17	45	324	39,00	26,68	14,30
16	107	23,33	18,56	64,31	46	149	39,33	26,96	13,14
17	301	24,00	18,88	61,53	47	310	39,67	27,23	12,01
18	20	24,33	19,19	58,98	48	176	40,11	27,50	10,92
19	104	24,78	19,48	56,58	49	154	40,33	27,76	9,87
20	117	25,22	19,77	54,30	50	23	41,22	28,03	8,82
21	28	25,33	20,03	52,26	51	115	41,22	28,29	7,82
22	246	26,00	20,30	50,23	52	31	41,33	28,54	6,87
23	314	26,33	20,57	48,31	53	155	41,33	28,78	5,98
24	105	26,56	20,82	46,53	54	304	41,33	29,01	5,13
25	256	26,56	21,04	44,93	55	236	41,56	29,24	4,31
26	244	27,11	21,28	43,34	56	306	41,56	29,46	3,53
27	88	27,33	21,50	41,85	57	231	43,11	29,70	2,69
28	179	29,67	21,79	39,95	58	160	43,89	29,94	1,86
29	167	30,78	22,10	37,99	59	338	45,22	30,20	0,98
30	178	31,11	22,40	36,14	60	337	48,00	30,50	0,00

Com base nos valores da AACPD os genótipos foram classificados em seis níveis de resistência (Figura 12). Sendo que 20% dos indivíduos foram classificados em altamente resistentes, 14% como resistentes, 18% moderadamente resistentes e os demais suscetíveis. Os genótipos com ganhos para resistência à mancha bacteriana, em maior porcentagem, apresentaram menores valores para tamanho do fruto.

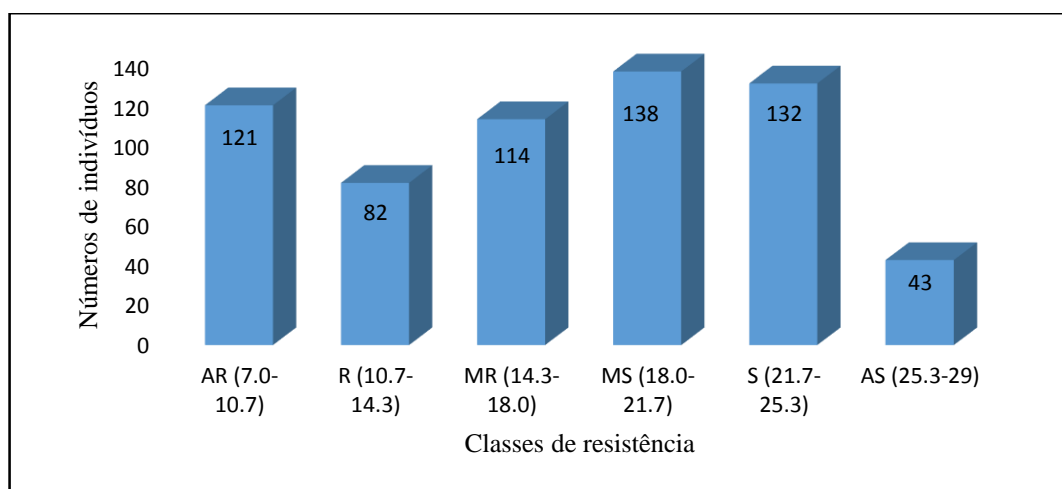


Figura 12. Distribuição dos indivíduos $F_{2:3}$ de *Capsicum annuum* em classes de resistência reação à mancha bacteriana. (AR-Altamente resistente, R- resistente, MR- Moderadamente resistente, MS- Moderadamente suscetível, S- suscetível e AS- Altamente suscetível), com base no AACPD.

Os dados da resistência, associados ao tamanho e formato dos frutos possibilitaram selecionar 20 potenciais genótipos (Figura 13) (7 altamente resistentes, 3 resistentes e 10 moderadamente resistentes) que reúnem características de mini pimentão comercial.

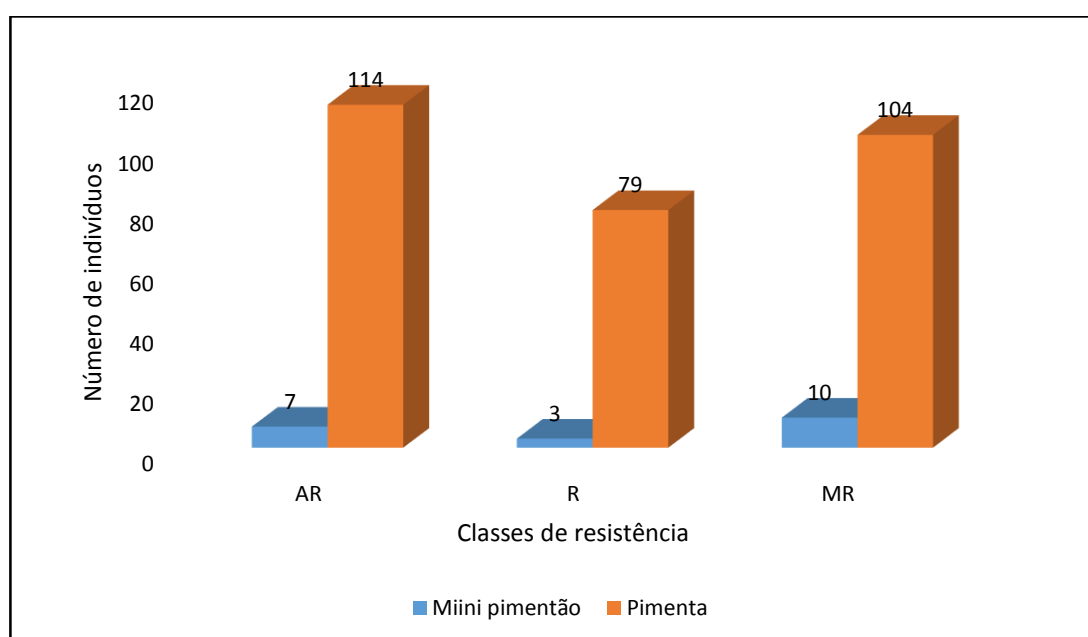


Figura 13. Distribuição dos indivíduos $F_{2:3}$ de *Capsicum annuum* resistentes à mancha bacteriana de acordo à dimensão do fruto. (AR- Altamente resistente, R- resistente e MR- Moderadamente resistente).

Os genótipos candidatos a pimentão resistente à mancha bacteriana estão na subclasse de frutos com 4 a 6 cm de diâmetro, segundo as normas para classificação de pimentão (São Paulo, 2019), considerados de mini pimentão (Figura 14). Nesta geração, os indivíduos das famílias 257, 254, 258, 260, 107, 93, 311, 117, 310, 317 e 318 foram indicados para compor a população F_{3:4} por apresentarem altos níveis de resistência à mancha bacteriana e possuir formato de mini pimentão.

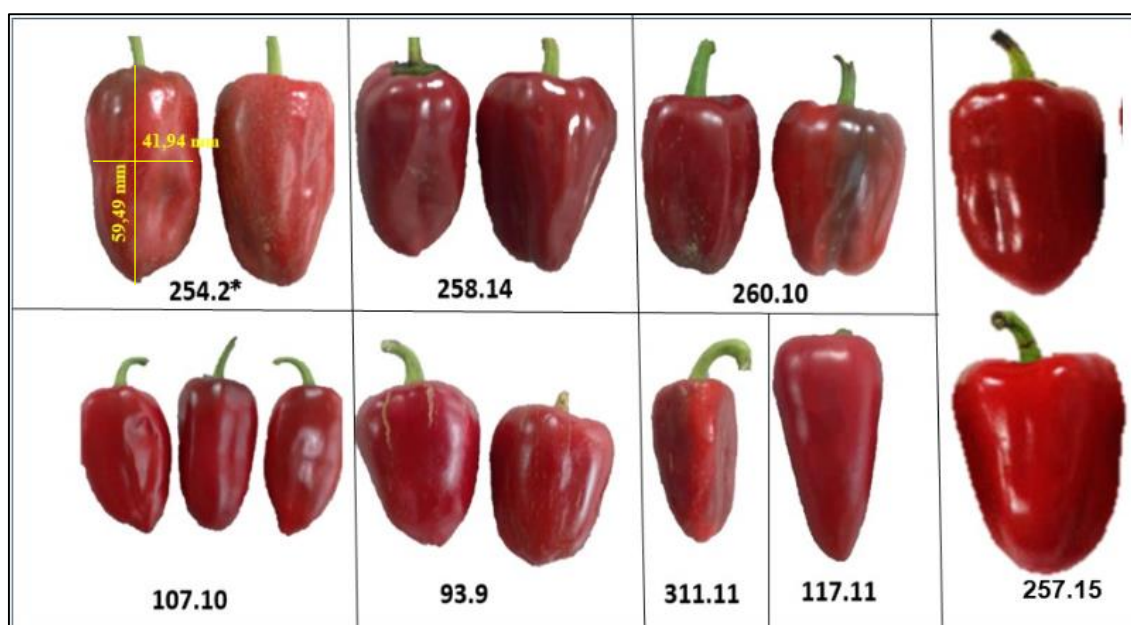


Figura 14. Genótipos com características de mini pimentão comercial (subclasse de 4 a 6 cm de diâmetro do fruto), de acordo com as normas de classificação de pimentão no Brasil. * ID da Planta

5.2. Resultados da geração F_{3:4}

Pela análise de *deviance* (ANADEV), o efeito do genótipo foi altamente significativo para todos os caracteres (Tabela 10).

