

ASSOCIAÇÃO DO MÉTODO GENEALÓGICO E MODELAGEM
MISTA NO MELHORAMENTO DE *Capsicum annuum* var. *annuum*
PARA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E ATRIBUTOS
PRODUTIVOS E MAPEAMENTO DE NOVOS GENES DE
RESISTÊNCIA À MANCHA BACTERIANA

MARIA DO SOCORRO BEZERRA DE ARAÚJO

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2020

ASSOCIAÇÃO DO MÉTODO GENEALÓGICO E MODELAGEM
MISTA NO MELHORAMENTO DE *Capsicum annuum* var. *annuum*
PARA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E ATRIBUTOS
PRODUTIVOS E MAPEAMENTO DE NOVOS GENES DE
RESISTÊNCIA À MANCHA BACTERIANA

MARIA DO SOCORRO BEZERRA DE ARAÚJO

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

Orientadora: Prof.^a Rosana Rodrigues

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2020

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

A663

Araújo, Maria do Socorro Bezerra de.

Associação do Método Genealógico e Modelagem Mista no Melhoramento de *Capsicum annuum* var. *annuum* para Resistência à Antracnose e Atributos Produtivos e Mapeamento de Novos Genes de Resistência à Mancha Bacteriana / Maria do Socorro Bezerra de Araújo. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

159 f. : il.

Bibliografia: 84 - 105.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2020.
Orientadora: Rosana Rodrigues.

1. *Colletotrichum*. 2. *Xanthomonas*. 3. Resistência recessiva. 4. REML/BLUP. 5. *Pedigree*. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

9

ASSOCIAÇÃO DO MÉTODO GENEALÓGICO E MODELAGEM
MISTA NO MELHORAMENTO DE *Capsicum annuum* var. *annuum*
PARA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E ATRIBUTOS
PRODUTIVOS E MAPEAMENTO DE NOVOS GENES DE
RESISTÊNCIA À MANCHA BACTERIANA

MARIA DO SOCORRO BEZERRA DE ARAÚJO

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

Aprovada em 17 de fevereiro de 2020.

Comissão Examinadora:



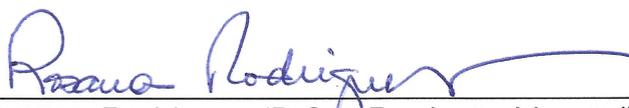
Prof.^a Leonarda Grillo Neves (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
UNEMAT



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



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



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

AGRADECIMENTOS

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (GMP), pela oportunidade concedida para realização do doutorado. E a todos os professores do Programa de GMP pela contribuição dada para minha formação.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo financiamento do projeto de pesquisa.

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

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) e pela concessão da bolsa de doutorado.

À Professora Rosana Rodrigues, pelo exemplo de liderança e competência profissional, orientação, incentivo e suporte para realização da pesquisa.

À *University of Florida* por me receber para realização do intercâmbio. E aos Professores Jeffrey Jones e Samuel Hutton e toda sua equipe, em especial Gerald Minsavage, Anuj Sharma, da *University of Florida* pelo acolhimento, orientação e todo o suporte para realização de parte dessa pesquisa.

Aos meus conselheiros e membros da comissão examinadora, professores Alexandre Pio Viana, Silvaldo Felipe da Silveira, Telma Nair Santana Pereira,

Leandro Simões Azeredo Gonçalves e Leonarda Grillo Neves pelas sugestões dadas para o aperfeiçoamento deste trabalho.

Ao secretário José Daniel, pelas instruções dadas para o cumprimento de assuntos burocráticos.

Aos técnicos de campo José Manoel, Enildo, João, Marquinhos, Jocimar e Alcimar por toda ajuda na condução dos experimentos.

Ao time do lab110, Cláudia Pombo, Gaspar, André, Jeferson, Ingrid, Samy, Cíntia, Elisangela, Fernando, Lougon, Rosimara, Roberta, Anderson, Karina, Sabrina, Thâmara, Lígia, Gabriel, Grazi, Paola, Eduardo, Laila, Melissa, Paula e Guilherme pela ajuda na condução da pesquisa, troca de experiências e amizade.

À Cláudia Pombo, mais uma vez, por ser tão magnífica e por desempenhar múltiplas funções para com aqueles que estão a sua volta. MUITÍSSIMO obrigada!

Aos colegas Radionor, Val, Ana Maria, Jéssica, Cristina, Rosa, entre outras, pelo auxílio na limpeza de toda a sujeira deixada no laboratório, principalmente, após as vindas do campo.

A todas as pessoas que contribuíram direta ou indiretamente para este trabalho, deixo meu sincero agradecimento.

SUMÁRIO

RESUMO.....	xii
ABSTRACT.....	xiv
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo geral.....	4
2.2. Objetivos específicos	4
3. CAPÍTULOS	6
3.1. ASSOCIAÇÃO DO MÉTODO GENEALÓGICO E MODELAGEM MISTA NO MELHORAMENTO DE <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i> PARA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E ATRIBUTOS PRODUTIVOS	6
3.1.1. INTRODUÇÃO.....	6
3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA	9
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS.....	22
3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	33
3.1.5. CONCLUSÕES.....	54
3.2. MAPEAMENTO DE GENES DE RESISTÊNCIA ASSOCIADOS À MANCHA BACTERIANA EM PIMENTÃO	55
3.2.1. INTRODUÇÃO.....	55
3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA	57
3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS.....	61
3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	67

3.2.5. CONCLUSÕES	83
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	84
APENDICE A.....	107
APENDICE B	125

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Espécies de <i>Colletotrichum</i> spp. associadas à antracnose em <i>Capsicum</i> spp. no mundo e no Brasil.....	14
Figura 2. Valores diários de temperatura máxima média (°C), temperatura compensada média (°C), temperatura mínima média (°C) e precipitação total (mm) observados durante os meses de janeiro a setembro de 2017 (Experimento 1) de abril a novembro de 2018 (Experimento 2).	23
Figura 3. Programa de melhoramento de <i>C. annuum</i> var. <i>annuum</i> visando resistência à antracnose nos frutos, conduzido pelo método genealógico.	25
Figura 4. Ensaio com 94 progênies F _{2:3} de <i>C. annuum</i> var. <i>annuum</i> , conduzido de janeiro a setembro de 2017 na Estação Experimental do CEPAAR/PESAGRO-RIO.	26
Figura 5. Ensaio com 105 progênies F _{3:4} de <i>C. annuum</i> var. <i>annuum</i> , conduzido de março a novembro de 2018 na Estação Experimental do CEPAAR/PESAGRO-RIO.	28
Figura 6. Etapas do processamento (A, B e C) e análises (D) de imagens de frutos de <i>C. annuum</i> utilizando o software <i>ImageJ</i>	29
Figura 7. Distribuição de frequência das 94 progênies F _{2:3} e testemunhas em relação aos fenótipos observados para variáveis relativas à antracnose em frutos imaturos, morfologia dos frutos e produção.	37

Figura 8. Sintoma de antracnose em frutos dos acessos UENF 2285 (A) e UENF 1381 (B) e progênie F _{2:3} #313 (C) no sétimo dia após a inoculação com <i>C. scovillei</i>	38
Figura 9. Diagramas de dispersão que mostram a distribuição dos valores fenotípicos observados, efeitos genéticos aditivos (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganhos genéticos e novas médias preditas para seis variáveis nas 150 plantas F _{2:3} superiores.	42
Figura 10. Valores fenotípicos individuais para severidade da antracnose no fruto imaturo e para comprimento, diâmetro e espessura do pericarpo do fruto observados nas 150 plantas F _{2:3} selecionadas e nas testemunhas UENF 1381 e UENF 2285 (ECW).	43
Figura 11. Ilustração da variação morfológica de frutos de algumas plantas F _{2:3} que apresentaram estimativas negativas de ganhos genéticos para curva de progresso da antracnose.	45
Figura 12. Distribuição de frequência das 105 progênies F _{3:4} e testemunhas em relação aos fenótipos observados para variáveis relativas à antracnose em frutos imaturos, morfologia dos frutos e produção.	48
Figura 13. Médias fenotípicas observadas para as variáveis comprimento (CMF), diâmetro (DMF), espessura média do pericarpo do fruto (EPF), massa média de frutos (MMF), período de incubação (PI), período latente (PL) e área abaixo da curva de progresso da doença em frutos nos estádios imaturo (AACPI) em 94 progênies F _{2:3} , 105 progênies F _{3:4} e nas testemunhas.	50
Figura 14. Diagramas de dispersão com a distribuição dos valores fenotípicos observados, efeitos genéticos aditivos (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganhos genéticos e novas médias preditas para nove variáveis nas 100 plantas F _{3:4} mais bem ranqueadas pelo índice de Mulamba e Mock com pesos econômicos.	52
Figura 15. Fenótipo para a severidade de antracnose em frutos de plantas F _{3:4} no sétimo dia após a inoculação com <i>C. scovillei</i>	53
Figura 16. Etapas do programa de melhoramento para desenvolvimento de isolinhas de pimentão visando o estudo de novos genes de resistência a <i>X. euvesicatoria</i> (raça P6) e <i>X. gardneri</i> (raça P3).	62

Figura 17. Metodologia empregada para avaliar a população de <i>X. euvesicatoria</i> e <i>X. gardneri</i> em linhas recombinantes F _{2:5} e acessos UENF 2285 e UENF 1381. .64	64
Figura 18. Escala de notas para avaliação da severidade da mancha bacteriana foliar em <i>C. annuum</i> var. <i>annuum</i>65	65
Figura 19. Populações bacterianas e severidade da mancha bacteriana em plantas dos parentais UENF 2285 (suscetível) e UENF 1381 (resistente) e F _{2:5} (1 - 12), aos sete dias após inoculações (7DAI) com <i>X. euvesicatoria</i> e <i>X. gardneri</i> na concentração de 10 ⁵ UFC.mL ⁻¹68	68
Figura 20. Distribuição fenotípica das plantas F ₂ do segundo e terceiro retrocruzamentos. A) Severidade observada para cada cepa de <i>X. euvesicatoria</i> e <i>X. gardneri</i> e B) Classes fenotípicas para reação simultânea às duas espécies de bactérias.....71	71
Figura 21. Ajuste das variantes estruturais nos 12 cromossomos de <i>C. annuum</i> var. <i>annuum</i> . Picos que tocam e/ou ultrapassam a linha +/- 0,6 indicam regiões genômicas associadas ao controle da mancha bacteriana.74	74
Figura 22. Cromossomo 6. A) proporção da frequência de alelos entre os <i>bulks</i> RS e SS e SNPs provavelmente ligados a genes R para <i>X. euvesicatoria</i> e B) frequência de alelos de referência nos <i>bulks</i> RS (pontos azuis) e SS (pontos vermelhos).75	75
Figura 23. Cromossomo 6. A) proporção da frequência de alelos entre os <i>bulks</i> RR e SS e SNPs provavelmente ligados a genes R para <i>X. euvesicatoria</i> e <i>X. gardneri</i> e B) frequência de alelos de referência nos <i>bulks</i> RR (pontos azuis) e SS (pontos vermelhos).76	76
Figura 24. Cromossomo 6. A) proporção da frequência de alelos entre os <i>bulks</i> RR e RS e SNPs provavelmente ligados a genes R para <i>X. gardneri</i> e B) frequência de alelos de referência nos <i>bulks</i> RR (pontos azuis) e RS (pontos vermelhos).....77	77
Figura 25. Géis de agarose (2%) indicando polimorfismo para marcadores do gene <i>bs6</i> em plantas do acesso UENF 1381 (1), UENF 2285 (2), F ₁ (3) e F ₂ RC ₂ dos <i>bulks</i> RR (resistente para <i>Xe</i> e <i>Xg</i>), SS (suscetível para <i>Xe</i> e <i>Xg</i>) e RS (resistente a <i>Xe</i> e suscetível a <i>Xg</i>).....78	78
Figura 26. Contagem de populações bacterianas e sintomas da severidade de <i>X. euvesicatoria</i> raça P6 e <i>X. gardneri</i> em folhas dos genótipos UENF 2285 (ECW),	

UENF 1381, ECW60R (gene *bs6*) e 969 (controle resistente) inoculadas com suspensões bacterianas na concentração de 10^5 UFC.mL⁻¹.80

Figura 27. Resultado da fenotipagem via escala de notas¹ de severidade e genotipagem² dos parentais UENF 2285 (ECW) e UENF 1381, e plantas F₁ e F₂ do segundo retrocruzamento com marcadores para *loci* no cromossomo 6 associados à resistência à mancha bacteriana.....81

Figura 28. Contagem de populações de *X. gardneri* em plantas dos parentais UENF 2285 (ECW), UENF 1381 e três plantas F_{2:3} derivadas da planta 18F₂RC₁₂ inoculadas com suspensão bacteriana na concentração de 10^5 UFC.mL⁻¹82

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Análises química e física do solo das áreas dos experimentos para avanço das gerações F_{2:3} e F_{3:4} de *C. annuum* var. *annuum*.24
- Tabela 2.** Escala de notas para avaliação da severidade dos sintomas de antracnose em frutos de *Capsicum* spp.....31
- Tabela 3.** Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados para período de incubação (PI), período latente (PL) e área abaixo da curva de progresso da doença em frutos nos estádios imaturo (AACPDI) e maduro (AACPDM), comprimento médio de fruto (CMF), diâmetro médio de fruto (DMF), espessura média do pericarpo do fruto (EPF), massa fresca total de frutos (MFT), massa fresca média de frutos (MMF) e número total de frutos por planta (NTP), em 94 progênes F_{2:3} de *C. annuum* var. *annuum*.....36
- Tabela 4.** Matriz de correlação de Pearson baseada nos valores genéticos aditivos preditos das variáveis período de incubação (PI), período latente (PL) e área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) em frutos imaturos, comprimento médio do fruto (CMF) diâmetro médio do fruto (DMF) e espessura média do pericarpo (EPF) para as 150 plantas selecionadas.46
- Tabela 5.** Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados para período de incubação (PI), período latente (PL) e área abaixo da curva de progresso da doença em frutos nos estádios imaturo (AACPD), comprimento médio de fruto (CMF), diâmetro médio de fruto (DMF), espessura média do pericarpo do fruto

(EPF), massa fresca total de frutos (MFT), massa média de fruto (MMF) e número total de frutos por planta (NTP), em 105 progênies F_{3:4} de *C. annuum* var. *annuum*.
.....47

RESUMO

ARAÚJO, Maria do Socorro Bezerra de; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro, 2020. Associação do Método Genealógico e Modelagem Mista no Melhoramento de *Capsicum annuum* var. *annuum* para Resistência à Antracnose e atributos produtivos e Mapeamento de Novos Genes de Resistência à Mancha Bacteriana; Orientadora: Rosana Rodrigues; Conselheiros: Alexandre Pio Viana, Silvaldo Felipe da Silveira e Telma Nair Santana Pereira.