Tabela 10. Análise de *deviance* para os caracteres de resistência à mancha bacteriana¹ e características morfoagronômicas de frutos² em 60 progênes F_{3:4} de *Capsicum annuum* var. *annuum*

Efeito	AACPD		PI		CMF	
	Dev	LRT	Dev	LRT	Dev	LRT
Genótipos	1617.71	4.78*	901.78	33.52**	2430.66	123.79**
Modelo completo	1612.93		868.26		2306.87	
Efeito	DMF		NFP		MMF	
	Dev	LRT	Dev	LRT	Dev	LRT
Genótipos	1864.21	157.87**	2541.25	148.33**	2327.64	143.82**
Modelo completo	1706.34		2392.92		2183.82	

¹AACPD-Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença, PI- Período de Incubação²/ CMF- comprimento médio dos frutos, DMF- diâmetro médio dos frutos, EMP - espessura média do pericarpo, NFP -número de frutos por planta, MMF- massa média de frutos frescos por planta. LRT= *likelihood ratio test*. LRT- Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5 e 1%, respectivamente.

Na população F_{3:4} ocorreu a segregação para todos os caracteres avaliados (Figura 15).

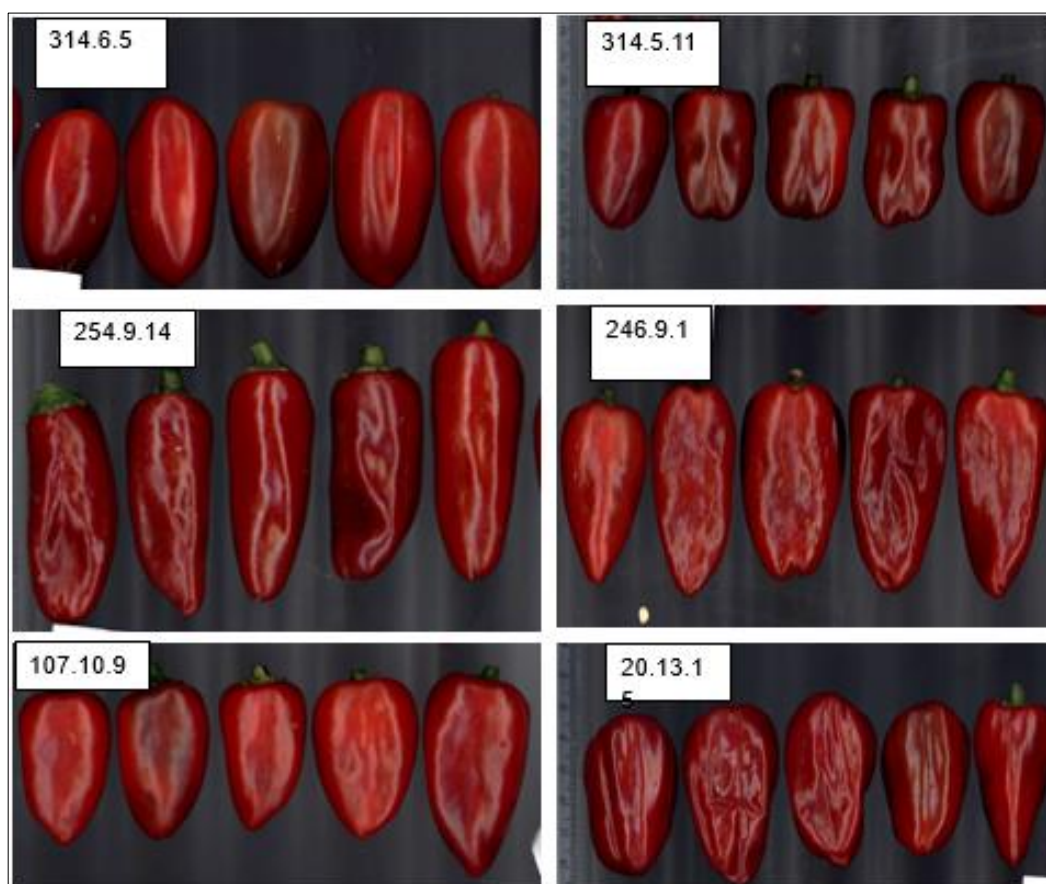


Figura 15. Formatos de fruto observados na geração F_{3:4} de *Capsicum annuum*. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

A amplitude da variação dos valores preditos dos genótipos foi alta para os caracteres ligados a tamanho do fruto. O comprimento e diâmetro do fruto, e espessura do pericarpo apresentaram as seguintes amplitudes, máxima e mínima, respectivamente: comprimento 19,75 e 111,65 mm, diâmetro 16,53 e 65,80 mm, e espessura do pericarpo 1,5 e 6,2 mm. O coeficiente de variação residual variou de médio a muito alto. A magnitude do coeficiente de variação genética aditiva individual foi de 8,51 para PI a 58,41 para número de frutos por planta (Tabela 11). Este coeficiente foi de médio a alto para maioria dos caracteres com exceção para PI que foi baixo.

As estimativas da herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) foram de magnitude baixa a média variando de 0,067 para AACPD a 0,53 para DMF. Herdabilidade aditiva dentro da parcela (h^2_{ad}) apresentou magnitude baixa para AACPD, PI e EMP (0,036, 0,15 e 0,27, respectivamente), e média para os demais caracteres. As estimativas de h^2_{mp} apresentaram valores de alta magnitude, variando de 59% a 96% (Tabela 11). Características ligadas à resistência à mancha bacteriana e a produção obtiveram as seguintes estimativas da h^2_{mp} : 59%, 85% e 95% para (AACPD, PI e NFP, respectivamente).

Na geração $F_{3:4}$, a acurácia foi alta para AACPD (0,77) e muito alta para todos outros caracteres estudados. As estimativas dos ganhos percentuais preditos, para 57 progênies de irmãos completos nesta geração mostraram que as progênies 20.1, 93.2, 93.1, 152.9, 258.16, 20.8, 104.15, 91.16, 93.13, 20.13, 20.4, 178.2, 257.8, 314.4, 301.9, 317.8, 311.2, 314.5, 148.15 e 317.15 foram as 20 que obtiveram maiores ganho para todos os caracteres (Tabela 12).

Com base no índice de seleção Mulamba e Mock modificado, as famílias acima referidas estão ranqueadas em primeiras posições considerando valor genético negativo e ganho nulo para AACPD, e ganho genético positivo para PI e os demais caracteres morfoagronômicas.

Tabela 11. Estimativa dos componentes de variância (REML) e parâmetros genéticos¹ para variáveis de resistência à mancha bacteriana² e características morfoagronômicas de frutos³ em 61 progênies F_{3:4} de *Capsicum annuum* var. *annuum*

Parâmetros genéticos	AACPD	PI	CMF	DMF	EMP	NFP	MMF
σ^2_a	1.76	0.84	102.95	27.46	0.29	159.44	97.77
σ^2_e	24.38	2.88	131.34	24.28	0.53	161.3	89.98
σ^2_f	26.15	3.72	234.29	51.74	0.81	320.74	187.75
h^2_a	0.067	0.23	0.44	0.53	0.35	0.49	0.52
h^2_{mp}	0.59	0.85	0.94	0.96	0.92	0.95	0.96
Acprog	0.77	0.92	0.97	0.98	0.96	0.96	0.98
h^2_{ad}	0.036	0.15	0.39	0.57	0.27	0.49	0.54
CV _{gi} %	12.81	8.51	16.25	15.88	14.91	58.41	45.40
CV _e %	47.63	15.75	18.35	14.93	20.19	58.75	43.56
Média geral	10.37	10.78	62.44	33.00	3.59	21.62	21.78

¹ σ^2_a -Variância genética entre famílias, σ^2_e -variância residual, σ^2_f - variância fenotípica, h^2_a - herdabilidade individual no sentido restrito, h^2_{mp} - herdabilidade da média da progênie, Acprog - acurácia da seleção da progênie, assumindo sobrevivência completa, h^2_{ad} - herdabilidade aditiva dentro da progênie, CV_{gi}% - coeficiente de variação genética aditiva individual, CV_e(%) - coeficiente de variação residual e média geral. ²AACPD-Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença, PI - período de incubação. ³ CMF- comprimento médio dos frutos, DMF- diâmetro médio dos frutos, EMP - espessura média do pericarpo dos frutos, NFP -número de frutos por planta, MMF- massa média de frutos frescos por planta.

Considerando a reação à mancha bacteriana e o tamanho padrão do fruto para pimentão, segundo as normas da Secretaria da Agricultura e Abastecimento de São Paulo, 47 indivíduos, distribuídos em 22 famílias F_{3:4} encontram-se no padrão para mini pimentão e são resistentes à mancha bacteriana. Vinte e dois destes, pertencentes as progênies 20.1, 20.13, 20.14, 28.2, 28.14, 28.15, 93.14, 114.15, 148.3, 257.8, 258.16, 314.6, 317.2 e 318.6, não possuem capsaicina.

Tabela 12. Ranqueamento das progênies baseado nos ganhos genéticos esperados utilizando o índice de seleção de *rank* médio para variáveis de resistência à mancha bacteriana e variáveis morfoagronômicas de 60 progênies F_{3:4} de *Capsicum annuum* var. *annuum*.

Ordem	Progênie	Rank-Médio	Ganho	Ganho %	Ordem	Progênie	Rank-Médio	Ganho	Ganho %
1	20,1	13,14	13,14	124,46	30	91,15	30,71	22,79	29,44
2	93,2	13,43	13,29	122,04	31	257,10	30,71	23,05	28,00
3	93,1	14,00	13,52	118,13	32	93,14	31,14	23,30	26,61
4	152,9	14,30	13,71	115,10	33	314,6	31,14	23,54	25,34
5	258,16	14,71	13,91	112,01	34	91,11	31,43	23,78	24,11
6	20,8	15,14	14,12	108,94	35	91,17	31,57	23,99	22,96
7	104,15	16,43	14,45	104,17	36	317,13	32,00	24,21	21,83
8	91,16	17,71	14,86	98,56	37	114,15	32,43	24,44	20,72
9	93,13	19,43	15,37	91,99	38	318,6	33,14	24,67	19,60
10	20,13	19,57	15,79	86,88	39	28,2	33,57	24,89	18,50
11	20,4	22,29	16,38	80,14	40	317,10	33,71	25,11	17,46
12	178,2	22,57	16,89	74,63	41	314,8	33,86	25,33	16,47
13	257,8	23,43	17,40	69,58	42	314,3	34,57	25,55	15,47
14	314,4	24,29	17,89	64,92	43	91,5	34,86	25,76	14,50
15	301,9	24,49	18,32	60,99	44	107,1	35,14	25,98	13,56
16	317,8	24,57	18,71	57,63	45	317,2	35,14	26,18	12,68
17	311,2	24,71	19,07	54,72	46	101,8	35,57	26,39	11,81
18	314,5	25,29	19,41	51,96	47	101,6	36,00	26,59	10,95
19	148,15	25,86	19,75	49,35	48	246,9	37,71	26,82	9,99
20	317,15	25,86	20,06	47,08	49	310,14	38,14	27,05	9,05
21	148,3	26,43	20,36	44,89	50	20,14	38,71	27,29	8,12
22	256,12	26,57	20,64	42,91	51	93,17	38,86	27,51	7,22
23	256,15	26,86	20,91	41,06	52	180,6	39,86	27,75	6,31
24	148,4	27,29	21,18	39,29	53	254,9	41,14	28,00	5,35
25	91,2	27,43	21,43	37,67	54	256,13	41,71	28,26	4,40
26	257,7	28,00	21,68	36,06	55	152,11	43,29	28,53	3,40
27	318,15	28,57	21,94	34,48	56	317,11	45,43	28,83	2,32
28	28,14	30,29	22,24	32,68	57	317,7	47,00	29,15	1,2
29	180,8	30,43	22,52	31,01	58	254,2	49,43	29,50	0,00

As médias das gerações obtidas através do índice de seleção que incorporou as informações disponíveis em todas as populações (Resende et al., 2016) avaliadas para o presente estudo estão apresentados na Tabela 13. Para AACPD a média das gerações foi maior na F₂ e diminuiu nas gerações subsequentes. Para os caracteres agrônômicos do fruto as médias aumentaram com avanço das gerações, com exceção do CMF que diminuiu na geração F₃.

Tabela 13. Média das gerações devidas aos efeitos incorporados das progênes e populações em F₂, F₃ e F₄

Geração	AACPD	CMF	DMF	EMP
F₂	21.06	64.11	28.41	2.75
F_{2:3}	17.24	57.76	31.24	2.93
F_{3:4}	11.08	61.82	32.46	3.54

6. DISCUSSÃO

A variação encontrada quanto ao formato do fruto (relação entre comprimento e o diâmetro) nas gerações F_{2:3} e F_{3:4} foi devido ao formato contrastante dos pais, um quadrado e outro alongado. O formato do fruto é uma característica controlada por vários genes. Segundo Wang & Bosland (2006) seis genes têm efeito sobre o formato dos frutos. Estudos do mapeamento de QTLs permitiram identificar vários *loci* controlando o formato do fruto em *Capsicum* spp. (Zygier et al. 2005; Barchi et al. 2009). Chaim et al., (2001) identificaram três QTLs ligados ao formato de fruto em pimentas com grande efeito sobre variação dessa característica. Segundo os mesmos autores, o principal QTL que explica mais de 60% da variação fenotípica para a forma do fruto foi detectado no cromossoma 3.

Também foi observado variabilidade quanto ao número de lóculos, variando de dois a quatro. A maioria das pimentas possui frutos com dois a três lóculos, já os pimentões se caracterizam por terem três ou mais lóculos. O número de lóculos está correlacionado com o formato do fruto. Geralmente quando um fruto apresenta três lóculos o seu formato é cônico e quatro lóculos o formato é quadrado. Assim a maioria dos pimentões são cônicos e quadrados. Segundo Barchi, (2009) nove QTL's estão ligados à herança desta característica.

A alta significância pela ANADEV observada nos caracteres estudados confirma a variabilidade nas populações estudadas. O alto valor do CVe% observado para NFP se deve ao fato de esta ser uma variável altamente influenciada pelo ambiente. Além disso, ela é uma variável diretamente

correlacionada com altura da planta, ramificação e floração, que são características controladas por vários genes e de diferentes controles genéticos (Shuh & Fontenot, 1990; Aniel Kumar et al., 2001; Wang & Bosland, 2006).

Análise do coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi}\%$), que é o coeficiente que quantifica e confirma a disponibilidade da variabilidade genética, mostra que há variabilidade nas duas populações. A existência dessa variabilidade é fundamental para seleção dos genótipos superiores e para dar continuidade ao avanço de gerações no sentido de obtenção de genótipos com caracteres agrônômicos desejáveis e resistentes à mancha bacteriana.

Os valores de variância genética entre famílias indicam que as populações avaliadas são promissoras, sendo possível obter ganhos com seleção entre as progênies avaliadas. Oliveira et al. (2015), ao estudarem a população $F_{2:3}$ de *C. baccatum* var. *pendulum* observaram estimativas para variância genética entre linhas variando de 0,17 a 1498,76 para comprimento do fruto e número de frutos por planta, corroborando com os resultados do presente estudo.

Os baixos valores da variância residual para PI e EMP significa que influência exercida pelo ambiente sobre esses caracteres foi baixa, e indica boa precisão experimental. Os demais caracteres apresentaram altos valores da variância residual, por serem quantitativas, e em geral controladas por vários genes e altamente influenciadas pelo ambiente (Atroch et al., 2013). Estão identificados QTL's com forte efeito sobre a expressão fenotípica para massa do fruto fresco, comprimento e diâmetro do fruto e espessura do pericarpo (Chaim et al., 2001; Dwivedi et al., 2015; Han et al., 2016). Segundo Chaim et al. (2003), há uma clara relação fisiológica entre o diâmetro do fruto e a espessura do pericarpo aumentando a probabilidade do efeito pleiotrópico dos QTL's para expressão dessas características. Os mesmos autores identificaram várias regiões genômicas com QTL's responsáveis pela expressão das diferentes características ligadas aos frutos e sugerem que essas regiões contêm *loci* pleiotrópicos que afetam muitos aspectos do desenvolvimento dos frutos. Lee et al. (2011) detectaram vários QTL's relacionados ao comprimento do fruto localizados em diferentes cromossomos.

A espessura do pericarpo é a característica importante para firmeza do fruto necessária ao manuseamento ao longo de toda a cadeia de produção, tempo de prateleira e comercialização. Devi & Sood (2018) observaram genes de efeito

aditivo positivo controlando esse carácter, o que implica um incremento na espessura do fruto ao longo das gerações de *pedigree*.

A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos mais importantes, uma vez que quantifica a fração da variância fenotípica herdável que pode ser explorada no processo de seleção e avanço de gerações segregantes (Falconer, 1989). Os seus valores são úteis para prever o progresso a ser alcançado com a seleção. Alta herdabilidade é um indicador de maior proporção da variância genética aditiva e, conseqüentemente, um elevado ganho genético é esperado com a seleção.