A coevolução planta-patógeno é um desafio para os melhoristas. O melhoramento clássico aliado a técnicas de genética molecular e estatística mais refinadas colocam o melhorista a um passo à frente na obtenção de genótipos resistentes. Este trabalho está dividido em dois capítulos, nos quais são discutidas duas importantes doenças que afetam o gênero *Capsicum*: antracnose nos frutos e mancha bacteriana. O primeiro capítulo teve como objetivo avançar as gerações F_{2:3} e F_{3:4} de *C. annuum* e identificar linhas com resistência à antracnose via associação do método genealógico e modelos lineares mistos. No primeiro experimento foram avaliadas 94 progênies F_{2:3} e testemunhas UENF 2285 (pimentão suscetível) e UENF 1381 (pimenta resistente), cada progênie composta por 16 plantas. No segundo experimento foram avaliadas 105 progênies F_{3:4} e as testemunhas, cada progênie composta por 10 plantas. As variáveis avaliadas foram comprimento, diâmetro e espessura do pericarpo do fruto, massa fresca total, massa média de frutos, número de frutos por planta, período de incubação e latente e área abaixo da curva de progresso da doença. Utilizou-se o isolado 8.1 de *Colletotrichum*

scovillei para avaliação da doença. Componentes de variância, parâmetros genéticos, valores genéticos das progênes e ganho com a seleção foram estimados via REML/BLUP e a seleção foi feita pelo índice de Mulamba e Mock. Os valores de h^2_{mp} foram altas e refletiram em acurácias seletivas muito altas. Em $F_{2:3}$, as magnitudes de h^2_{ad} foram moderadas e de 150 plantas foram selecionadas com base nos valores genéticos aditivos. Em $F_{3:4}$ houve predominância de efeitos genéticos sobre efeitos residuais para a maioria das variáveis. A variação genotípica para AACPD estava sob controle genético aditivo e alta h^2_a foi observada. Cem plantas com níveis ótimos de resistência à antracnose foram selecionadas. No segundo capítulo investigou-se novos genes de resistência no acesso UENF 1381 associados à mancha bacteriana. Uma população F_2RC_{12} com 120 plantas, derivada do cruzamento UENF 2285 (recorrente) x UENF 1381 (doador), foi avaliada quanto à resistência a *Xanthomonas euvesicatoria* e *X. gardneri*. O sequenciamento genômico foi realizado em 48 plantas RC_2F_2 (resistentes e suscetíveis). A planta RC_2F_{12} mais resistente à mancha bacteriana foi retrocruzada com UENF 2285. Análises comparativas entre o genoma sequenciado e o genoma de referência da variedade *Criollo de Morelos-334* ('*CM334*') foram efetuadas. Iniciadores para flanquear as regiões-alvos identificadas foram desenhados e, assim como iniciadores para o gene *bs6* foram testados na população via *Polymerase chain reaction*. O gene *bs6* contribui parcialmente para a resistência à mancha bacteriana observada no parental UENF 1381. Os genes de resistência a *X. euvesicatoria* e *X. gardneri* no acesso UENF 1381 estão localizados em três regiões do cromossomo 6. O nível de resistência à *X. gardneri* observado na população derivada do acesso UENF 1381 é superior ao nível de resistência conferida exclusivamente pelo gene *bs6*. Há novos genes conferindo maior resistência à mancha bacteriana no acesso UENF 1381.

Palavras-chave: *Colletotrichum*, REML/BLUP, *Pedigree*, *Xanthomonas*.

ABSTRACT

ARAÚJO, Maria do Socorro Bezerra de; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; February, 2020. Association of Pedigree Method and Mixed Modeling for Breeding Anthracnose Resistance and Yield Traits in *Capsicum annuum* var. *annuum* and Mapping of New Bacterial Spot Resistance Genes; Advisor: Rosana Rodrigues; Committee members: Alexandre Pio Viana, Silvaldo Felipe da Silveira e Telma Nair Santana Pereira.

Plant-pathogen coevolution is a challenge for breeders. Classical breeding combined with more refined molecular genetics and statistical techniques puts the breeder one step ahead in obtaining resistant genotypes. This work is divided into two chapters, in which two important diseases that affect the genus *Capsicum* are discussed: anthracnose and bacterial spot. The first chapter aimed to advance the F_{2:3} and F_{3:4} generations of *C. annuum* and to identify resistant lines to anthracnose disease through the association of the pedigree method and mixed linear models. In the first experiment, 94 F_{2:3} progenies and two controls, UENF 2285 (susceptible bell pepper) and UENF 1381 (resistant pepper), were evaluated. Each progeny was composed of 16 plants. In the second experiment, 105 F_{3:4} progenies and the controls were evaluated. Each progeny included 10 plants. The variables evaluated were fruit length, fruit diameter and pericarp thickness, total fresh weight, average fruit weight, fruit number per plant, incubation period, latent period, and area under the disease progress curve. *Colletotrichum scovillei* 8.1 isolate was used to assess the disease. Variance components, genetic parameters, breeding values of the progenies, and selection gain were estimated via REML/BLUP and the selection

was made using the Mulamba and Mock index. The h^2_{mp} values were high and reflected in remarkably high selective accuracy. In $F_{2:3}$ generation, the magnitudes of h^2_{ad} were moderate and 150 plants were selected based on the additive genetic values. In $F_{3:4}$ generation there was a predominance of genetic effects over residual effects for most variables. The genotypic variation for AUDPC was under additive genetic control and high h^2_a was observed. One hundred plants with desirable levels of anthracnose resistance were selected. In the second chapter, we investigated new resistance genes in the UENF 1381 access associated with the bacterial spot. A $BC_{12}F_2$ population with 120 plants, derived from the crossing between UENF 2285 (recurrent) and UENF 1381 (donor), was evaluated for resistance to *Xanthomonas euvesicatoria* and *X. gardneri*. Genomic sequencing was performed by bulked segregant analysis including 48 $BC_{12}F_2$ (resistant and susceptible segregating pools). The $BC_{12}F_2$ plant most resistant to bacterial spot was backcrossed with UENF 2285. Comparative analyzes between the sequenced genome and the reference genome of the *Criollo de Morelos-334* ('*CM334*') variety were performed. Primers to flank the identified target regions were made and, just like primers for the *bs6* gene, were tested in the population through the polymerase chain reaction method. The *bs6* gene somewhat contributes to the resistance to bacterial spot observed in the UENF 1381 parent. The resistance genes to *X. euvesicatoria* and *X. gardneri* in UENF 1381 accession are in three regions on chromosome 6. The level of resistance to *X. gardneri* observed in the population derived from the UENF 1381 accession is higher than the level of resistance conferred exclusively by the *bs6* gene. There are new genes conferring greater resistance to the bacterial spot in the UENF 1381 accession.

Keywords: *Colletotrichum*, REML/BLUP, *Pedigree*, *Xanthomonas*.

1. INTRODUÇÃO

As plantas do gênero *Capsicum*, pimentas e pimentões, estão entre as culturas hortícolas mais importantes do mundo. Os frutos desse gênero são considerados uma excelente fonte de metabólitos com potenciais propriedades promotoras de saúde, ricos em minerais, capsaicinóides, compostos fenólicos, carotenóides, vitaminas C e E (Baenas, Belović, Ilic, Moreno, & García-Viguera, 2019; Mendes & Gonçalves, 2020). Além da grande importância nutricional e farmacológica, o agronegócio de *Capsicum* tem expressiva relevância socioeconômica por agregar emprego e renda para pequenos agricultores e suas famílias (Pinto, dos Santos, de Araujo, & da Silva, 2016).

As plantações de *Capsicum* são acometidas por muitas moléstias de etiologia viral, bacteriana e fúngica (Pinto et al., 2016), as quais tendem a impactar negativamente no rendimento da cultura. Duas importantes doenças que contribuem para tais circunstâncias são a antracnose, causada por fungos *Colletotrichum* spp., e a mancha bacteriana provocada por bactérias do gênero *Xanthomonas* spp.

Os fungos *Colletotrichum* spp. representam um dos gêneros de fungos fitopatogênicos mais comuns e importantes em todo o mundo (Dean et al., 2012), com maior representatividade em regiões tropicais e subtropicais em decorrência das condições ambientais, clima quente e úmido, favoráveis ao desenvolvimento da doença (Amrita Saxena, Raghuwanshi, Gupta, & Singh, 2016). Os danos associados à antracnose podem ocorrer em qualquer fase fenológica da planta,

porém, devido à capacidade do patógeno de desenvolver um estilo de vida latente ou queicente nos tecidos infectados do fruto, maior severidade da doença e prejuízos econômicos ocorrem, principalmente, na fase pós-colheita (Silva et al., 2014; Ali et al., 2016; De Silva et al., 2017; Mongkolporn and Taylor, 2018).

A maior importância da antracnose deve-se às lesões nos frutos porque causam redução na qualidade tornando-os inaptos à comercialização e no rendimento final da cultura, porém, os fungos *Colletotrichum* spp. podem infectar todos os órgãos aéreos da planta (Amrita Saxena et al., 2016). A antracnose no campo é mais frequentemente observada durante os períodos chuvosos (Mongkolporn & Taylor, 2018) e a intensidade e severidade da doença variam conforme a composição genética das cultivares cultivadas que, comumente, são suscetíveis ou parcialmente resistentes ao fungo (Kanto et al., 2014; Diao et al., 2017; De Silva et al., 2017; Oo et al., 2017; De Silva et al., 2019; Khalimi et al., 2019; Padilha et al., 2019). Até o momento não existem cultivares de *C. annuum* var. *annuum* resistentes à antracnose disponíveis para a comercialização.

Para a mancha bacteriana quatro espécies do gênero *Xanthomonas* são associadas às culturas do pimentão, pimentas e tomate: *X. euvesicatoria*, *X. vesicatoria*, *X. perforans* e *X. gardneri* (Jones et al., 2004). A doença é um problema associado aos cultivos sob condições quente e úmida que resultam em perdas substanciais de rendimento. Lesões necróticas, angulares, com coloração de marrom escuro a preto e com aspecto encharcado a oleoso, podem ocorrer nas folhas, caules, flores e frutos. As lesões primárias coalescem, convertendo-se em necrose extensa e aparência clorótica. O desfolhamento e queda de flores e frutos frequentemente ocorre em cultivos no campo com predomínio do patógeno (Potnis et al., 2015a).

A mancha bacteriana em cultivos de pimentão de diferentes regiões do Brasil tem sido provocada, majoritariamente, por cepas de *X. euvesicatoria* (Areas et al., 2015), as quais têm evidenciado resistência para sulfatos de cobre e zinco (Areas et al., 2018). Múltiplas aplicações de bactericidas, como antibióticos e compostos à base de cobre, tem sido o método de manejo tradicionalmente empregado para as manchas bacterianas e outras fitobacterioses e, devido ao uso excessivo dos mesmos componentes químicos (cobre, estreptomicina, etc.), o rápido surgimento de cepas resistentes a estes tornou-se comum (Jeffrey B. Jones et al., 2012; Rekanovic et al., 2019; Šević et al., 2019).

Estes patógenos têm a capacidade de evoluir rapidamente, gerando uma ampla variabilidade nas populações de *Xanthomonas* spp. que, conseqüentemente, promovem à resistência das raças ao controle químico e também, a quebra da resistência do hospedeiro (Stall, Jones e Minsavage, 2009). Os programas de melhoramento têm como foco o controle da mancha bacteriana através da resistência genética do hospedeiro e, continuamente, têm buscado desenvolver cultivares com genes de resistência que confirmam durabilidade no campo. Para isto, os esforços das pesquisas envolvem a piramidação dos genes de resistência já conhecidos, bem como a identificação de novas fontes de resistência (Wente et al., 2018).

Desenvolver materiais superiores para as características de resistências e outros atributos agronômicos requer o uso de diferentes estratégias e técnicas facilitadoras do processo de seleção. Neste trabalho serão apresentadas duas abordagens visando o melhoramento de pimentas e pimentões. A primeira refere-se ao avanço de linhas segregantes por um método de melhoramento clássico, o genealógico, utilizando os modelos lineares mistos como metodologia para prever os valores genéticos das linhas e praticar a seleção para características morfoagronômicas e de resistência à antracnose. A segunda abordagem refere-se à investigação de novos genes de resistência à mancha bacteriana em *Capsicum annuum* var. *annuum* a partir da condução de gerações segregantes pelo método de retrocruzamento em combinação com o sequenciamento genômico de grupos segregantes.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Selecionar linhas recombinantes de pimenta e pimentão resistentes à antracnose no fruto causada por *Colletotrichum scovillei* para dar prosseguimento ao programa de melhoramento e investigar o genoma de plantas segregantes derivadas do acesso UENF 1381 para identificação de novos genes de resistência para mancha bacteriana causada por *X. euvesicatoria* e *X. gardneri*.

2.2. Objetivos específicos

Avançar duas gerações segregantes de *C. annuum* var. *annuum*, F_{2:3} e F_{3:4}, pelo método genealógico e fenotipar e selecionar plantas de pimenta e pimentão com superioridade em resistência à antracnose no fruto e atributos produtivos;

Estimar componentes de variância e parâmetros genéticos via metodologia *Restricted Maximum Likelihood* e predizer os valores genéticos aditivos pelo *Best Linear Unbiased Predictor* para variáveis morfoagronômicas e reação à antracnose em frutos de progênies de pimenta e pimentão, nas duas gerações segregantes;

Conduzir um estudo genômico em população segregante F₂:RC₁₂ derivada do acesso UENF 2285 (recorrente) e UENF 1381 (doador) para localizar regiões em que se encontram os genes que controlam a característica de resistência/suscetibilidade para *X. euvesicatoria* e *X. gardneri*;

Desenvolver marcadores moleculares e genotipar as gerações segregantes F₂RC₁₂ e F₂RC₁₃ para restringir as regiões contendo os genes de resistência e realizar a seleção assistida por marcadores para dar continuidade ao programa de desenvolvimento isolinhas.