Apesar do efeito ambiental sobre os caracteres em estudo, as estimativas para herdabilidade média das progênies apresentou alta magnitude. De igual modo, acurácias foram superiores a 77% nas duas gerações avaliadas, indicando elevado controle genético na expressão dos mesmos. Esse fato pode ser confirmado com a manutenção da alta herdabilidade média da progênie da geração $F_{2:3}$ para $F_{3:4}$ o que indica que o fenótipo é um forte indicador do valor genotípico, aumentando o ganho com a seleção (Ramalho et al., 2013).

As estimativas da herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) foram de magnitude baixa a média. Brogin et al. (2003) consideram estimativa da herdabilidade baixa quando $h < 0,30$, intermediária variando de $0,30 < h < 0,60$ e alta magnitude quando $h > 0,60$. Segundo os mesmos autores, as características com estimativas de herdabilidade acima de 0,30 permitem ganho genético com seleção fenotípica em gerações iniciais da população. As estimativas encontradas neste trabalho, para a maioria dos caracteres estudados, são intermediárias e mostram que a variância encontrada incorpora efeito genético.

As estimativas das h^2_a e da h^2_{ad} , ambas com magnitude média em ambas as gerações para todas as variáveis, exceto para AACPD na geração $F_{3:4}$, indicam que pode se obter ganhos genéticos significativos para essas variáveis e com isso obter sucesso com seleção entre e dentro das progênies. A herdabilidade aditiva dentro da família para AACPD na geração $F_{3:4}$ foi muito baixa (0.036) podendo inferir-se que a seleção dentro da progênie para essa característica é pouco eficiente nas gerações subsequentes. Esse baixo valor da herdabilidade dentro da família para AACPD indica que a seleção de indivíduos usando BLUP para avanço de geração proporciona maior peso ao efeito da família. Isto é esperado na geração F_4 da espécie autógama, em que $3/4$ da variação genética aditiva encontra-se entre família e apenas $1/4$ dentro delas (Pereira, et al., 2013).

Os valores de alta magnitude encontrados nas estimativas de h^2_{mp} nestas populações superam valores da herdabilidade individual, o que indica elevado controle genético na expressão dos caracteres e mostra que a seleção entre progênieis é mais efetiva, fundamentalmente na geração $F_{3:4}$.

No presente trabalho, a acurácia é considerada muito alta para todos os caracteres estudados. Estes altos valores demonstram um expressivo controle genético para todos os caracteres e oferece forte confiabilidade na seleção baseada nas características em estudo nas duas gerações. A acurácia é um dos parâmetros estatísticos mais importantes na seleção dos genótipos, visto que correlaciona o verdadeiro valor genotípico do tratamento com o predito por meio das informações obtidas dos experimentos (Resende, 2007).

Para o processo de seleção em programas de melhoramento, devem ser buscados valores de acurácia acima de 70% (Resende, 2007). Portanto, os valores encontrados nesse trabalho foram promissores, possibilitaram selecionar genótipos nas gerações $F_{2:3}$ com precisão e confiabilidade. Estes genótipos foram conduzidos e avaliados na geração $F_{3:4}$ e possibilitaram selecionar genótipos com potencialidade para desenvolver novas cultivares de pimentão resistente à mancha bacteriana.

A variabilidade da resistência observada nestas duas populações estudadas explica-se pela herança de natureza poligênica, que é controlada por no mínimo cinco genes (Silva et al., 2017).

A maioria dos genótipos com ganhos para resistência à mancha bacteriana possuem os menores valores para tamanho do fruto. Provavelmente, isto deve-se a dificuldade de encontrar genótipos com combinação de alelos favoráveis para todos os caracteres de interesse. Pois o tamanho do fruto do pimentão é uma das características ligadas à produção e ao valor comercial desta hortaliça, e está diretamente correlacionado com comprimento, diâmetro e formato, e fazem parte de um complexo de características controladas por vários genes e por diferentes vias de sinalização (Wang e Bosland, 2006; Han et al., 2016; Chunthawodtiporn et al., 2018). Chunthawodtiporn et al. (2018) propõem três genes candidatos como responsáveis pelo controle da expressão do tamanho e formato do fruto em pimentão.

Na geração $F_{2:3}$, 51 genótipos pertencentes a 14 famílias são resistentes à mancha bacteriana e possuem características morfoagronômicas de pimentão. Na

geração F_{3:4}, 47 genótipos distribuídos em 22 famílias foram observados com características de pimentão, principalmente mini pimentão, e com resistência à mancha bacteriana. Estes genótipos estão na subclasse de frutos com 4 a 6 cm de diâmetro, segundo as normas para classificação de pimentão (São Paulo, 2019), considerados de mini pimentão.

Dezoito genótipos F_{3:4} com características do mini pimentão não possuem capsaicina, sugerindo que são frutos doces, isto é, não pungentes o que caracteriza o pimentão. A pungência, ou sensação da ardência deve-se a presença da capsaicina, um dos componentes mais abundante do capsaicinóide presente nos frutos do *Capsicum*. Ela é produzida na epiderme da placenta do fruto e armazenado nas vesículas a superfície deste tecido (Suzuki et al., 1980). A pungência em *Capsicum* é um carácter quantitativo e qualitativo. O grau da ardência ou da concentração do capsaicinoide é de herança quantitativa, enquanto a capacidade de ser pungente ou não é de herança simples controlado por gene dominante (Blum, et al., 2002; Blum, et al., 2003; Ben-Chaim et al., 2006). Ausência da capsaicina faz com que o pimentão seja uma hortaliça muito apreciada por seu sabor adocicado, podendo ser consumido *in natura* em saladas, e apresentar grande versatilidade na culinária, tomando parte na confecção de vários pratos.

As médias das gerações obtidas com a incorporação das informações das populações F₂, F₃ e F₄ apresentaram diminuição para AACPD confirmando que, com o avanço das gerações há aumento do ganho para resistência à mancha bacteriana. Para as características agronômicas do fruto (CMF, DMF e EMF) as médias das gerações aumentaram com avanço das gerações, com exceção do CMF na F₃. Esses resultados indicam que, com avanço das gerações segregantes é possível obter por seleção, genótipos de pimentão e mini pimentão com elevado nível de resistência à mancha bacteriana.

7. CONCLUSÕES

Há variabilidade genética disponível nas populações do estudo capaz de ser explorada no programa de melhoramento de *C. annuum* var. *annuum* para obtenção de linhagens de pimentão e mini pimentão resistentes à mancha bacteriana.

As progênies selecionadas obtiveram valor genético predito para AACPD negativo e o ganho genético nulo, em contrapartida para a variável PI e as características morfoagronômicas o ganho genético predito foi alto.

A alta acurácia obtida pelo REML/BLUP permitiu selecionar com precisão os potenciais genótipos e linhas para desenvolvimento de novas cultivares de pimentão e mini pimentão resistentes à mancha bacteriana.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abbasi, P. A., Khabbaz, S. E., Weselowski, B., & Zhang, L. (2015). Occurrence of copper-resistant strains and a shift in *Xanthomonas* spp. causing tomato bacterial spot in Ontario. *Can. J. Microbiol.*, 61:753-761.
- Allard RW (1961) Principles of Plant Breeding. J. Wiley & Sons Ltd., New York, London, 486p.
- Amaral Júnior, A. T., Graça, A. J., Vivas, M., Viana, A. P., & Rodrigues, R. (2017). Prospecting of tomato hybrids for table and industry via mixed modeling and multivariate analysis. *Horticultura Brasileira*, 20-25
- Aniel Kumar, O., Anitha, V., Roseline Subha-shini, K., & Raja Rao, k. G. (2001). Induced morphological mutations in *Capsicum annum* L. *Capsicum Eggplant. Nswl*, 20, 72–75.
- Antonious G. F.; Jarret, Robert (2006). Screening *Capsicum* accessions for capsaicinoids content. *J Environ Sci Health B*, 41: 717–729.
- ANVISA, A. N. de V. S. (2016). Relatório das Análises de Amostras Monitoradas no período de 2013 a 2015, 246. ov.br/Relatório+PARA+2013-2015_Versão-Final.pdf/494cd7c5-5408-4e6a-b0e5-5098cbf759f8
- Araújo, E. R.; Pereira, R. C.; Ferreira, M. A. S. V.; Café-Filho, A. C.; Moita, A. W.; Quezado-Duval, A. M. (2011). Effect of temperature on pathogenicity

components of tomato bacterial spot and competition between *Xanthomonas perforans* and *X. gardneri*. *Acta Horticulturae*, The Hague 914:39-42.

- Araújo, E. R., Pereira, R. C., Ferreira, M. A. S. V., Quezado-Duval, A. M., & Café-Filho, A. C. (2012). Sensitivity of *xanthomonads* causing tomato bacterial spot to copper and streptomycin and in vivo infra-specific competitive ability in *Xanthomonas perforans* resistant and sensitive to copper. *Journal of Plant Pathology*, 94(1), 79–87. <https://doi.org/10.4454/jpp.fa.2012.004>
- Araújo, E. R., Costa, J. R., Pontes, N. C., Quezado-Duval, A. M. (2015) *Xanthomonas perforans* and *X. gardneri* associated with bacterial leaf spot on weeds in Brazilian tomato fields
- Araújo, E. R.; Costa, J. R.; Ferreira, M. A.S.V.; Quezado-Duval, A.; M. (2016) Widespread distribution of *Xanthomonas perforans* and limited presence of *X. gardneri* in Brazil
- Areas, M. S., Gonçalves, R. M., Soman, J. M., Sakate, R K., Gioria, R. S., Tadeu A F. e Maringoni, Antonio C. (2014) Prevalence of *Xanthomonas euvesicatoria* on Pepper in Brazil. *Journal of Phytopathology*, v. 162, p. 1050-1054,
- Areas, M. S., Gonçalves, R. M., Soman, J. M., Sakate, R. K., Gioria, R., da Silva, T. A. F., & Maringoni, A. C. (2015). Prevalence of *Xanthomonas euvesicatoria* on Pepper in Brazil. *Journal of Phytopathology*, 163(11–12). <https://doi.org/10.1111/jph.12349>
- Atroch, A. L., Filho, F. J. do N., & Resende, M. D. V. De. (2013). Seleção genética simultânea de progênies de guaranazeiro para produção, adaptabilidade e estabilidade temporal. *Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, v. 56, n., 347–352. doi.org/http://dx.doi.org/10.4322/rca.2013.052
- Baenas, N., Belović, M., Ilic, N., Moreno, D. A., & García-Viguera, C. (2019). Industrial use of pepper (*Capsicum annum* L.) derived products: Technological benefits and biological advantages. *Food Chemistry*, 274(September 2018), 872–885. [doi.10.1016/j.foodchem.2018.09.047](https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.09.047)
- Balzarini, M. (2015). Applications of Mixed Models in Plant Breeding (April 2002).

- Barchi, L., Lefebvre, V., Sage-Palloix, A. M., Lanteri, S., & Palloix, A. (2009). QTL analysis of plant development and fruit traits in pepper and performance of selective phenotyping. *Theoretical and Applied Genetics*, 118(6), 1157-1171.
- Ben-Chaim, A., Borovsky, Y., Falise, M., Mazourek, M., Kang, B. C., Paran, I., & Jahn, M. (2006). QTL analysis for capsaicinoid content in *Capsicum*. *Theoretical and Applied Genetics*, 1481-1490.
- Bento, C. S., Rodrigues, R., Júnior, F. M., & Sudré, C. P. (2009). Sources of resistance against the *Pepper yellow mosaic virus* in chili pepper. *Horticultura Brasileira*, 27(2): 195-201.
- Bento, C. S., Souza, A. G., Sudré, C. P., Pimenta, S., & Rodrigues, R. (2017). Multiple genetic resistances in *Capsicum* spp. *Genetics and Molecular Research*, 16 (3): 1-13.
- Bhavani, S., Rutkoski, J., Huerta-Espino, J., Poland, J., Sorrells, M., Singh, R., & Jannink, J. (2015). Genetic Gain from Phenotypic and Genomic Selection for Quantitative Resistance to Stem Rust of Wheat. *the Plant Genome*, 8(2): 1-10.
- Blancquaert D, D. S. (2014). Present and future of folate biofortification of crop plants. *J. Exp. Bot.*, 895–906 .
- Blum, E., Liu, K., Mazourek, M., Yoo, E. Y., Jahn, M., & Paran, I. (2002). Molecular mapping of the C locus for presence of pungency in *Capsicum*. *Genome*, 702-705.
- Blum, E., Mazourek, M., O'Connell, M., Curry, J., Thorup, T., Liu, K., Paran, I. (2003). Molecular mapping of capsaicinoid biosynthesis genes and quantitative trait loci analysis for capsaicinoid content in *Capsicum*. *Theoretical and Applied Genetics*, 79-86.
- Bnejdi, F., Saadoun, M., Allagui, M.B., El Gazzah, E. (2009) Epistasis and heritability of resistance *Phytophthora nicotianae* in pepper (*Capsicum annum* L.). *Euphytica*, 167:39-44
- Borém, A.; Miranda, G. V. (2009). Melhoramento de Plantas. Ed. UFV. 529p.

- Borges, V., Ferreira, P. V., Soares, L., Santos, G. M., Santos, A. M. M. (2010) Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. *Acta Scientiarum Agronomy* 32: 643-649.
- Brasil, M.de S. (2018). Relatório Nacional de Vigilância em Saúde de Populações *Expostas a Agrotóxicos*. [http://doi.org/ISBN 978-85-334-2428-9](http://doi.org/ISBN%20978-85-334-2428-9)
- Brogini, R. L., Arias, C. A. A., & Toledo J. F. F. (2003). Genetic control of soybean resistance to brown spot (*Septoria glycines*). *Crop Breeding and Appl. Biotechnology*, 3, 35–44.
- Burlakoti, R. R., Hsu, C., Chen, J., & Wang, J. (2018). Population Dynamics of *Xanthomonads* Associated with Bacterial Spot of Tomato and Pepper during 27 Years across Taiwan. *Plant Disease*, 348-1356.
- Büttow, M. V., Barbieri, R. L., Neitzke, R. S., Heiden, N., Carvalho, F. I. F. (2010) Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. *Ciência Rural*. 40:1264-1269
- Campbell, C. L., & Madden, L. V. (1990). Introduction to plant disease epidemiology. New York: John Wiley & Sons.
- Carbonell, S., Chiorato, A., Carvalho, C., Ramos Junior, E., Ito, M., Borges, W., Gallo, P. (2010). IAC Formoso: new carioca common bean cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 10: 374-376. .
- Carias, C. M., Gravina, G. A., Ferrão, M. A., Fonseca, A. F., Ferrão, R. G., Vivas, M., & Viana, A. P. (2016). Prediction of genetic gains by mixed models in conilon coffee progenies. *Coffee Science*, 39-45.
- Carneiro, F. F., Rigotto, R. M., Augusto, L. G. S., & Friedrich, K. (2015). *Dossiê ABRASCO: Um alerta sobre os impactos dos agrotóxicos na saúde*. Retrieved from <http://abrasco.org.br/dossieagrotoxicos/>
- Carrizo García, C., Barfuss, M. H., Sehr, E. M., Barboza, G. E., Samuel, R., Moscone, E. A., & Ehrendorfer, F. (2016). Phylogenetic relationships, diversification and expansion of chili peppers (*Capsicum*, *Solanaceae*). *Annals of Botany*, 35-51.

- Casali V.W.D., Couto F.A.A. 1984. Origem e botânica de *Capsicum*. Informe Agropecuário, v.10, n.113, p. 8-10.
- Chaim, A. Ben, Paran, I., Grube, R. C., Jahn, M., Van Wijk, R., & Peleman, J. (2001). QTL mapping of fruit-related traits in pepper (*Capsicum annuum*). *Theoretical and Applied Genetics*, 102 (6–7), 1016–1028. doi.org/10.1007/s001220000461
- Chaim, A., Y. Borovsky, W. De Jong, and I. Paran. 2003. Linkage of the A locus for the presence of anthocyanin and fs10.1, a major fruit-shape QTL in pepper. *Theor. Appl. Genet.* 106:889–894.
- Chapa-Oliver, A. M., & Mejía-Teniente, L. (2016). Capsaicin: From plants to a cancer-suppressing agent. *Molecules*, 21 (8), 1–14. //doi.org/10.3390/molecules21080931
- Chunthawodtiporn, J., Hill, T., Stoffel, K., & Van Deynze, A. (2018). Quantitative Trait Loci Controlling Fruit Size and Other Horticultural Traits in Bell Pepper *The Plant Genome*, 11 (1), 0. ht doi.org/10.3835/plantgenome2016.12.0125
- Costa, R. A., Rosana, R., Sudré, C. P. (2002), Resistência genética à mancha bacteriana em genótipos de pimentão. *Horticultura Brasileira, Brasília*, 20:86-89
- Cruz, C.D.; Carneiro, P.C.S. (2003) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, v.2. 585p.
- Cruz C. D, Regazzi A. J., Carneiro, P. C. S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 480 p.
- Cuppels, D.A., Louws, F.J., Ainsworth, T. (2006) Development and evaluation of PCR-based diagnostic assays for the bacterial speck and bacterial spot pathogens of tomato. *Plant Disease*, 90: 451-458.
- Delfini, J., Cirino, V. M., Ruas, C. F., Ruas, P. M., Neto, J. S., & Gonçalves, L. S. (2018). Estimation of genetic parameters and prediction of genotypic values in common beans using mixed models. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 1026-1035.