3. CAPÍTULOS

3.1. ASSOCIAÇÃO DO MÉTODO GENEALÓGICO E MODELAGEM MISTA NO MELHORAMENTO DE *Capsicum annuum* var. *annuum* PARA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E ATRIBUTOS PRODUTIVOS

3.1.1. INTRODUÇÃO

O Brasil tem se destacado globalmente como um dos maiores consumidores de agrotóxicos (Pignati et al., 2017; Sharma et al., 2019). O pimentão, conforme relatórios da agência brasileira de vigilância sanitária (ANVISA - *Agência Nacional de Vigilância Sanitária*), está no topo da lista de produtos agrícolas com irregularidades associadas ao uso de pesticidas. Nas últimas duas décadas, a maior parte das amostras de pimentão testadas pela ANVISA, apresentaram níveis residuais de pesticidas superiores aos limites máximos permitidos, e elevado número de pesticidas não autorizados para uso na cultura foram também detectados (Jardim, Brito, van Donkersgoed, Boon, & Caldas, 2018; Jardim & Caldas, 2012; Machado & Santos, 2017). Este problema pode ser compreendido sob múltiplas perspectivas, no entanto, é prudente considerar que, o produtor de pimentão no Brasil depara-se não apenas com o baixo suporte fitossanitário para a cultura, mas também com a escassez de cultivares resistentes

e/ou tolerantes aos estresses bióticos e abióticos intrínsecos às condições edafoclimáticas do país.

As plantações de pimentão são acometidas por muitas moléstias de etiologia viral, bacteriana e fúngica (Pinto et al., 2016), que tendem a impactar negativamente no rendimento da cultura. Inserida neste contexto, está a antracnose causada por *Colletotrichum* spp., o oitavo gênero de fungos fitopatogênicos de maior importância científica e econômica (Dean et al., 2012). A gama de hospedeiros destes fungos é ampla, incluindo mais de 3.200 espécies de plantas monocotiledôneas e dicotiledôneas (O'Connell et al., 2012), sendo quase todas as plantas cultivadas passíveis à infecção por uma ou mais espécies de *Colletotrichum* (Dean et al., 2012). Estudos filogenéticos destes fungos indicam cerca de 190 espécies (Jayawardena et al., 2016; Marin-Felix et al., 2017), subdivididas em onze complexos de espécies, os quais são: *caudatum* (8 espécies), *graminicola* (14), *spaethianum* (9), *destructivum* (15), *acutatum* (34), *dematium* (11), *gigasporum* (6), *gloeosporioides* (38), *boninense* (19), *truncatum* (3) e *orbiculare* (8), e 24 espécies *singletons* (Marin-Felix et al., 2017).

Em termos globais, a antracnose em *Capsicum* spp. tem sido associada, principalmente, às espécies *C. scovillei* (complexo *acutatum*), *C. truncatum* (complexo *truncatum*) e *C. siamense* (complexo *gloeosporioides*) (Mongkolporn & Taylor, 2018). *C. scovillei* é uma espécie com alta ocorrência em muitos países da Ásia (Dilani D. de Silva et al., 2019; Kanto et al., 2014; Khalimi et al., 2019; Noor & Zakaria, 2018; Oo et al., 2017), cujos isolados tem evidenciado ser altamente agressivos em frutos de *C. annum*, superando quase todas as demais espécies (Dilani D. de Silva et al., 2019). No Brasil, *C. scovillei* é a espécie predominante nos campos de produção de *Capsicum* spp., seguida por *C. siamense*, *C. brevisporum* e *C. truncatum* (Almeida, 2015; Silva et al., 2017). No mínimo 12 espécies de *Colletotrichum* são patogênicas em *Capsicum* spp. no Brasil (Tozze Jr. et al., 2009; Caires et al., 2014; Almeida, 2015; Lima et al., 2015; Almeida et al., 2017; Oliveira et al., 2017; Silva et al., 2017), o que reforça a importância e complexidade deste patossistema.

Embora existam várias medidas de manejo recomendadas para prevenção/controle das doenças em plantas, o controle químico é o mais amplamente empregado para a antracnose nos cultivos de pimentão e pimentas (Ali et al., 2016; Gao et al., 2018). Na Coreia, agricultores realizam de 10 a 19

aplicações de pesticidas em um único ciclo de cultivo das plantas (Kim e Yun, 2013). A dificuldade em controlar a antracnose no campo, está intimamente relacionada à variabilidade dos patógenos e ao aumento da resistência das populações de patógenos aos fungicidas extensivamente aplicados (Rao e Nandineni, 2017). A seleção e utilização de cultivares resistentes constitui uma estratégia alternativa para o manejo integrado de pragas bastante eficaz para a redução do uso de agrotóxicos e que assegura rendimentos significativos da cultura (Lamichhane et al., 2016).

Para o patossistema *Capsicum-Colletotrichum* não existem cultivares de *C. annuum* var. *annuum* mostrando níveis satisfatórios de resistência à antracnose (Mongkolporn e Taylor, 2018). A alta variabilidade inter e intraespecífica do patógeno, associada ao controle poligênico das características de resistência tem dificultado o melhoramento genético no sentido de obter cultivares com resistência estável e de amplo espectro (Dean et al., 2012; Sun et al., 2015; Mahasuk et al., 2016; Haralayya e Asha, 2017; Mongkolporn e Taylor, 2018).

Fontes de resistência para diferentes espécies de *Colletotrichum* foram identificadas no germoplasma de *Capsicum*, no entanto, nenhuma destas pertence à espécie de maior importância econômica, que é *C. annuum* var. *annuum* (Mahasuk et al., 2009, 2016; Ridzuan et al., 2018; Silva et al., 2014). Pesquisadores do programa de melhoramento de *Capsicum* da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) identificaram uma fonte de resistência pertencente à *C. annuum* var. *annuum* (Bento et al., 2017) e começaram um programa de melhoramento baseado no acesso UENF 1381 (Geronimo, 2018; Silva et al., 2017), o qual apresenta resistência não somente à antracnose, mas também à mancha bacteriana - incluindo várias raças patogênicas dentro das quatro espécies de *Xanthomonas* associadas a *Capsicum* spp. (Silva, 2018) - e ao *Pepper Yellow Mosaic Virus* (Bento et al., 2017).

O sucesso de programas de melhoramento de plantas, especialmente em espécies autógamas, está intrinsecamente relacionado à adoção de métodos de condução de populações segregantes que permitam aproveitar adequadamente a variabilidade genética liberada ao longo das gerações de avanço e, principalmente, o uso de procedimentos de seleção eficientes que possibilitem explorar as informações disponíveis no momento da avaliação das progênies (Nunes, Moreto, e Ramalho, 2008).

O método REML / BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Predictor*) é um procedimento ideal de avaliação genotípica que seguramente lida com o desbalanceamento, levando a estimativas e previsões mais precisas de parâmetros genéticos e valores genéticos, respectivamente. O BLUP utiliza todos os efeitos do modelo estatístico, contorna o desbalanceamento, considera o parentesco genético entre as plantas avaliadas e a coincidência entre as unidades de seleção e recombinação (Resende, 2016).

O objetivo deste trabalho consiste em selecionar plantas resistentes à antracnose no fruto causada por *C. scovillei* e com superioridade para atributos produtivos, para dar prosseguimento ao programa de melhoramento almejando obter linhagens de pimenta e pimentão. Nesta pesquisa são apresentados os componentes de variância e parâmetros genéticos estimados via REML e previsão de valores genéticos estimados pelo BLUP para variáveis morfoagronômicas e reação à antracnose em frutos de progênies de pimenta e pimentão, de duas gerações segregantes, conduzidas pelo método genealógico.

3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.1.2.1. Origem e domesticação das pimentas e pimentões

A importância econômica do gênero *Capsicum* deve-se às espécies *Capsicum annuum* L., *Capsicum chinense* Jacq., *Capsicum frutescens* L., *Capsicum baccatum* L. e *Capsicum pubescens* Ruiz e Pavon, as quais foram domesticadas pelos nativos americanos em eventos independentes nos diferentes centros primários de diversidade (Andrews, 1995; Moscone et al., 2007; Perry et al., 2007; van Zonneveld et al., 2015).

Com base numa combinação de evidências arqueológicas, análises genéticas e distribuições de plantas, pesquisadores sugeriram que *C. annuum* foi inicialmente domesticado no México ou no Norte da América Central, *C. frutescens* no América Central ou Bacia Amazônica, *C. baccatum* em planície da Bolívia, *C. chinense* no Norte da planície Amazônia e *C. pubescens* na região central dos

Andes (Eshbaugh et al., 1983; Pickersgill, 1986; Perry et al., 2007; Moses et al., 2014; Kraft et al., 2014; van Zonneveld et al., 2015).

Posteriormente, estas espécies foram introduzidas na Espanha, especialmente espécies do complexo *C. annum*, e expandiram-se pela Europa, Ásia e África, por meio dos navegadores espanhóis e portugueses, no final do século XV, e pela dispersão de sementes realizadas por pássaros migratórios (Pickersgill, 1986; Eshbaugh, 1993; Moscone et al., 2007).

Nestas regiões as diferentes espécies introduzidas continuaram sofrendo seleção pelos agricultores ao longo de séculos de cultivo para atender aos ambientes agroclimáticos divergentes de regiões específicas, dando origem a novos tipos morfológicos, variedades locais ou raças, e resultando numa abundante diversidade fenotípica em *Capsicum* (Viñals et al., 1996; González-Pérez et al., 2014).

O Brasil é considerado um centro de diversidade de *Capsicum* e estima-se que o país tenha o maior número de espécies silvestres do gênero (Rodrigues et al., 2016). Novas espécies foram identificadas por Barboza e Bianchetti (2005) na costa leste do Brasil: *C. pereirae*, no Espírito Santo e Minas Gerais; *C. friburgense*, endêmica de uma área restrita de Nova Friburgo no Rio de Janeiro; e *C. hunzikerianum*, encontrada em São Paulo. Barboza et al. (2011) descreveram duas espécies endêmicas em estados brasileiros: *C. caatingae*, encontradas na Bahia, Pernambuco e norte de Minas Gerais e *C. longidentatum*, encontrada na Bahia e Pernambuco.

Há uma ampla variabilidade no gênero *Capsicum* quanto a diferentes características morfológicas, inclusive úteis para discriminar as espécies, como pubescência das plantas, número de flores por nó, constrição do cálice, cor da flor, corola e semente, bem como para outras características comercialmente relevantes como coloração, formato, tamanho e os componentes bioquímicos dos frutos, incluindo atributos relacionados à saúde e ao sabor, como a capacidade antioxidante e os capsaicinoides que conferem pungência (Neitzke et al., 2014; van Zonneveld et al., 2015).

C. annum é a espécie mais conhecida e cultivada em todo o mundo e, possivelmente, é a espécie que possui a maior variabilidade e a mais utilizada em programas de melhoramento de cultivares comerciais (González-Pérez et al., 2014). Inclui cultivares de polinização aberta, híbridos de pimentões doces,

pimentas doces para páprica, pimenta americana, e as pimentas pungentes *cayene*, *jalapeño* e outras, além de cultivares ornamentais (Ribeiro e Reifschneider, 2008).

Apesar de todas as espécies cultivadas serem de origem tropical, a maior parte do melhoramento de *Capsicum* concentrou-se em países de clima temperado, especialmente o que concerniu a *C. annuum* (Pickersgill, 1997). No Brasil pode-se declarar que a maioria das 88 e 92 cultivares de pimenta e pimentão, respectivamente, comercializada no mercado de sementes em 2015 é proveniente de outros países (Rodrigues et al., 2016).

3.1.2.2. Características botânicas e pungência do fruto

A forma botânica cultivada *C. annuum* var. *annuum* L. é autógama, podendo ocorrer níveis elevados de polinização cruzada, dependendo da ação de insetos polinizadores, espaçamento adotado entre plantas e incidência de ventos (Rodrigues et al., 2016). As flores são solitárias com corola branca (raramente violeta), sem manchas na base dos lobos das pétalas, hermafroditas, com cinco anteras e um estigma. As anteras são geralmente azuladas. Os cálices dos frutos maduros são pouco dentados e não possuem constrição anelar na junção do pedicelo. A abertura da flor ocorre com maior frequência nas três primeiras horas do dia, permanecendo abertas, em média, durante 24 horas. A receptividade do estigma pode ocorrer desde a fase de botão, na véspera da antese, até duas ou três horas após a abertura. Os frutos definem-se como uma baga, de estrutura oca e forma lembrando uma cápsula, são de várias cores e formas, geralmente pendentes, persistentes, com polpa firme e as sementes são de coloração palha (Carvalho et al., 2017).

A altura e forma de crescimento das plantas variam em função da espécie e das condições de cultivo. O sistema radicular é pivotante, com um número elevado de ramificações laterais, podendo chegar a profundidades de 70-120 cm. As folhas são de coloração, tamanho e formas variáveis. Ao longo do comprimento do caule ou nos nós pode ser observada presença de antocianina (Carvalho et al., 2017).

A pungência dos frutos, característica exclusiva do gênero *Capsicum*, é atribuída a dois capsaicinoides: capsaicina e di-hidrocapsaicina. Estas substâncias

alcaloides se acumulam na superfície da placenta do fruto e é liberada quando o fruto sofre qualquer dano físico (Chattopadhyay et al., 2011). A ausência de pungência em pimentas é controlada por um único gene recessivo, o *pun-1* ou *c* (Wang e Bosland, 2006).

3.1.2.3. Demandas do mercado produtor de pimentas e pimentões

O agronegócio de pimentas e pimentões é de grande importância para o País, quer por suas características de rentabilidade, principalmente quando o produtor agrega valor ao produto, quer por sua importância social, nutricional e farmacológica. Do ponto de vista social, ressalta-se a grande participação de agricultores familiares no cultivo destas culturas, gerando empregos, uma vez que exige grande quantidade de mão de obra, em especial durante a colheita (Ribeiro e Reifschneider, 2008).

Dada a multiplicidade de usos e a demanda para atender aos interesses dos produtores e às exigências dos consumidores, o desenvolvimento de cultivares constitui um desafio para os melhoristas do Brasil e do mundo. Entre as demandas estão a precocidade, produtividade, resistência a doenças e pragas, tolerância a estresses abióticos, eficiência na absorção e uso de nutrientes e qualidade do produto (Rodrigues et al., 2016).

Um dos principais problemas que afeta a produtividade de *Capsicum* é a suscetibilidade às diferentes doenças. Nesse gênero é possível observar a ocorrência de inúmeras doenças causadas por vírus, bactérias e fungos (Bento et al., 2017). Entre as mais importantes para o cultivo de pimentas e pimentões destaca-se a antracnose, causada por fungos *Colletotrichum* spp., que gera danos consideráveis na cultura desde o plantio até a pós-colheita, causando sérios prejuízos econômicos para os produtores e estendendo-se aos consumidores (Kim et al., 2008a).

3.1.2.4. Antracnose em *Capsicum* spp.

A antracnose é uma doença de distribuição cosmopolita, causada por várias espécies de fungos *Colletotrichum*, e tem sido relatada como um dos principais entraves para a produção de pimentas e pimentões em vários países,

especialmente em regiões tropicais e subtropicais (Than et al., 2008; Ramdial e Rampersad, 2015; Liu et al., 2016; Rampersad et al., 2016; Saxena et al., 2016).

O *Colletotrichum* (teleomórfo *Glomerella*) é considerado mundialmente o oitavo gênero mais importante (Dean et al., 2012) e inclui vários agentes patogênicos relevantes, causadores de doenças em mais de 30 gêneros de plantas (Farr e Rossman, 2017). Praticamente todas as culturas cultivadas são suscetíveis a uma ou mais espécies de *Colletotrichum*, incluindo espécies de cereais, legumes, frutíferas, florestais e ornamentais. Além disso, uma mesma espécie de *Colletotrichum* pode causar antracnose em vários hospedeiros (Dean et al., 2012; Jayawardena et al., 2016; Liu et al., 2016).

Além das espécies fitopatogênicas são descritas no gênero *Colletotrichum* espécies endofíticas, saprofíticas e patogênicas oportunistas ao homem (Hyde et al., 2009; Saxena et al., 2016). No *Index Fungorum* (2017) são listados 821 epítetos sob *Colletotrichum*, no entanto, atualmente são aceitos menos de 200 nomes. Cannon et al., (2012) aceitaram 118 espécies de *Colletotrichum*, Hyde et al. (2014) aceitaram 161 espécies e Jayawardena et al. (2016) listam 190 espécies aceitas.

A antracnose é uma doença de etiologia complexa, sendo causada por diferentes espécies de *Colletotrichum*. Os fungos deste gênero compreendem cerca de 190 espécies (Jayawardena et al., 2016; Marin-Felix et al., 2017), subdivididas em onze complexos de espécies, os quais são: *caudatum* (8 espécies), *graminicola* (14), *spaethianum* (9), *destructivum* (15), *acutatum* (34), *dematium* (11), *gigasporum* (6), *gloeosporioides* (38), *boninense* (19), *truncatum* (3) e *orbiculare* (8), e 24 espécies *singletons* (Marin-Felix et al., 2017).

Em *Capsicum* spp. a antracnose tem sido associada principalmente a espécies de *Colletotrichum* dos complexos *gloeosporioides* e *acutatum*. As principais espécies relatadas em diferentes regiões do mundo são *C. scovillei* (complexo *acutatum*), *C. truncatum* (complexo *truncatum*) e *C. siamense* (complexo *gloeosporioides*) (Mongkolporn & Taylor, 2018). *C. scovillei* é uma espécie com alta ocorrência em muitos países da Ásia (Dilani D. de Silva et al., 2019; Kanto et al., 2014; Khalimi et al., 2019; Noor & Zakaria, 2018; Oo et al., 2017), cujos isolados têm evidenciado serem altamente agressivos em frutos de *C. annum*, superando quase todas as demais espécies (Dilani D. de Silva et al., 2019). A Figura 1 contém a relação de espécies de *Colletotrichum* que causam antracnose em *Capsicum* no mundo e no Brasil.

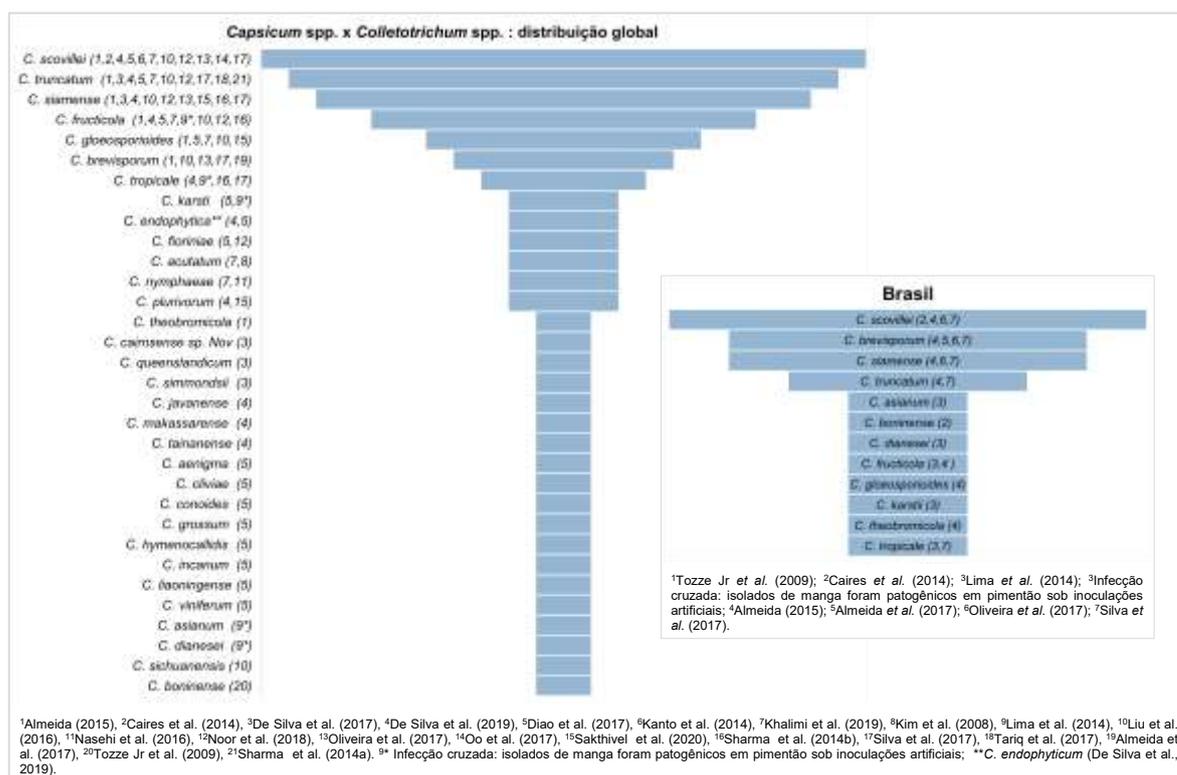


Figura 1. Espécies de *Colletotrichum* spp. associadas à antracnose em *Capsicum* spp. no mundo e no Brasil. O tamanho das barras indicam representatividade da espécie. Os números entre parênteses indicam a fonte consultada.

Em estudos de patogenicidade, têm sido observados que as diferentes espécies de *Colletotrichum* podem demonstrar infecção diferenciada, dependendo do estágio de maturidade dos frutos. Por exemplo, *C. truncatum* normalmente infectam frutos de pimenta maduros, já *C. acutatum* e *C. gloeosporioides* são mais comumente encontrados como patógenos de ambos os estágios de desenvolvimento do fruto, imaturos e maduros (Harp et al. 2008, 2014).

No Brasil, *C. scovillei* é a espécie predominante nos campos de produção de *Capsicum* spp., seguida por *C. siamense*, *C. brevisporum* e *C. truncatum* (Almeida, 2015; Silva et al., 2017). No mínimo 12 espécies (Figura 1) de *Colletotrichum* são patogênicas em *Capsicum* spp. no Brasil (Tozze Jr. et al., 2009; Caires et al., 2014; Almeida, 2015; Lima et al., 2015; Almeida et al., 2017; Oliveira et al., 2017; Silva et al., 2017), o que reforça a importância e complexidade deste patossistema.

Os danos causados por espécies de *Colletotrichum* podem ocorrer em todos os estágios de desenvolvimento do hospedeiro, no entanto, maiores

implicações surgem na época pós-colheita, uma vez que este patógeno apresenta quiescência (Ali et al., 2016). Todos os órgãos da planta podem ser infectados: folhas, caules, flores, frutos e sementes. Na produção de mudas, falhas na germinação e tombamento de plântulas recém-emergidas têm sido atribuídos ao uso de sementes infectadas por *Colletotrichum* (Than et al., 2008; Menezes, 2013; Töfoli et al., 2015).

A forma mais expressiva da doença em espécies de *Capsicum* ocorre quando esta afeta os frutos, causando redução direta da qualidade e quantidade tanto na fase de campo quanto na pós-colheita. Os danos provocados pelo patógeno reduzem o valor comercial do produto ou torna-o impróprio para o mercado e consumo humano (Than et al., 2008; Sun et al., 2015; Liu et al., 2016; Saxena et al., 2016). No Brasil, tem sido relatadas perdas de até 100% em lavouras com cultivares de pimentão e pimenta altamente suscetíveis (Reis et al., 2009; Pereira et al., 2016).

Os sintomas nas folhas, pecíolos e caules são caracterizados por pequenas manchas necróticas, castanhas acinzentadas com margens escuras. Em determinadas situações, pode-se observar necroses nos botões florais e flores e seca de frutos recém-fecundados. Nos frutos infectados, em geral, são observadas lesões necróticas, circulares ou ovaladas, deprimidas, de coloração marrom a preta, com anéis concêntricos de acérvulos, quase sempre úmidos recobertos por uma massa de conídios de coloração rosa ou alaranjada (Than et al., 2008; Montri et al. 2009; Töfoli et al., 2015; Liu et al., 2016). As lesões podem ocorrer isoladas ou aglomeradas e, em condições ambientais favoráveis com alta concentração de inóculo, podem coalescer gerando uma podridão severa (Saxena et al., 2016).

Epidemias severas da antracnose são comumente associadas a condições quentes e úmidas. Para invadir o tecido hospedeiro, as espécies de *Colletotrichum* utilizam estratégias que variam de hemibiotróficos intracelular a necrotróficos subcuticular, desenvolvendo estruturas especializadas para penetração, como exemplo, os apressórios (Menezes et al., 2013). Inicialmente, o agente patogénico estabelece interação com o hospedeiro produzindo apressório e depois penetra através da superfície íntegra dos órgãos da planta hospedeira, não necessitando de ferimento. O fungo fixa-se através do apressório e lança-se para o interior da célula por meio de *pegs* de penetração, que perfura a cutícula, recuperando suas dimensões ao atingir o lúmen da célula, de onde retira seus nutrientes (Jeffries et

al., 1990). Nesta fase, a infecção fúngica pode permanecer quiescente, como um biotrófico, até a maturação e senescência do fruto, após a colheita, quando ocorre a ativação das infecções quiescentes, seguido de colonização do tecido do fruto e aparecimento de sintomas (Ali et al., 2016).

Medidas de manejo e controle da antracnose têm sido extensivamente pesquisados, no entanto, muitos estudos concluíram que as práticas utilizadas são frequentemente inadequadas para controlar a doença (Than et al., 2008). Entre as alternativas de controle da antracnose estão a aplicação de fungicidas, controle biológico, rotação de culturas com espécies não hospedeiras, eliminação de hospedeiros alternativos, utilização de sementes livres de patógenos e utilização de cultivares resistentes (Töfoli et al., 2015), quando disponíveis. O uso da resistência genética é considerado o método de controle bastante efetivo em muitos patossistemas, pois tem uma série de vantagens em relação às demais opções de controle, principalmente referentes aos aspectos econômicos, práticos e ecológicos.

3.1.2.5. Melhoramento Visando Resistência à Antracnose

Pesquisadores de diferentes países têm buscado compreender os mecanismos envolvidos na resistência à antracnose em *Capsicum* ssp. (Kim et al., 2007, 2008ab; Than et al., 2008; Kim J. et al., 2008; Pereira et al., 2011; Kim et al., 2010; Kim et al., 2012; Ranathunge et al., 2012; Mahasuk et al., 2013; Park et al., 2012, 2014; Silva et al., 2014; Edirisinghe et al., 2014; Suwor et al., 2015; Sun et al., 2015; Mahasuk et al., 2009ab, 2013, 2016; Maracahipes et al., 2016).

No germoplasma de *Capsicum* já foram encontradas fontes com altos níveis de resistência às espécies de *Colletotrichum*, por exemplo, os acessos de *C. chinense* 'PBC932' e *C. baccatum* 'PBC80' e 'PBC81' identificadas pelo *Asian Vegetable Research and Development Center – AVRDC* (Mahasuk et al., 2016). No acesso 'PBC932' foi observada forte reação de hipersensibilidade para *C. truncatum*, tanto para o patótipo altamente virulento como para o menos virulento (Ranathunge et al., 2012). Os acessos 'PBC932' e 'PBC80' têm sido as principais fontes de resistência à antracnose utilizada por melhoristas asiáticos como genótipos doadores de genes de resistência para obtenção de populações para estudos de herança (Pakdeevaporn et al., 2005, Mahasuk et al., 2009ab; 2013)

bem como para mapeamento de QTLs (*Quantitative Trait Loci*) associados a resistência à antracnose (Sun et al., 2015; Mahasuk et al., 2016).

Análises genéticas de populações segregantes mostraram que o padrão da resistência à antracnose varia conforme a espécie de *Colletotrichum*, o isolado, a fonte de resistência e o estágio de maturação do fruto (Sun et al., 2015) e é relatada como variando entre monogênica recessiva (S. H. Kim, Yoon, Do, & Park, 2007, 2008; Suwor, Sanitchon, Thummabenjapone, Kumar, & Techawongstien, 2017), dominante (S. H. Kim, Yoon, & Park, 2008), controlada por dois genes (Lin et al., 2007), e poligênica (Mahasuk et al., 2009ab, 2016; Lee et al., 2010; Sun et al., 2015).