- Devi, J., & Sood, S. (2018). Genetic Study of Horticultural Traits in Bell Pepper (*Capsicum annuum* var. *grossum*) Through Generation Mean Analysis. *Agricultural Research*, 7(2), 112–119. <https://doi.org/10.1007/s40003-018-0298-6>
- Dwivedi, N., Kumar, R., Paliwal, R., Kumar, U., Kumar, S., Singh, M., & Singh, R. K. (2015). QTL mapping for important horticultural traits in pepper (*Capsicum annuum* L.). *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 24(2), 154–160. <https://doi.org/10.1007/s13562-013-0247-1>
- EPPO (2013). PM 7/110 (1) *Xanthomonas* spp. (*Xanthomonas euvesicatoria*, *Xanthomonas gardneri*, *Xanthomonas perforans*, *Xanthomonas vesicatoria*) causing bacterial spot of tomato and sweet pepper. *EPPO Bulletin* (2013), 43, 7–20.
- Eshbaugh W. H., (2012). The taxonomy of the genus *Capsicum*. *CABI*, 14–28.
- Falconer, D. S. (1989). Introduction to quantitative genetics. (3rd ed.). Harlow: Longman.
- Filgueira, F. A. R. (2012). Novo Manual de Olericultura: Agrotecnologia Moderna na Produção e Comercialização de Hortaliças. (UFV, Ed.) (3^a).
- Flor, H. H. Current status of the gene-for-gene concept. *Annual Review Phytopathology* 9:275-296. 1971.
- Freire, L. R., Baleiro, F. de C., Zonta, E., Anjos, L. H. C., Pereira, M.G., Lima, E. Polidoro, J. C. (2013). Manual de calagem e adubação do Estado do Rio de Janeiro. (Universidade Rural Seropédica RJ, Ed.), *EMBRAPA* (1^a).
- Gašić, K., Kuzmanović, N., Ivanović, M., Prokić, A., Šević, M., & Obradović, A. (2018). Complete Genome of the *Xanthomonas euvesicatoria* Specific Bacteriophage KΦ1, Its Survival and Potential in Control of Pepper Bacterial Spot. *Frontiers in Microbiology*, 1-12.
- Griffin, K., Gambley, C., Brown, P., & Li, Y. (2017). Copper-tolerance in *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* and *Xanthomonas* spp. and the control of diseases associated with these pathogens in tomato and pepper. A systematic

literature review. *Crop Protection*, 96, 144–150.
<https://doi.org/10.1016/J.CROPRO.2017.02.008>

Gomes, A.B.S.; Oliveira, T.R.A.; Cruz, D.P.; Gravina, G.A.; Daher, R.F.; Araújo, L.C.; Araújo, K.C. 2018. Genetic gain via REML/BLUP and selection indices in snap bean. *Horticultura Brasileira* 36: 195-198. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620180208>.

Han, K., Jeong, H. J., Yang, H. B., Kang, S. M., Kwon, J. K., Kim, S., Kang, B. C. (2016). An ultra-high-density bin map facilitates high-throughput QTL mapping of horticultural traits in pepper (*Capsicum annuum*). *DNA Research*, 23(2), 81–91. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsv038>

Hanemian, M., Zhou, B., Deslandes, L., Marco, Y., & Trémousaygue, D. (2013). Toward a sustainable approach in the fight against plant pathogenic bacteria Hrp mutant bacteria as biocontrol agents © 2013 Landes Bioscience . Do not distribute © 2013 Landes Bioscience . Do not distribute. *Interactions Plantes-microorganismes*, 1-5.

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

Hill, T. A., Ashrafi, H., Reyes-Chin-Wo, S., Yao, J. Q., Stoffel, K., Truco, M. J., . . . Van Deynze, A. (2013). Characterization of *Capsicum annuum* Genetic Diversity and Population Structure Based on Parallel Polymorphism Discovery with a 30K Unigene Pepper GeneChip. *PLoS ONE*, 1-16.

IBPGR (1983). Genetic resources of *Capsicum*. *International Board for Plant Genetic Resources* Rome

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

Jacques, M. A., Arlat, M., Boulanger, A., Boureau, T, Carrère, S., & Cesbron, S. (2016). Jacques, M. A., Arlat, M., Boulanger, A., Boureau, Using ecology, physiology, and genomics to understand host specificity in *Xanthomonas*. . *Annu. Rev. Phytopathol*, 163–187.

- Jones, J. B., J. P. Jones, R. R. E. Stall, and T. A. Zitter (eds.). (1991) Compendium of Tomato Diseases. APS Press, St. Paul, MN.
- JONES, J.B.; STALL, R.E.; BOUZAR, H. 1998. Diversity among *Xanthomonads* pathogenic on pepper and tomato. *Annual Review of Phytopatology* 36:41-58.
- Jones, J. B., Minsavage, G. V., Roberts, P. D., Johnson, R. R., Kousik, C. S., Subramanya, S. Stall, R. E. (2002) A Non-Hypersensitive Resistance in Pepper to the Bacterial Spot Pathogen is Associated with Two Recessive Genes. *Phytopathology*, 92, 273 -277.
- Jones, J. B., Lacy, G. H., Bouzar, H., Stall, R. E., & Schaad, N. W. (2004). Reclassification of the xanthomonads associated with bacterial spot disease of tomato and pepper. *Systematic and applied microbiology*, 755-762.
- Jones, J. B., Vallad, G. E., Iriarte, F. B., Obradović, A., Wernsing, M. H., Jackson, L. E., & Momol, M. T. (2012). Considerations for using bacteriophages for plant disease control. *Bacteriophage*, 2(4), e23857.
- Justino, E. V. Maturação fisiológica e taxa de cruzamento natural na produção de sementes de *Capsicum* (2014). Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 128p. Dissertação de Mestrado.
- Kantar, M. B., Anderson, J. E., Lucht, S. A., Mercer, K., Bernau, V., Case, K. A., Baumler, D. J. (2016). Vitamin variation in *Capsicum* spp. Provides opportunities to improve nutritional value of human diets. *PLoS ONE*, 1-12.
- Kyeon, M. S., Son, S. H., Noh, Y. H., Kim, Y. E., Lee, H. I., & Cha, J. S. (2016). *Xanthomonas euvesicatoria* causes bacterial spot disease on pepper plant in Korea. *Plant Pathology Journal*, 32(5), 431–440. [/doi.org/10.5423/PPJ.OA.01.2016.0016](https://doi.org/10.5423/PPJ.OA.01.2016.0016)
- Laviola, B, G., Rosado, T. B., Bhering, L. L., Kobayashi, A. K. (2010) Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 45 (10): 1117–1123
- Lee, H. R., Kim, K. T., Kim, H. J., Han, J. H., Kim, J. H., Yeom, S. I., ... Kim, B. D. (2011). QTL analysis of fruit length using rRAMP, WRKY, and AFLP markers in

chili pepper. *Horticulture Environment and Biotechnology*, 52(6), 602–613.
<https://doi.org/10.1007/s13580-011-0002-2>

LIMA, R. D. (2015). O Complexo da Mancha-Bacteriana em *Capsicum* no Brasil: Espécies e sua sensibilidade ao cobre. BRASÍLIA.

Lima, M. F., Carvalho, S. I., Ragassi, C. F., Bianchetti, L. B., Faleiro, F. G., & Reifschneider, F. J. (2017). Characterization of a pepper collection (*Capsicum frutescens* L.) from Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 1-18.

Lin, C. H., Tsai, K. C., Prior, P., and Wang, J. F. 2014. Phylogenetic relationships and population structure of *Ralstonia solanacearum* isolated from diverse origin in Taiwan. *Plant Pathol.* 63(6), 1395–1403.
<https://doi.org/10.1111/ppa.1220963>.

Loizzo, M. R., Pugliese, A., Bonesi, M., Menichini, F., & Tundis, R. (2015). Evaluation of chemical profile and antioxidant activity of twenty cultivars from *Capsicum annuum*, *Capsicum baccatum*, *Capsicum chacoense* and *Capsicum chinense*: A comparison between fresh and processed peppers. *LWT - Food Science and Technology*, 64(2), 623–631.
<https://doi.org/10.1016/j.lwt.2015.06.042>

Maramba, F., Fininsa, C., Singh, H., Dessalegne, L., Andersson, A., Sigvald, R. (2010) Occurrence of aphid vector and genetic tolerance to infection by potyvirus in hot pepper. *Euphytica*, 172: 77-91

Marin, V. R., Ferrarezi, J. H., Vieira, G., & Sass, D. C. (2019). Recent advances in the biocontrol of *Xanthomonas* spp . *World Journal of Microbiology and Biotechnology*.

Martin, H. L., Hamilton, V. A., & and Kopittke, R. A. (2004). Copper tolerance in Australian populations of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* contributes to poor field control of bacterial spot of pepper. *Plant Dis.* , P 88:921-924.

Meckelmann SW, R. D. (2013). Compositional characterization of native *Peruvian chili peppers* (*Capsicum* spp.). *J Agric Food Chem*.