Estudos da patogenicidade de três espécies de *Colletotrichum* spp. em 10 genótipos com reações diferenciais de *Capsicum* spp, permitiram identificar três patótipos em frutos verdes totalmente desenvolvidos: o patótipo *PCa1* de *C. acutatum* infecta espécies de *C. annuum*, *C. baccatum*, *C. chinense* e *C. frutescens*. Já o patótipo *PCa2* não infecta o acesso 'PBC80' (*C. baccatum*) e o patótipo *PCa3* não infecta os acessos 'PBC80' e 'PBC81' ambos *C. baccatum* (Montri et al., 2009; Mongkolporn et al., 2010).

A partir do cruzamento entre 'PBC932' (*C. chinense*) x 'Bangchang' (*C. annuum*), Mahasuk et al. (2009a) identificaram os genes *co1* em frutos verdes, *co2* em frutos vermelhos e *co3* em plântula utilizando o isolado '158ci' de *C. capsici*. Ao avaliarem progênies oriundas do cruzamento PBC80 (*C. baccatum*) x PBC1422 (*C. baccatum*) com 13 isolados de *C. capsici* e *C. acutatum*, Mahasuk et al. (2009b) encontraram dois novos genes, *co4* (fruto verde) e *Co5* (fruto vermelho).

Na avaliação da resistência diferencial em *C. baccatum* para dois isolados de *C. acutatum* e dois métodos de inoculação distintos em frutos maduros vermelhos: pulverização de alta pressão e microinjeção, Mahasuk et al. (2013) inferiram sobre a existência de dois genes dominantes responsáveis pela resistência a antracnose para cada método, um para os patótipos *PCa2* e *PCa3* pelo método de microinjeção e outro para o patótipo *PCa3* pelo método de pulverização de alta pressão. Os autores sugeriram que os genes não são independentes, mas que estariam ligados a uma distância de 16,67 cM, e que poderiam ou não ser idênticos ou alélicos ao gene *Co5* descrito por Mahasuk et al. (2009b).

QTLs para resistência a *C. acutatum* (reclassificado para *C. scovillei*) foram mapeados em uma população de retrocruzamento derivada de *C. chinense* 'PBC932' com *C. annuum* por Sun et al. (2015). Para frutos imaturos, Sun et al. (2015) observaram cinco QTLs associadas à incidência da antracnose (*AnR_{GO}3*, *AnR_{GO}5*, *AnR_{GO}7*, *AnR_{GO}10**AnR_{GO}12*), um QTL para diâmetro total da lesão (*AnR_{GT}5*) e três QTLs para diâmetro verdadeiro da lesão (*AnR_{GD}5*, *AnR_{GD}10*, *AnR_{GD}12*). Os QTLs no cromossomo 5 explicaram a maior parte da variação fenotípica nas três variáveis em frutos imaturos, enquanto os demais tiveram efeito menor. Já nos frutos maduros apenas um QTL para cada uma das variáveis foi detectado no cromossomo 5, numa localização muito próximo aos QTLs identificados para frutos imaturos. Nesta população, os principais genes de resistência para *C. scovillei* em frutos imaturos e frutos maduros encontravam-se dentro do intervalo de QTL no topo do cromossomo 5 (Sun et al., 2015). Este intervalo de QTL foi reduzido para 164 Kb contendo cinco genes para resistência a *C. scovillei* (Zhao et al., 2020).

Dois mapas de ligação de populações F₂ derivadas de cruzamentos interespecíficos de *C. annuum* cv. Bangchang x *C. chinense* 'PBC932' e intraespecífico *C. baccatum* 'PBC80' x 'CA1316' foram desenvolvidos por Mahasuk et al. (2016) para identificação de QTLs para resistência a *C. truncatum* (*syn. C. capsici*). No mapa da população derivada do acesso 'PBC932' foram detectados dois QTLs correspondentes às resistências à antracnose nos estádios imaturo e maduro localizados no GL2 (intervalo de 14 cM). Já o mapa de QTLs de população derivada do acesso 'PBC80' resultou em cinco QTLs em frutos maduros, três principais no GL4 (dentro de 17 cM) e dois menores no LG12 (dentro de 6 cM) e LG9 (dentro de 3 cM).

3.1.2.6. Programa de Melhoramento Visando Resistência à Antracnose - UENF

Trinta e sete acessos de *Capsicum* spp. da coleção de germoplasma do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal do CCTA/UENF foram caracterizados por Silva et al., (2014) quanto à reação a um isolado de *C. gloesporioides*. Estes autores identificaram dois acessos de *C. baccatum* var. *pendulum* resistentes, UENF 1718 e UENF 1797. Um total de 55 acessos de *C.*

chinense foi caracterizado para reação ao *C. scovillei*, em que maior resistência em frutos imaturos foi verificada, havendo um acesso (UENF 1715) com desempenho próximo ao observado no padrão de resistência (UENF 1381), porém, suscetível quando no estágio maduro (Alencar, 2018).

O acesso UENF 1381, da espécie *C. annum* var. *annuum*, foi identificado como altamente resistente ao *C. scovillei* para frutos no estágio imaturo e moderadamente resistente quando maduros (Bento et al., 2017). Este acesso vem sendo utilizado com sucesso no programa de melhoramento de *Capsicum* visando resistência à mancha bacteriana na respectiva instituição (Costa et al., 2002; Moreira et al., 2009, 2013; Riva et al., 2003, 2004; Riva-Souza et al., 2005, 2007, 2009; Pimenta et al., 2016).

Geronimo (2018) desenvolveu uma série diferenciadora de raças de *C. gloeosporioides*. De Quinze acessos de *Capsicum* spp. inoculados, foi observada reação diferencial em frutos imaturos em nove acessos e em frutos maduros em sete acessos, o que permitiu a identificação de cinco raças em cada estágio de maturação: 94, 142, 150, 186 e 254 em frutos imaturos e as raças 6, 14, 50, 122 e 126 em frutos maduros.

Essa autora também estudou a herança da resistência à antracnose causada por *C. scovillei* com base nas gerações resultantes do cruzamento entre acessos de *C. annum* UENF 2285 (suscetível) e UENF 1381 (resistente), sendo elas P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂. A segregação em F₂ se adequou à proporção de $\frac{3}{4}$ resistente : $\frac{1}{4}$ suscetível, levando à hipótese de um gene dominante controlando a resistência à antracnose em frutos imaturos. A estimativa do grau médio de dominância indicou que a ação gênica controlando o caráter é de dominância parcial e pelo menos seis genes contribuem para controle da resistência à antracnose em frutos imaturos (Geronimo, 2018).

Em outro estudo de herança genética para resistência a antracnose, em que o acesso UENF 1381 (doado para a Universidade Estadual de Londrina e identificado como GBUEL104) foi utilizado como parental feminino, os resultados indicaram que a herança da resistência a *C. scovillei* é expressa independentemente nos diferentes estádios fenológicos do fruto (imaturo e maduro) havendo, para ambos os casos, dois genes de efeito maior responsáveis pela resistência, possivelmente diferentes e com efeitos poligênicos associados. O controle genético e seu aspecto quantitativo têm o maior efeito expresso em

dominância parcial em frutos imaturos e dominância total em frutos maduros (Giacomin et al., 2020).

3.1.2.7. Seleção Fenotípica de Plantas pelo *Best Linear Unbiased Predictor* – BLUP

O desenvolvimento de novas cultivares e recomendação de variedades recém-lançadas exigem uma seleção entre um grande número de genótipos candidatos, de modo que a estimativa dos valores genotípicos está no centro de qualquer esforço de melhoramento (Piepho et al., 2008). Devido a impossibilidade de mensuração direta dos valores genotípicos, necessariamente, estes passam a ser preditos com base nos respectivos valores fenotípicos observados. Em plantas autógamas a eficiência da avaliação do fenótipo em inferir sobre o valor genético aditivo de dado genótipo está em função da complexidade do controle genético da variável em foco (Nunes, 2016).

As variáveis quantitativas, geralmente, são controladas por muitos genes, o que resulta num maior número de genótipos, e/ou sofrem forte influência ambiental. Estes fatores contribuem para a observação de muitos fenótipos, o que impossibilita relacionar os genótipos com os fenótipos. Para este tipo de variável, genótipos iguais podem mostrar fenótipos diferentes e genótipos diferentes podem apresentar fenótipos semelhantes como consequência dos efeitos ambientais (Resende, 2015). Essa interferência do componente ambiental sobre a expressão do fenótipo se desdobra em uma baixa herdabilidade e demonstra que o valor fenotípico observado é um pobre indicador do valor genético aditivo verdadeiro (Bernardo, 2002).

Contornar tais circunstâncias é imprescindível para obter êxito no melhoramento das variáveis quantitativas de interesse. Para isso, o melhorista deve, primeiramente, ser criterioso na condução experimental proporcionando condições ótimas para a avaliação das progênies e, posteriormente, adotar procedimentos estatísticos acurados que resultem na indicação de progênies com os maiores valores genéticos aditivos (Resende, 2002; Nunes et al., 2008). Dentre as várias metodologias estatísticas para predição dos valores genéticos aditivos, destaca-se os modelos lineares mistos, especificamente, o BLUP.

Um modelo é caracterizado como misto quando inclui tanto efeitos fixos quanto aleatórios em sua estrutura, sem levar em consideração a média e o resíduo. De acordo com Piepho et al. (2008), um modelo misto para análise de dados métricos de melhoramento de plantas pode ser expresso por:

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon \quad (1)$$

em que: y é o vetor de observações da variável resposta (aleatória); β é o vetor de parâmetros do modelo (fixo); u é o vetor de variáveis do modelo (aleatório); X é a matriz de delineamento que associa β a y ; Z é a matriz de incidência que associa u a y ; ε é o vetor de erros ou resíduos do modelo (aleatório).

Esse modelo assume que efeitos aleatórios e residuais são independentes entre si e podem ser explicados pela distribuição normal multivariada (*MVN*), com valores médios esperados – $E(u)$ e $E(\varepsilon)$ – iguais a zero e matrizes de variâncias e covariâncias iguais a G e R , respectivamente. As pressuposições podem ser expressas como $u \sim MVN(0, G)$ e $\varepsilon \sim MVN(0, R)$ (Piepho et al., 2008).

O vetor de observações possui valor esperado $X\beta$ e matriz de variâncias e covariâncias V , conforme a expressão: $y \sim MVN(X\beta, V)$, em que $V=ZGZ^T+R$. A matriz V depende diretamente das estruturas de variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios (G) e dos resíduos (R), para que possa ser utilizada posteriormente na estimação dos efeitos fixos e na predição dos efeitos aleatórios do modelo (Piepho et al., 2008).

O vetor de observações possui valor esperado $X\beta$ e matriz de variâncias e covariâncias V , conforme a expressão: $y \sim MVN(X\beta, V)$, em que $V=ZGZ^T+R$. A matriz V depende diretamente das estruturas de variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios (G) e dos resíduos (R), para que possa ser utilizada posteriormente na estimação dos efeitos fixos e na predição dos efeitos aleatórios do modelo (Piepho et al., 2008).

Os efeitos fixos podem ser estimados via *Best Linear Unbiased Estimation (BLUE)* e os efeitos aleatórios são estimados pelo BLUP. O BLUE e BLUP precisam ser substituídos pelos BLUE e BLUP 'empíricos', respectivamente. Dessa maneira, os componentes de variância em G e R precisam ser substituídos por suas estimativas, as quais são obtidas, preferencialmente, pelo método *Restricted Maximum Likelihood (REML)* (Piepho et al., 2008). Ao considerar genótipos/progênes como efeitos aleatórios, o BLUP empírico é obtido para os

efeitos genéticos e, portanto, permite ranquear os genótipos e praticar seleção, com base em seus valores genéticos preditos.

O método BLUP é uma abordagem que permite a análise de dados desbalanceados, resultando em predições mais confiáveis do que as obtidas pelo Método dos Mínimos Quadrados, e que explora a informação entre indivíduos aparentados maximizando o uso de dados disponíveis quando comparando genótipos (Bernardo, 2002). De acordo com Resende (2002), o procedimento Blup reúne uma série de vantagens tais como: maximizar a acurácia seletiva, minimizar a diferença entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros, maximizar a probabilidade de selecionar o melhor entre dois indivíduos quaisquer, ou o melhor entre vários indivíduos, usa a covariância genética entre as observações e ponderação dos genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações, não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, os quais não precisam estar associados a delineamentos, corrige os dados para os efeitos ambientais, e maximiza os ganhos com a seleção.

A abordagem REML/BLUP é amplamente difundida no melhoramento de espécies vegetais perenes, enquanto no melhoramento de plantas autógamas de ciclo curto ainda tem uso moderado. Algumas aplicações têm sido relatadas no melhoramento do feijão de vagem (Cruz et al., 2018; Sousa et al., 2017), feijão caupi (Nunes et al., 2008; Torres et al., 2015), feijão comum (Delfini, Cirino e Fá, 2018), trigo (Pimentel et al., 2014), soja (Carvalho, Neto e Geraldi, 2008; Torres et al., 2018), tomate (Oliveira et al., 2018) e pimenta (Oliveira et al., 2015).

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Características edafoclimáticas da área experimental

Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental do Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (CEPAAR/PESAGRO-RIO), localizada no município de Campos dos Goytacazes,

região Norte do Estado do Rio de Janeiro, a 21° 19' 23" de latitude sul, 41° 19' 40" de longitude oeste, e altitude média de 14 m.

O clima da região Norte Fluminense é do tipo Aw, segundo a classificação de Köppen (1948), o qual caracteriza-se como tropical quente e úmido, com período seco no inverno e chuvoso no verão. Os valores para as precipitações pluviométricas e temperaturas médias observadas durante a condução dos experimentos são apresentados na Figura 2.