- Moreira, S. O., (2008), Reação à mancha bacteriana e desempenho agrônômico de linhas recombinadas de *Capsicum annuum* L. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 101p.
- Moreira, S. O., Rodrigues, R., Araujo, M. L., Riva-Souza, E. M., Oliveira, R. L. (2010) Desempenho agrônômico de linhas endogâmicas recombinadas de *Capsicum annuum* L. em sistema orgânico sob cultivo protegido. *Ciência e agrotecnologia*. 34: 886-891.
- Moreira, S. O., Rodrigues, R., Sudré, C. P., & Riva-Souza, E. M. (2015). Resistência à mancha-bacteriana e características agronômicas de linhas recombinadas de *Capsicum annuum* L. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 10(2), 198–204. <https://10.5039/agraria.v10i2a4075>
- Moretti, C., Amatulli, M.T., Buonauro, R. (2009). PCR-based assay for the detection of *Xanthomonas euvesicatoria* causing pepper and tomato bacterial spot. *Letters in Applied Microbiology*, 49:466–471
- Moscone, E. A., Scaldaferrro M. A., Grabiele, M., Cecchini, N. M., García, Y. S., Jarret, R., Daviña, J. R., Ducasse, D. A., Barboza, G. E., Ehrendorfer, F. (2007) The evolution of chili peppers (*Capsicum* – *Solanaceae*): a cytogenetic perspective. *Acta Horticulturae*, 745, 137-169.
- Moss, W. P., Byrne, J. M., Campbell, H. L., Ji, P., Bonas, U., Jones, J. B., & Wilson, M. (2007). Biological control of bacterial spot of tomato using *hrp* mutants of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. *Biological Control*, 199-206.
- Mulamba, N. N., & Mock, J. J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt Journal of Genetics and Cytology*., 7, 40–51.
- NEGRISOLI, R., Cechinatto, F. H., Bissoli, M. J., Rosestolato, L. L. R., & Sabbag, O. J. (2015). Viabilidade econômica no cultivo de minitomate sweet grape no município de Casa Branca-SP. *Enciclopédia Biosfera*, 11, 1932-1942.

- Neitzke, R. S., Barbieri, R. L., Vasconcelos, C. S., Priori, D., Fischer, S. Z., Götzke, M. L., Heiden, G. (2011). Diversity in *Capsicum* landraces cultivated in Brazil. *Acta Horticulturae*, 531-536.
- Nick, C., & Borém, A. (2016). Pimentão do Plantio a Colheita. Viçosa: UFV-Universidade Federal de Viçosa. p204
- Nunes, J. A., Ramalho, M. A., & Ferreira, D. F. (2008). Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. *Genetics and Molecular Biology*, 31(1): 73-78.
- Obradovic, A., Jones, J. B., Momol, M. T., Balogh, B., and Olson, S. M. (2004). Management of tomato bacterial spot in the field by foliar applications of bacteriophages and SAR 780.inducers. *Plant Disease*. 88, 736-740
- Oliveira, E. J., Fraife Filho, G, A., Freitas, J. P. X., Dantas, J. L. L., Resende, M. D. V. (2012) Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12: 191–198
- Oliveira, H. S. de, Rodrigues, R., Bento, C. dos S., Medeiros, A. M., Sudré, C. P., Couto, M. F., & Pio Viana, A. (2015). Towards a new strategy to breed an autogamous plant: A case of study in *Capsicum baccatum* var. *pendulum*. *Scientia Horticulturae*, 192(October), 279–286. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2015.06.017>
- Omolo MA, W. Z.-Z. (2014). Antimicrobial properties of chili peppers. . *J. Infect. Dis. Ther.*, 2: 145.
- Patterson, H. D., & Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58, 545–554.
- Paula, R. G., Paula, I. G., Carneiro, A. L., Salvador, F. V., Carneiro, J. E., & Carneiro, P. C. (2019). Selecting Common Bean Breeding Populations Via Mixed Models . *Bioscience Journal* , 409-418.
- Pereira, R.C., Araújo, E.R., Ferreira, M.A.S.V. e Quezado-Duval, A.M. (2011). Occurrence of *Xanthomonas* Species Causing Bacterial Spot in Fresh Market

Tomato Fields in Brazil. Acta Hort. 914, 61-64
DOI: 10.17660/ActaHortic.2011.914.8

- Pereira, T. B., Carvalho, J. P., Botelho, C. E., Resende, M. D., Rezende, J. C., & Mendes, A. N. (2013). Selection efficiency of F4 coffee progenies by mixed model methodology (REML/BLUP). *Bragantia*, 230-236.
- Pignati, W. A., Lima, F. A. N. de S. e, Lara, S. S. de, Correa, M. L. M., Barbosa, J. R., Leão, L. H. da C., & Pignatti, M. G. (2017). Distribuição espacial do uso de agrotóxicos no Brasil: uma ferramenta para a Vigilância em Saúde. *Ciência & Saúde Coletiva*, 22(10), 3281–3293. <https://doi.org/10.1590/1413-812320172210.17742017>
- Pimenta, S., (2015), ‘UENF carioca’ e ‘UENF carioquinha’: novas cultivares de pimenta (*Capsicum annum var. annum*) resistentes à mancha bacteriana. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 89p.
- 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, R.J.B. (2009) Introdução ao melhoramento genético de plantas. 2ª Edição. Maringá, Editora da UEM, 351p.
- Pontes, N. D. C., P, P. De, Golynski, A., P, P. De, Goiano, I. F., Maffia, A., Agropecu, D. P. (2016). Intervals and Number of Applications of *Acibenzolar-S-Methyl* for the Control of Bacterial Spot on Processing Tomato, 100(10). <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-15-1286-RE>
- Potnis, N., Minsavage, G., Smith, J., Hurlbert, J., Norman, R., Stall, R., & Jones, J. (2012). Avirulence proteins *AvrBs7* from *Xanthomonas gardneri* and *AvrBs1.1* from *Xanthomonas euvesicatoria* contribute to a novel gene-for-gene interaction in peppe. *Mol. Plant Microbe Interact* , 25(3):307-320.
- Potnis, N., Timilsina, S., Strayer, A., Shantharaj, D., Barak, J. D., Paret, M. L., Jones, J. B. (2015). Bacterial spot of tomato and pepper: Diverse *Xanthomonas*

- species with a wide variety of virulence factors posing a worldwide challenge. *Molecular Plant Pathology*, 16(9), 907–920. <https://doi.org/10.1111/mpp.12244>
- Pozzobon, M. T., Wittmann, M. T. S. Bianchetti, L. B. (2006). Chromosome numbers in wild and semidomesticated Brazilian *Capsicum* L. (Solanaceae) species: do $x = 12$ and $x = 13$ represent two evolutionary lines? *Botanical Journal of the Linnean Society* 151: 259–269.
- Purquerio, L. F. (2011). Hortaliças pequenas e saborosas (Small and tasty vegetables). *Horticultura Brasileira*.
- Quezado-Duval, A. M., & Camargo, L. E. A. (2004). Raças de *Xanthomonas* spp. associadas à mancha-bacteriana em tomate para processamento industrial no Brasil. *Horticultura Brasileira*, 22(2), 80–86. .1016/j.envsci.2017.07.016
- Ramalho, M. A. P., & Araújo, L. C. A. de. (2011). Breeding self-pollinated plants. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11(spe), 1–7. <https://doi.org/10.1590/s1984-70332011000500002>
- Ramalho, M. A., Carvalho, B. L., & Nunes, J. A. (2013). Perspectives for the Use of Quantitative Genetics in Breeding of Autogamous Plants. *ISRN Genetics*, 1-6.
- Rêgo, E. F. (2011). Genética e Melhoramento de Pimenteiras. Produção, Genética e Melhoramento de Pimentas. 117-136.
- Resende, M.D.V. (2000). Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, 101p.
- Resende, M.D.V. (2006). O Software Selegen-Reml/Blup, 305.
- Resende, Marcos Deon Vilela De. (2007). Matemática e Estatística Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético (1ª). Colombo, PR
- Resende, Marcos Deon Vilela De, Duarte, J. B., & de Resende, M. D. V. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37(3), 182–194. <https://doi.org/10.5216/pat.v37i3.1867>

- Resende, Marcos D.V., Ramalho, M. A. P., Guilherme, S. R., & de Abreu, Â. F. B. (2015). Multigeneration index in the Within - Progenies bulk method for breeding of Self-Pollinated plants. *Crop Science*, 55(3), 1202–1211. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.08.0580>
- Resende, Marcos Deon Vilela De. (2016). Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16(4), 330–339. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>
- Resende, Marcos D.V., Ramalho, M. A. P., Carneiro, P. C. S., Carneiro, J. E. S., Batista, L. G., & Gois, I. B. (2016). Selection index with parents, populations, progenies, and generations effects in autogamous plant breeding. *Crop Science*, 56(2), 530–546. [10.2135/cropsci2015.05.0303](https://doi.org/10.2135/cropsci2015.05.0303)
- Ritchie, D. F. (2000). Bacterial spot of pepper and tomato. *Plant Health Instruct*, 2000-1027-01.
- Riva, E. M., Rodrigues, R., Pereira, M. G., & Karasawa, C. P. (2004). Inheritance of bacterial spot disease in *Capsicum annuum* L. *Crop breeding and applied biotechnology*, 4:490-494.
- Riva, E.M. (2006). Uso dos métodos genealógico e *single seed descent* (SSD) para obtenção de linha de pimentão resistentes à mancha bacteriana. Tese (Doutorado em Produção Vegetal), Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 106p.
- Riva-Souza, E. M., Rodrigues, R., Sudré, C. P., Pereira, M. G., Bento, C. S., & Matta, F. P. (2009). Genetic parameters and selection for resistance to bacterial spot in recombinant F6 lines of *Capsicum annuum*. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9(2), 108–115.
- Rivera, A., Monteagudo, A. B., Igartua, E., Taboada, A., García-Ulloa, A., Pomar, F., Silvar, C. (2016). Assessing genetic and phenotypic diversity in pepper (*Capsicum annuum* L.) landraces from North-West Spain. *Scientia Horticulturae*, 1-11.

- Rocha, M., Pires, I. E., Xavier, A., Cruz, C. D., Rocha, R. B. (2006) Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E(QM). *Ciência Florestal*, 16 (4): 369–379
- Rocha, M.G.B.; Pires, I.E.; Rocha, R.B.; Xavier, A.; Cruz, C.D. (2007) Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos, utilizando REML/ BLUP e informação de divergência genética. *Revista Árvore*, Viçosa-MG, v.31, n.6, p.977-987.
- Rodrigues, R; Bento, C. S.; Pimenta, S.; Sudré, C.P. (2016). Melhoramento de Pimentão e Pimentas *In* : Carlos Nick e Aluizio Borém, *Melhoramento de Hortaliças*. ed. UFV, Viçosa, MG, p. 221-250
- Sabio, R. P., Ventura, M. B., & Campoli, S. S. (2013). Mini E “Baby” Frutas E Hortaliças. *Hortifruti Brasil*, 8–20.
- Sahin, F., Miller, S.A. (1998) Resistance in *Capsicum pubescens* to *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* Pepper Race 6. *Plant Disease*, 82:794-799.
- Sakata. (2018). <http://www.sakata.com.br/hortalicas/solanaceas/pimentao/lamuyo/mirella>.
- Santos, C. F. dos, Siqueira, E. S., Araújo, I. T. de, & Maia, Z. M. G. (2014). Agroecology as a Means of Sustainability for Family-Based Agriculture. *Ambiente & Sociedade*, 17(2), 33–52. <https://doi.org/10.1590/S1414-753X2014000200004>
- Santos, E. A., Viana, A. P., de Oliveira Freitas, J. C., Rodrigues, D. L., Tavares, R. F., Paiva, C. L., & Souza, M. M. (2015). Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. *Euphytica*, 204(1). <https://doi.org/10.1007/s10681-015-1367-6>
- Santos, P. R. dos, Preisigke, S. da C., Viana, A. P., Cavalcante, N. R., Sousa, C. M. B. de, & Amaral Júnior, A. T. de. (2017). Associations between vegetative and production traits in guava tree full-sib progenies. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 52(5), 303–310. [ht doi.org/10.1590/S0100-204X2017000500003](https://doi.org/10.1590/S0100-204X2017000500003)
- São Paulo, B. (2019). Secretaria da Agricultura e Abastecimento de São Paulo.

Retrieved from <http://hortibrasil.org.br/classificacao/pimentao/pimentao.html>
 acessado em Março de 2019.

- Schornack, S., Minsavage, G., Stall, R., Jones, J., & Lahaye, T. (2008). Characterization of *AvrHah1*, a novel *AvrBs3*-like effector from *Xanthomonas gardneri* with virulence and avirulence activity. . *New Phytol* 179:546-556., 179:546-556. .
- Schwartz, A. R., Timilsina, S., Wilson, M., Patane, J., & Martins, J. (2015). Phylogenomics of *Xanthomonas* field strains infecting pepper and tomato reveals diversity in effector repertoires and identifies determinants of host specificity. *Front. Microbiol.*, 6:535.
- Seminis. (2018). <http://www.seminis.com.br/Produtos/sv1634ph/469>.
- Shrestha, A., Kim, B. S., & Park, D. H. (2014). Biological control of bacterial spot disease and plant growth-promoting effects of lactic acid bacteria on pepper. *Biocontrol Science and Technology*, 24(7), 763–779. doi.org/10.1080/09583157.2014.89449 tree full-sib progênies. Pesquisa agropecuária brasileira, 62: 303310
- Shuh, D. M., & Fontenot, J. F. (1990). Gene Transfer of Multiple Flowers and Pubescent Leaf from *Capsicum chinense* into *Capsicum annuum* Backgrounds. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 115(3), 499–502. <https://doi.org/10.21273/jashs.115.3.499>
- Silva, L.R.A., R., Rosana, R., Pimenta, S., Correa, J. W. S., Araujo, M. S. B., Bento, C. S., & Sudré, C. P. (2017). Inheritance of bacterial spot disease in *Capsicum annuum* L. *Genetics and Molecular Research*, 16(2): 1-10 doi.org/10.4238/gmr16029631
- Silvar, C., & García-González, C. A. (2017). Screening old peppers (*Capsicum* spp.) for disease resistance and pungency-related traits. *Scientia Horticulturae*, 218, 249–257. <https://doi/10.1016/j.scienta.2017.02.037>
- Smith, A. B., Cullis, B. R., & Thompson, R. (2005). The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. *Journal of Agricultural Science*, 143(6), 449–462.

<https://doi.org/10.1017/S0021859605005587>

- Souza, M. M., de Lima e Silva, F. H., de Oliveira Freitas, J. C., Santos, E. A., Pio Viana, A., & Paiva, C. L. (2016). Sour passion fruit breeding: Strategy applied to individual selection in segregating population of *Passiflora* resistant to *Cowpea aphid-born mosaic virus* (CABMV). *Scientia Horticulturae*, 211, 241–247. [httpdoi.org/10.1016/j.scienta.2016.09.002](http://doi.org/10.1016/j.scienta.2016.09.002)
- 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. doi: <http://dx.doi.org/10.1146/annurev-phyto-080508-081752>
- Sudré, C.P. (2003) *Divergência genética e avaliação de resistência à mancha bacteriana em acessos de Capsicum spp.* Tese (Mestrado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 112p.
- Sudré, C. P., Gonçalves, L. S., Rodrigues, R., Do Amaral, A. T., Riva-Souza, E. M., & Bento, C. D. (2010). Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. *Genetics and Molecular Research*, 283-294.
- Suzuki, T., Fujiwake, H., & Iwai, K. (1980). Formation and Metabolism of Pungent Principle of Capsicum Fruits .5. Intracellular-Localization of Capsaicin and Its Analogs, Capsaicinoid, in Capsicum Fruit .1. Microscopic Investigation of the Structure of the Placenta of Capsicum- Annuum Var Annuum Cv . *Plant and Cell Physiology*, 839-853.
- Ticona-Benavente, C. A., & da Silva Filho, D. F. (2015). Comparison of BLUE and BLUP/REML in the selection of clones and families of potato (*Solanum tuberosum*). *Genetics and Molecular Research*, 14(4), 18421-18430.
- Timilsina, S., Kara, S., Jacques, M., Potnis, N., Minsavage, G., Vallad, G., Fischer-Le Saux, M. (2019). Reclassification of *Xanthomonas gardneri* (ex Šuti?c 1957) Jones cynarae Tr?ebaol et al. 2000 and description of *X. cynarae* pv. et al. 2006 as a later heterotypic synonym of *Xanthomonas cynarae* and *X. cynarae* pv.

gardneri based on whole genome analyses. *Int J Syst Evol Microbiol* , 69:343–349.

USDA. (2018). United States Department of Agriculture. Agricultural Research Service. National Nutrient Database for Standard Reference Legacy Release. Basic Report: 11821, Peppers, sweet, red, raw.

Van Lenteren, J. C., Bolckmans, K., Köhl, J., Ravensberg, W. J., & Urbaneja, A. (2018). Biological control using invertebrates and microorganisms: plenty of new opportunities. *BioControl*, 63(1), 39–59. <https://doi.org/10.1007/s10526-017-9801-4>

Viana, A. P., Resende, M, D. V. (2014) Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras, Interciência, Rio de Janeiro, 232p.

Wahyuni, Y., Ballester, A. R., Sudarmonowati, E., Bino, R. J., & Bovy, A. G. (2011). Metabolite biodiversity in pepper (*Capsicum*) fruits of thirty-two diverse accessions: Variation in health-related compounds and implications for breeding. *Phytochemistry*, 72(11-12), 1358-1370

Wahyuni Y, Ballester A. R., Sudarmonowati E., Bino R.J., Bovy A.G.(2013). Secondary metabolites of *Capsicum* species and their importance in the human diet. 76: 783–793.

Wang, D., & Bosland, P. W. (2006). The genes of *Capsicum*. *HortScience*, 41(5), 1169–1187.

WIERZBICKI, R. 2004. Identificação de raças de *Xanthomonas* spp. patogênicas a pimentão no estado de São Paulo. Dissertação (Mestrado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP, 62p.

Zygier S, Ben Chaim A, Efrati A, Kaluzky G, Borovsky Y, Paran I (2005) QTL mapping of fruit size and shape in chromosomes 2 and 4 in pepper and comparison of QTL maps with tomato. *Theor Appl Genet* 111:437–445