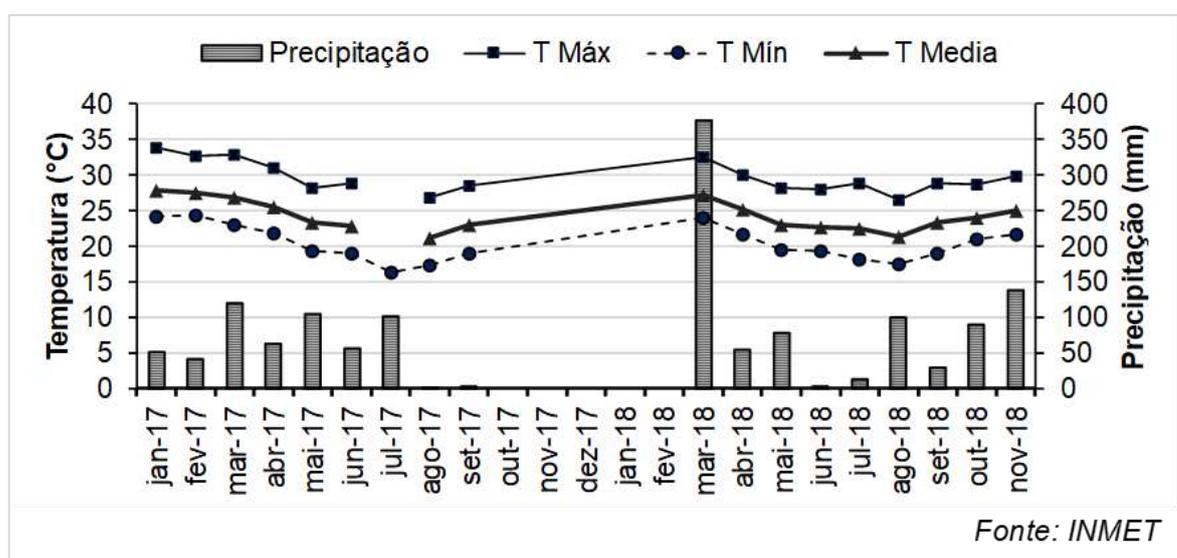


Figura 2. Valores diários de temperatura máxima média (°C), temperatura compensada média (°C), temperatura mínima média (°C) e precipitação total (mm) observados durante os meses de janeiro a setembro de 2017 (Experimento 1) de abril a novembro de 2018 (Experimento 2).

Os resultados das análises químicas e física do solo das áreas experimentais, na profundidade de 0 a 20 cm, estão apresentados na Tabela 1. A interpretação das análises e recomendações de adubação mineral foram conduzidas com base no manual de calagem e adubação do Estado do Rio de Janeiro (Freire et al., 2013). Durante a condução dos experimentos todas as práticas de manejo e tratos culturais foram realizadas conforme recomendações para o cultivo convencional do pimentão (Nick e Borém, 2016).

Tabela 1. Análises química e física do solo das áreas dos experimentos para avanço das gerações F_{2:3} e F_{3:4} de *C. annuum* var. *annuum*.

Experimento 1: Progênes F _{2:3} - Ano 2017												
pH	P	K	Ca	Mg	Al	H+Al	Na	C	MO	SB	T	t
H ₂ O	-----mg dm ³ -----				-----cmol _c dm ³ -----			%	g dm ³	-----cmol _c dm ³ -----		
5,7	19	176	1,6	0,8	0,0	6,1	0,05	1,21	20,9	2,9	9,0	2,9
m	V	Fe	Cu	Zn	Mn	Granulometria						
-----%-----		-----mg dm ³ -----				Areia total (g/kg)		Silte (g/kg)		Argila (g/kg)		
0,0	32,2	82,8	0,7	4,1	10,8	-		-		-		
Experimento 2: Progênes F _{3:4} - Ano 2018												
pH	P	K	Ca	Mg	Al	H+Al	Na	C	MO	SB	T	t
H ₂ O	-----mg dm ³ -----				-----cmol _c dm ³ -----			%	g dm ³	-----cmol _c dm ³ -----		
6,0	27	182	4,2	1,4	0,0	3,5	0,26	1,64	28,3	6,3	9,8	6,3
m	V	Fe	Cu	Zn	Mn	Granulometria						
-----%-----		-----mg dm ³ -----				Areia total (g/kg)		Silte (g/kg)		Argila (g/kg)		
0,0	64,4	179,4	5,9	5,8	85,8	442		313		245		

SB = Soma de bases; m = Saturação de alumínio; V = Saturação de bases; T = Capacidade de Troca de Cátions a pH 7,0; t = Capacidade de Troca de Cátions Efetiva.

3.1.3.2. Obtenção e condução das gerações segregantes

As plantas utilizadas nos experimentos, pertencentes às gerações F_{2:3} e F_{3:4}, foram avançadas pelo método genealógico e originadas do cruzamento entre os acessos UENF 2285 e UENF 1381, conforme ilustrado na Figura 3.

O acesso UENF 2285 pertence à espécie *C. annuum* var. *annuum*, é uma variedade de pimentão denominada *Early Calwonder* (ECW), suscetível à antracnose e com ausência de pungência. As plantas têm altura média de 0,65 m, hábito de crescimento ereto, frutos do tipo quadrado, com comprimento médio de 8 cm, coloração verde quando imaturos e vermelha no estágio maduro, quatro lóculos e baixa produção de sementes (Silva, 2007).

O acesso UENF 1381 é uma pimenta da espécie *C. annuum* var. *annuum*, pungente, caracterizado como altamente resistente à antracnose no fruto imaturo e moderada resistência à antracnose no fruto maduro (Bento et al., 2017). As plantas têm caule verde, hábito de crescimento ereto, frutos alongados, na cor verde quando imaturos e vermelho quando maduros, epiderme lisa, dois lóculos e alta produção de sementes de coloração palha (Riva, 2006).

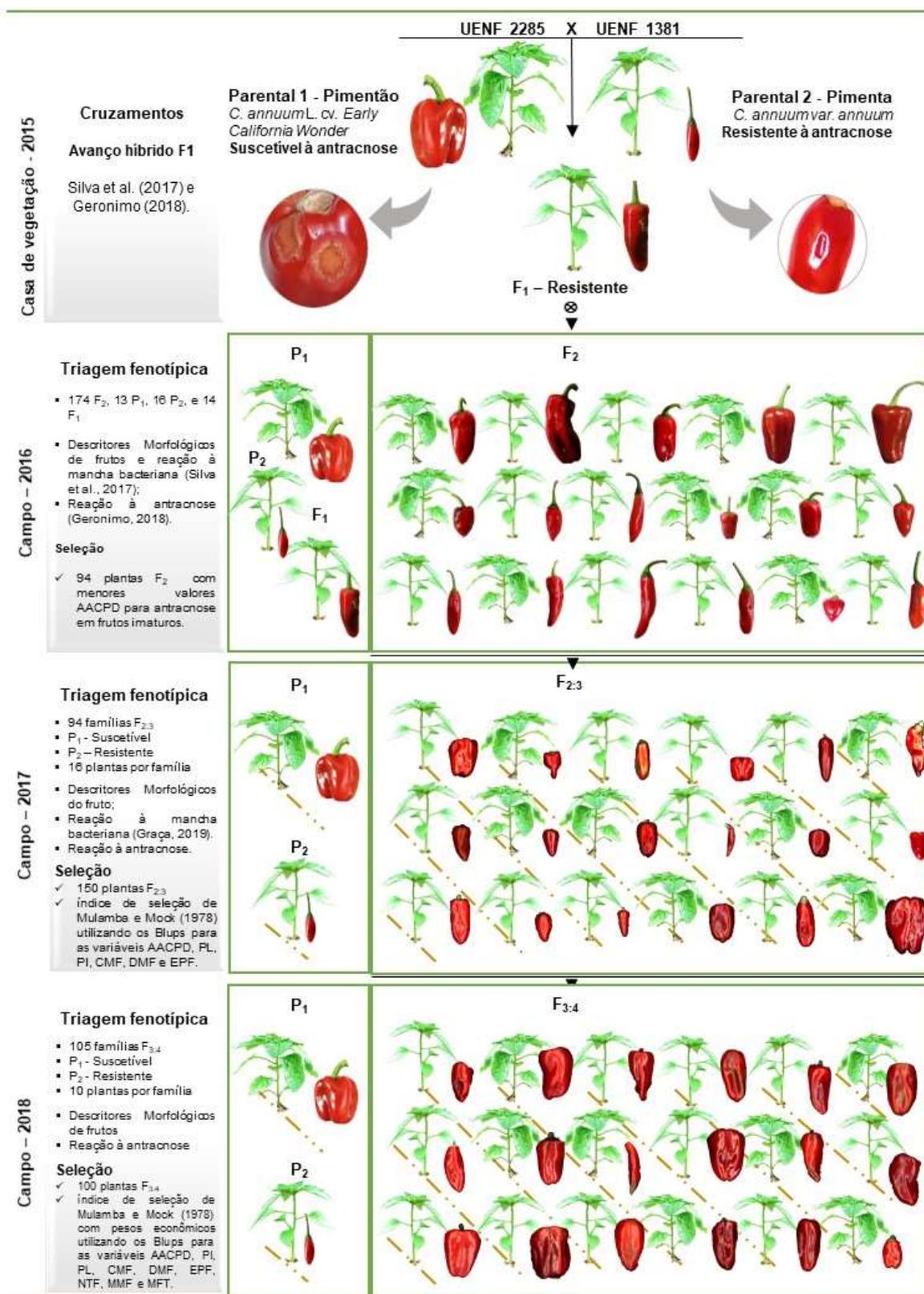


Figura 3. Programa de melhoramento de *C. annuum* var. *annuum* visando resistência à antracnose nos frutos, conduzido pelo método genealógico.

3.1.3.2.1. Experimento 1: Progênes $F_{2:3}$

Noventa e quatro progênes $F_{2:3}$ obtidas de sementes de plantas individuais F_2 , selecionadas com base nos melhores ranques para resistência à antracnose em frutos imaturos, foram conduzidas em condições de campo no período de janeiro a setembro de 2017 (Figura 4). Para cada progênie e acessos UENF 2285 e UENF 1381 foram cultivadas 16 plantas, totalizando 1536 plantas, dispostas em ensaio sem delineamento experimental, sob espaçamento de 0,5 m entre plantas e 1,0 m entre fileiras.



Figura 4. Ensaio com 94 progênes $F_{2:3}$ de *C. annuum* var. *annuum*, conduzido de janeiro a setembro de 2017 na Estação Experimental do CEPAAR/PESAGRO-RIO.

As avaliações foram realizadas a nível individual, isto é, cada planta foi considerada uma parcela, e as seguintes características agrônômicas foram estimadas:

- Massa fresca total de frutos (MFT) - soma da massa fresca dos frutos obtidos de quatro colheitas, realizadas em média a cada 15 dias e expressa em gramas.
- Número total de frutos por planta (NTF) - resultante do somatório do número de frutos obtidos em todas as colheitas realizadas na planta.

- Massa média do fruto (MMF) - expressa em gramas, obtida pela razão entre a massa fresca total de frutos por planta e o número de frutos por planta.
- Comprimento médio do fruto (CMF) - mensurado na maior altura longitudinal do fruto maduro utilizando paquímetro digital. Média obtida de uma amostra de cinco frutos por planta e expressa em milímetros.
- Diâmetro médio do fruto (DMF) - medido na maior largura do fruto maduro utilizando paquímetro digital. Média obtida de uma amostra de cinco frutos por planta e expressa em milímetros.
- Espessura média do pericarpo (EPF) - medida na área do fruto com maior espessura de polpa utilizando paquímetro digital. Média obtida de uma amostra de cinco frutos por planta e expressa em milímetros.

3.1.3.2.2. Experimento 2: Progênes F_{3:4}

Um total de 105 progênes F_{3:4}, selecionadas com base na soma de ranques para variáveis morfológicas do fruto e resistência à antracnose em frutos imaturos, foram cultivadas no período de março a novembro de 2018. Dez plantas de cada progênes e dos acessos UENF 2285 e UENF 1381 foram arranjadas sob espaçamento de 0,6 m entre fileiras e 0,5 m entre plantas, sem delineamento experimental. O cultivo foi conduzido em canteiros nas dimensões de 0,2 m de altura, 1,0 m de largura e 30 m de comprimento, cobertos com *mulching* dupla face branco (superior) e preto (inferior) (Figura 5).

As características agronômicas avaliadas no segundo experimento corresponderam àquelas descritas para o experimento 1 seguindo a mesma metodologia, havendo modificações apenas para as variáveis CMF, DMF e EPF, as quais foram estimadas com base em imagens digitais. Para obter as imagens, frutos maduros de cada planta foram cortados longitudinalmente e digitalizados com um scanner *Plustek OpticPro A320*, com resolução de 300 dpi, intensidade de 24 bits e dimensões de 3508 x 4962 pixels. As imagens geradas no espaço *RGB* (*Red, Green, Blue*) foram processadas e analisadas através do software de domínio público *ImageJ* versão 1.52a.



Figura 5. Ensaio com 105 progênies $F_{3:4}$ de *C. annuum* var. *annuum*, conduzido de março a novembro de 2018 na Estação Experimental do CEPAAR/PESAGRO-RIO.

- Comprimento médio do fruto e diâmetro médio do fruto - Inicialmente as imagens *RGB* (Figura 6A) foram convertidas em escala de cinza (8-bit) (Figura 6B), segmentadas (Figura 6C) utilizando o algoritmo de Huang e Wang (1995) e, por fim, as medições foram obtidas através da análise de partículas (Figura 6D). Os parâmetros morfométricos *Maximum* e *Minimum Feret Diameter* disponíveis no *ImageJ* foram utilizados como correspondentes ao comprimento e diâmetro do fruto, respectivamente. A média foi obtida de uma amostra de cinco frutos por planta e expressa em milímetros.

- Espessura média do pericarpo – medida na imagem em formato *RGB* utilizando a ferramenta *Straight/Line* disponível no *ImageJ*. Os valores para o parâmetro *Length* foram utilizados como correspondentes à espessura do pericarpo. A média foi obtida de uma amostra de cinco frutos por planta e expressa em milímetros.

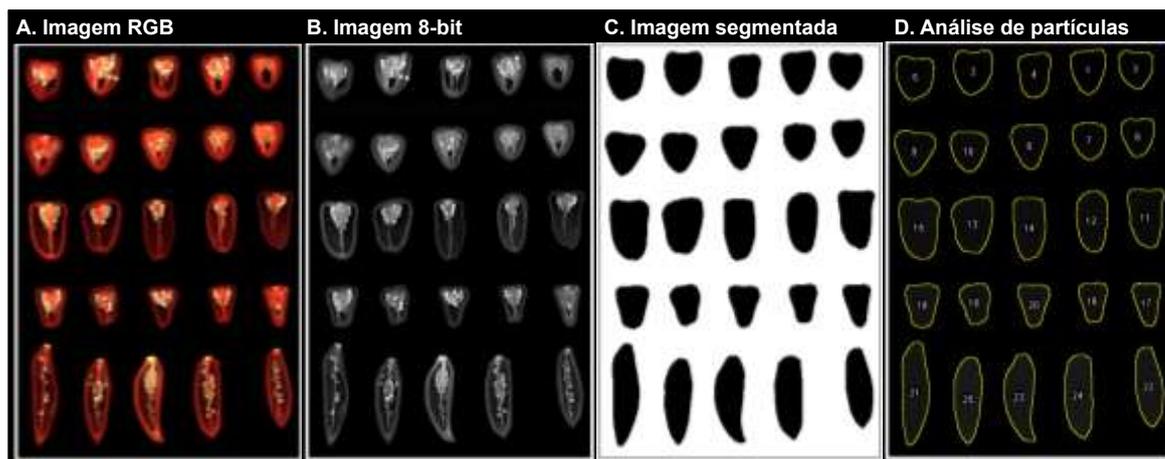


Figura 6. Etapas do processamento (A, B e C) e análises (D) de imagens de frutos de *C. annuum* utilizando o software *ImageJ*.

3.1.3.2.3. Avaliação da reação à antracnose em progênies $F_{2:3}$ e $F_{3:4}$

A avaliação da resistência à antracnose foi conduzida da mesma maneira para as duas gerações segregantes, utilizando-se o isolado 8 da espécie *C. scovillei* [GenBank accession numbers MN121780, MN121791, MN121802, MN121811 and MN121822 (Giacomin et al. 2020)], a princípio classificado como *C. gloeosporioides* (Gerônimo, 2018). Este isolado foi obtido de um fruto de pimentão coletado no Mercado Municipal de Campos dos Goytacazes, RJ, oriundo do município de Nova Friburgo, RJ, e é altamente virulento conforme caracterização realizada por Gerônimo (2018).

O isolado foi cultivado em meio de cultura Batata-Dextrose-Ágar em estufa incubadora *BOD* (*Biochemical Oxygen Demand*), sob temperatura de 28°C e fotoperíodo de 12 h de luz e 12 h de escuro, por um período de sete dias. A suspensão de conídios foi preparada com água deionizada autoclavada e ajustada à uma concentração de aproximadamente 1×10^6 con.mL⁻¹, cuja contagem realizou-se com auxílio de câmara de Neubauer e microscópio óptico (Silva et al., 2014).

De cada planta foram colhidos quatro frutos nos estádios imaturo e maduro, isto é, frutos totalmente desenvolvidos e diferenciados pelas colorações verde e vermelho, respectivamente. No laboratório realizou-se a assepsia de todos os frutos, a qual consistiu na remoção dos pedúnculos, imersão dos frutos em álcool

77%v/v durante um minuto, em seguida imersão em solução de hipoclorito de sódio na concentração de 0,2%v/v durante cinco minutos, tríplice lavagem com água deionizada autoclavada e, por fim, secagem dos frutos com papel toalha. Os frutos foram fixados por fita plástica adesiva em bandejas de isopor organizadas em recipientes plásticos com tampas. Dois copos descartáveis preenchidos com algodão umedecidos e esterilizados foram colocados dentro de cada recipiente para formar uma câmara úmida.

Três frutos de cada planta foram inoculados com 10 µL da suspensão de conídios sob o pericarpo, na região 1/3 central do fruto, utilizando micropipetas. Após depositar a gotícula da suspensão sobre o fruto, fez-se ao centro desta um minúsculo ferimento com agulha histológica. O controle negativo consistiu na inoculação do quarto fruto colhido de cada planta com água deionizada autoclavada. Frutos dos acessos UENF 2285 e UENF 1381 foram inclusos em todas as inoculações como padrão para suscetibilidade e resistência, respectivamente. Após a inoculação, os frutos foram mantidos nos recipientes fechados, sob temperatura de ≈ 25 °C, 70-80% umidade relativa e fotoperíodo de 12 h de luz e 12 h de escuro.

A severidade da antracnose no fruto foi quantificada a partir de observações diárias realizadas sempre no mesmo horário, durante sete dias após a inoculação, com auxílio da escala de notas (Tabela 2) variando de zero (altamente resistente) a nove (altamente suscetível) (Montri et al., 2009).

Com base nas avaliações diárias foram obtidas as variáveis período de incubação, período latente e área abaixo da curva de progresso da doença.

- Período de incubação (PI) - representa o intervalo, em dias, entre a inoculação e o aparecimento dos sintomas.
- Período latente (PL) - corresponde ao intervalo, em dias, entre a inoculação e o aparecimento de sinais, isto é, massa conidial visível a olho nu.
- Área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) - obtida com base nos valores de severidade, quantificados ao longo dos sete dias, estimada conforme equação de Campbell e Madden (1990):

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

Onde:

n é número de observações;

y_i é severidade da doença na “i”-ésima observação; e
 t_i é tempo em dias na “i”-ésima observação.

Tabela 2. Escala de notas para avaliação da severidade dos sintomas de antracnose em frutos de *Capsicum* spp. (Montri et al., 2009).

Nota	Nível de resistência	Descrição dos sintomas
0	Altamente Resistente (AR)	Sem sintomas
1	Resistente (R)	1-2% da área do fruto com lesão necrótica ou lesão encharcada em torno do local da infecção
3	Moderadamente Resistente (MR)	>2–5% da área do fruto com lesão necrótica, podendo ou não ter acérvulo ou lesão encharcada acima de 5% da superfície do fruto
5	Moderadamente Suscetível (MS)	>5–15% da área do fruto com lesão necrótica, presença de acérvulo, ou lesão encharcada acima de 25% do fruto
7	Suscetível (S)	>15–25% da área do fruto com lesão necrótica e com acérvulo
9	Altamente Suscetível (AS)	>25% da área do fruto com lesão necrótica, lesão ao redor do fruto com a presença de acérvulos em abundância

3.1.3.3. Análises estatísticas

3.1.3.3.1. Estimativas dos componentes de variância, parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos

Os componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (*Restricted Maximum Likelihood - REML*) e a predição dos valores genéticos foram realizados pelo Melhor Preditor Linear Não Viciado (*Best Linear Unbiased Prediction - BLUP*) utilizando o modelo disponível no software SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2016), indicado para avaliação de experimentos em um local sem delineamento experimental, com linhagens derivadas de um só cruzamento ou população F_2 , em que as linhagens

são semeadas em linhas, sem repetição e as avaliações, feitas em nível de plantas. O seguinte modelo linear misto foi utilizado:

$$y = Xr + Za + e \quad (3)$$

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;

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

Os efeitos aleatórios foram assumidos como não correlacionados e como tendo distribuição normal.

3.1.3.3.2. Seleção das melhores plantas em $F_{2:3}$

A seleção dos indivíduos potenciais para compor a geração $F_{3:4}$ foi realizada pelo índice de Mulamba e Mock (1978). As plantas foram inicialmente ranqueadas com base no valor genético aditivo predito de cada variável e, sequencialmente, somados os valores dos postos das variáveis inclusas para a seleção, conforme índice a seguir:

$$MM_{(i)} = r_{iCMF} + r_{iDMF} + r_{iEPF} + r_{iPI} + r_{iPL} + r_{iAACPD} \quad (4)$$

Em que:

MM é o valor do índice de Mulamba e Mock original associado à planta i ;

r é o valor do rank associado ao valor genético aditivo predito (Blup) da planta i relativo à cada variável.

A classificação foi conduzida com o propósito de reduzir a expressão da antracnose em frutos verdes e aumentar o tamanho dos frutos, logo, os ganhos com a seleção foram direcionados no sentido negativo para a variável AACPD e positivo para PL, PI, CMF, DMF e EPF. Aplicou-se uma intensidade de seleção de 10%, resultando na seleção de 150 plantas com os menores valores para a soma

dos *ranks*. Com os valores genéticos aditivos preditos para cada variável nas plantas selecionadas fez-se análise de correlação de Pearson.

3.1.3.3.3. Seleção das melhores plantas em $F_{3:4}$

A seleção para características simultâneas em $F_{3:4}$ foi realizada de modo semelhante à seleção realizada em $F_{2:3}$ descrita no item anterior, porém, com algumas modificações discutidas a seguir. As plantas foram ordenadas com base nos valores genéticos aditivos preditos de cada variável, sendo o ordenamento direcionado para ganhos negativos para AACPD de frutos imaturos e positivos para todas as demais variáveis. Os ranques foram somados pelo índice de Mulamba e Mock (1978) modificado pela atribuição de pesos econômicos distintos para cada variável (PA), atribuindo maiores pesos para as variáveis de maior importância, as quais foram AACPD, DMF e EPF, conforme abaixo:

$$PA_{(i)} = 150r_{iAACPD} + 50r_{iDMF} + 15r_{iEPF} + r_{iCMF} + \dots + r_{iNTF} \quad (5)$$

Em que:

PA é o valor do índice de Mulamba e Mock modificado pela atribuição de pesos econômicos associado à planta i ;

r é o valor do rank associado ao valor genético aditivo predito (Blup) da planta i relativo à cada variável, AACPD, DMF, EPF, CMF, PI, PL, MMF, MFT e NTF.

As plantas com menores valores para o índice foram selecionadas, aplicando-se uma intensidade de seleção de 9,5% (100 plantas). Todas as análises de correlações e plotagens dos gráficos foram efetuadas no *JMP Trial Software* versão 15.0.0 (*SAS Institute, Cary, NC, USA*).

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1.4.1. Componentes de variância, parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos para progênies $F_{2:3}$

Os resultados referentes às estimativas dos componentes de variâncias e parâmetros genéticos para as variáveis período de incubação em frutos imaturos (PII), período latente em frutos imaturos (PLI), área abaixo da curva de progresso da doença em frutos imaturos (AACPDI), período de incubação em frutos maduros (PIM), período latente em frutos maduros (PLM), área abaixo da curva de progresso da doença em frutos maduros (AACPDM), comprimento médio do fruto (CMF), diâmetro médio do fruto (DMF), espessura média do pericarpo do fruto (EPF), massa fresca total de frutos por planta (MFT), massa média de frutos por planta (MMF) e número total de frutos por planta (NTF) são apresentados na Tabela 3.

Ao analisar conjuntamente os coeficientes de herdabilidades e variação genética, depreende-se que grande quantidade da variância fenotípica presente nas progênies $F_{2:3}$ é atribuída às causas genéticas e, portanto, pode ser transmitida à descendência. As amplitudes dos valores fenotípicos observados para as variáveis avaliadas nas 94 progênies $F_{2:3}$ estão apresentadas na Figura 7.

Para a herdabilidade individual no sentido amplo entre progênies (h^2_a), a qual equivale à herdabilidade no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos, desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância (Resende, 2007), foram observados valores variando de 0,2514 para PLM a 0,4577 para DMF. A herdabilidade pode ser considerada de baixa magnitude quando $h^2_a \leq 0,15$, magnitude média entre $0,15 < h^2_a < 0,50$ e alta magnitude com $h^2_a \geq 0,50$ (Resende, 2002).

As herdabilidades aditivas dentro de progênies (h^2_{ad}) tiveram estimativas similares àquelas da herdabilidade individual (h^2_a), com variação de 0,1679 (PIM) a 0,4220 (DMF), logo, de magnitudes médias. Essas magnitudes indicam possibilidades de ganhos genéticos para todas as variáveis com a seleção de plantas individuais utilizando-se o Blup. No melhoramento de autógamias, o objetivo do melhorista é, primordialmente, selecionar progênies que associam os maiores valores genéticos aditivos, ou seja, que resultem em progresso genético com a seleção (Nunes et al., 2008).

A acurácia ou correlação entre os valores genotípicos preditos e os verdadeiros está em função da herdabilidade. Os altos coeficientes de herdabilidade da média de progênie propiciaram, em média, acurácia equivalente a 96%, sendo esses valores considerados muito elevados. As acurácias observadas denotam ótima qualidade das informações obtidas nas avaliações e

confiabilidade para acessar a variação genética verdadeira, a partir da variação fenotípica observada para cada característica.

Tabela 3. Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados para período de incubação (PI), período latente (PL) e área abaixo da curva de progresso da doença em frutos nos estádios imaturo (AACPDI) e maduro (AACPDM), comprimento médio de fruto (CMF), diâmetro médio de fruto (DMF), espessura média do pericarpo do fruto (EPF), massa fresca total de frutos (MFT), massa fresca média de frutos (MMF) e número total de frutos por planta (NTP), em 94 progêneses F_{2:3} de *C. annuum* var. *annuum*.

Parâmetros ¹	Progêneses F _{2:3}											
	PLI	PII	AACPDI	PLM	PIM	AACPDM	CMF	DMF	EPF	MFT	MMF	NTP
σ^2a	0,327	0,810	9,623	0,729	0,334	9,385	100,502	16,157	0,105	10129,603	24,200	237,635
σ^2e	0,913	1,217	17,164	1,218	0,993	20,543	122,768	19,146	0,221	26352,239	30,640	456,465
σ^2f	1,240	2,026	26,786	1,947	1,327	29,928	223,271	35,303	0,326	36481,842	54,840	694,099
h^2a	0,264	0,399	0,359	0,375	0,251	0,314	0,450	0,458	0,322	0,278	0,441	0,342
h^2mp	0,896	0,941	0,931	0,932	0,885	0,913	0,952	0,953	0,919	0,902	0,950	0,926
Acprog	0,946	0,970	0,965	0,966	0,941	0,956	0,975	0,976	0,959	0,950	0,975	0,962
h^2ad	0,179	0,333	0,280	0,299	0,168	0,228	0,409	0,422	0,237	0,192	0,395	0,260
CVgi%	8,359	22,636	36,422	12,839	18,515	30,578	16,280	13,808	11,629	28,807	28,513	34,618
CVe%	13,971	27,748	48,643	16,590	31,947	45,241	17,993	15,031	16,891	46,463	32,084	47,979
CVr	0,598	0,816	0,749	0,774	0,580	0,676	0,905	0,919	0,688	0,620	0,889	0,722
Média	6,84	3,98	8,52	6,65	3,12	10,02	61,58	29,11	2,78	341,74	17,19	42,40
UENF 2285 - Suscetível												
Média	4,29	2,67	21,43	4,00	2,40	24,90	78,90	71,59	7,00	974,92	168,56	6,00
Mínimo	3,67	2,00	18,83	3,33	2,00	20,83	65,69	55,94	5,17	666,00	111,00	5,00
Máximo	5,00	3,33	25,83	5,00	3,00	28,83	93,25	85,19	8,62	1265,60	205,00	7,00
UENF 1381 - Resistente												
Média	7,82	5,37	3,28	8,00	4,26	6,33	45,16	16,00	1,52	74,83	5,11	38,67
Mínimo	7,33	3,33	0,17	8,00	3,00	1,50	38,48	12,69	0,82	16,00	4,14	27,00
Máximo	8,00	7,67	6,50	8,00	6,33	9,50	50,80	22,34	2,53	194,00	5,86	60,00

¹Variância genética entre progêneses (σ^2a), variância residual (σ^2e), variância fenotípica (σ^2f), herdabilidade individual no sentido restrito (h^2a), herdabilidade da média da progênie (h^2mp), herdabilidade aditiva dentro da progênie (h^2ad), acurácia da seleção da progênie, assumindo sobrevivência completa (Acprog), coeficiente de variação genética aditiva individual (CVgi), coeficiente de variação residual (CVe) e média geral.

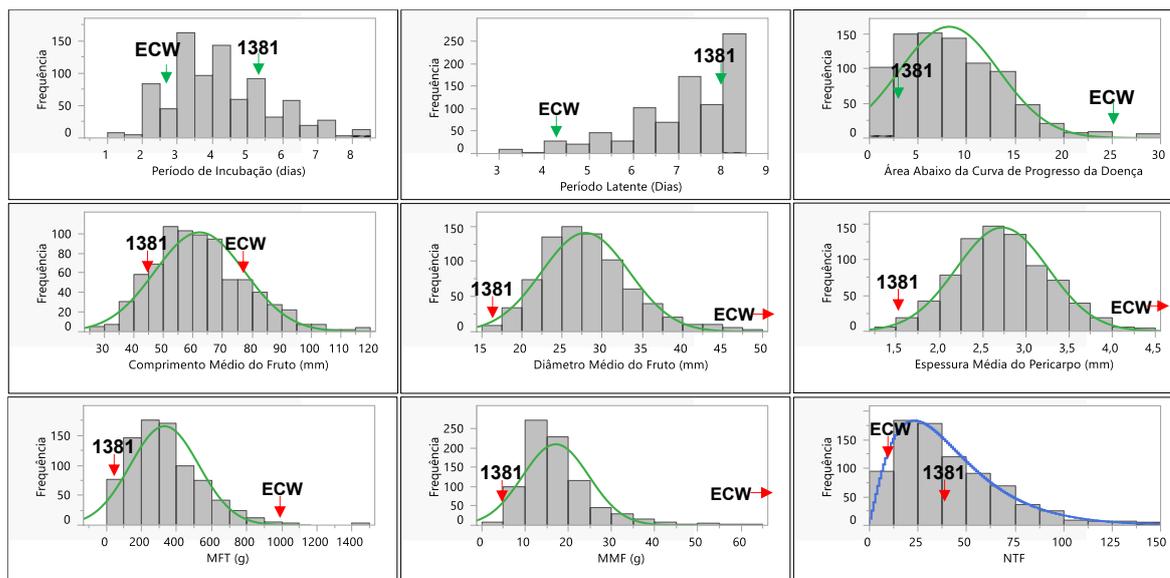


Figura 7. Distribuição de frequência das 94 progênes F_{2:3} e testemunhas em relação aos fenótipos observados para variáveis relativas à antracnose em frutos imaturos, morfologia dos frutos e produção.

Os resultados dos componentes de variância e parâmetros genéticos estimados na população em estudo corroboram com os esperados, indicando variabilidade genética passível de gerar ganhos com a seleção nas diferentes variáveis abordadas. Progênes derivadas de genitores contrastantes e sendo autógamias, espera-se que ocorra alta variabilidade genética nas gerações iniciais e quanto maior essa variabilidade, maiores são as possibilidades de sucesso com a seleção (Ramalho et al., 2012).

A quantificação dessa variabilidade genética pode ainda ser inferida pelos coeficientes de variação genética aditiva individual (CV_{gi}), cuja amplitude variou de 8,36 (PLI) a 36,42% (AACPDI). Com exceção do PLI, todas as demais variáveis apresentaram valores de CV_{gi} superiores a 12,84%. A variação genética observada na população F_{2:3} para à antracnose em frutos imaturos foi levemente superior a variação observada em frutos maduros.

Pelos valores médios das variáveis de resistência nas progênes F_{2:3} e valores mínimos, médios e máximos relativos às testemunhas UENF 2285 (ECW) e UENF 1381 (Tabela 3), nota-se que frutos imaturos apresentaram um maior nível de resistência, isto é, os valores médios para o progresso da doença foram inferiores, e período latente e período de incubação foram superiores aos valores

observados em frutos no estágio maduro para as respectivas variáveis. Na Figura 8 é evidenciado o contraste entre os acessos UENF 2285 e UENF 1381, utilizados como padrão de suscetibilidade e de resistência, respectivamente, e ainda a variação fenotípica dentro de uma progênie $F_{2:3}$ segregando tanto em relação ao nível de resistência ao fungo *C. scovillei* quanto para características morfométricas do fruto.

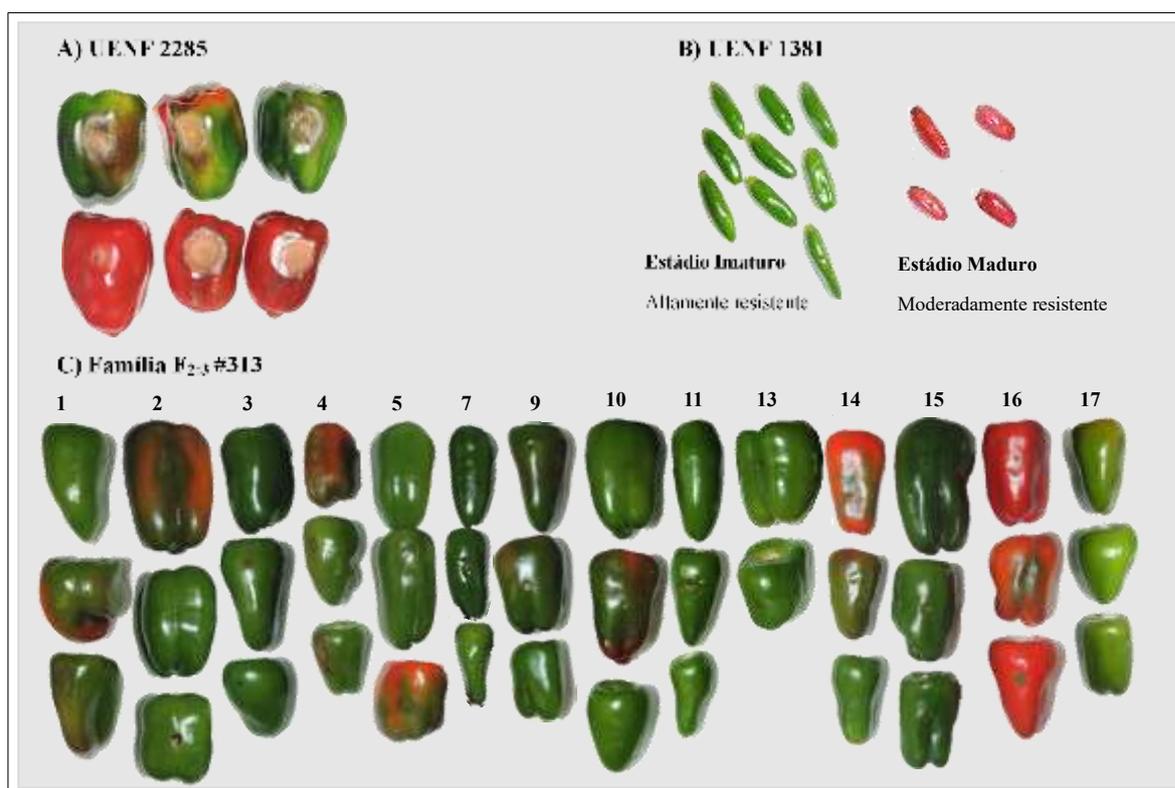


Figura 8. Sintoma de antracnose em frutos dos acessos UENF 2285 (A) e UENF 1381 (B) e progênie $F_{2:3}$ #313 (C) no sétimo dia após a inoculação com *C. scovillei*.

A resistência conferida às progênies avaliadas é decorrente do acesso UENF 1381 que, além de resistente à antracnose, também apresenta resistência à mancha bacteriana (Silva et al., 2017; Silva, 2018) e ao *Pepper yellow mosaic virus* (Bento et al., 2017). Conforme a avaliação realizada por Bento et al. (2017) o acesso UENF 1381 mostrou-se altamente resistente à antracnose em frutos imaturos e moderadamente resistente no estágio maduro até 17º dia após a inoculação. Estes autores observaram PI e PL equivalentes a oito dias para frutos imaturos e um PI de cinco dias e PL de oito dias para frutos maduros. Nesse

estudo, as avaliações da reação à antracnose foram conduzidas até o oitavo dia após a inoculação e foram observados no acesso UENF 1381 um PI de cinco dias e PL de oito dias para frutos imaturos, e PI de quatro dias e PL de oito dias para frutos maduros.

No estudo de herança com as gerações iniciais deste programa de melhoramento, foi constatado que a resistência à antracnose em frutos no estágio imaturo é governada por pelo menos seis genes, sendo um gene maior dominante e outros genes de efeito menor, com predominância de efeito gênico aditivo, e herdabilidade no sentido restrito moderada (Geronimo, 2018). Não foi realizado estudo de herança considerando a reação à antracnose em frutos maduros e a seleção na geração F₂ foi baseada exclusivamente na reação à antracnose em frutos no estágio imaturo, avançando-se com as plantas que apresentaram área abaixo da curva de progresso da doença inferior a 6,17.

Outros pesquisadores têm relatado maior severidade da antracnose em frutos no estágio imaturo. Baba et al (2019) observaram que frutos verdes foram mais suscetíveis a *C. scovillei* do que frutos maduros e que a severidade da antracnose teve baixa correlação entre frutos verdes e maduros, apoiando a resposta diferencial do fungo nos estágios de desenvolvimento dos frutos de pimenta. Esses autores estudaram 59 acessos de *Capsicum* spp. em resposta à infecção pelo fungo causador da antracnose, incluindo o acesso UENF 1381 (definido como GBUEL104), o qual mostrou no oitavo dia após a inoculação alta concentração de ácido cafeico e clorogênico, metabólitos secundários amplamente conhecidos por conferir resposta de defesa das plantas contra patógenos.

A reação diferencial em frutos imaturos e maduros de *Capsicum* spp. para a infecção por *Colletotrichum* spp. pode ser associada a distintos fatores, incluindo as diferenças existentes na espessura da parede cuticular, cerosidade da epiderme, nas propriedades bioquímicas e no controle genético da característica (Mesta et al., 2007; Kim et al., 2010; Lee et al., 2010; Park et al., 2012; Mahasuk et al., 2013; Sun et al., 2015; Ko et al., 2016; Abhayashree et al., 2017; Rao e Nandineni, 2017).

À luz do conhecimento, esse é o primeiro programa de melhoramento de *C. annuum* var. *annuum* que faz uso da metodologia REML/BLUP para inferir sobre a variabilidade genética disponível na população segregante e auxiliar na seleção de linhas superiores. Um estudo mais próximo a este aqui apresentado, foi

desenvolvido com *C. baccatum var. pendulum* por (Oliveira et al., 2015), no qual os parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos de 45 progênies F_{2:3} foram estimados via modelos lineares mistos.

Em condições experimentais muito similares as deste estudo, Oliveira et al. (2015) observaram, para treze características agronômicas, altas estimativas de herdabilidade média da progênie (0,68 a 0,88), moderadas estimativas para herdabilidade de sentido restrito (0,23 a 0,46) e herdabilidade aditiva dentro da parcela (0,15 a 0,43) e elevada acurácia seletiva. Convém ressaltar que os parâmetros genéticos, definidos pelos componentes de variâncias, são específicos para cada variável, população e condições ambientais, logo, são facilmente alterados em função do tamanho amostral, unidade experimental número de repetições, densidade populacional, métodos de estimação, entre outros, e por essas razões compará-los pode, na maioria das vezes, fazer nenhum sentido (Pesek e Baker, 1971; Vencovsky e Barriga, 1992).

3.1.4.2. Seleção das plantas F_{2:3} superiores

As melhores plantas classificadas pelo índice de soma de ranks, utilizando os valores genéticos aditivos preditos de seis características (AACPD-I, PL-I, PI-I, CMF, DMF e EPF) são apresentadas no Apêndice A. Uma visão geral dos valores fenotípicos individuais, efeitos genéticos aditivos, valores genéticos aditivos, ganhos e novas médias preditos para cada variável nas 150 plantas F_{2:3} selecionadas é apresentada na Figura 9.

Em relação à variável de maior importância, AACPD em frutos imaturos, nota-se que 100% das plantas selecionadas pelo índice apresentaram estimativas negativas para os efeitos genéticos aditivos preditos. Para os ganhos genéticos foram observadas estimativas negativas em 16,67% das 150 plantas selecionadas, 25 plantas altamente resistentes à infecção causada pelo fungo. Todas as plantas selecionadas apresentaram superioridade para resistência à antracnose em frutos imaturos, sendo essa superioridade inferida pela diferença negativa entre os valores da nova média ($\hat{m}_{nm} = 8,39$) pela média geral ($\hat{m}_{F_{2:3}} = 8,52$) para a variável AACPD. A nova média é calculada pela soma entre o ganho genético e média geral observada para variável.

A amplitude para a nova média predita para AACPD entre a plantas superiores variou de 8,26 a 10,61, enquanto a amplitude fenotípica observada na população $F_{2:3}$ para a respectiva variável oscilou entre 0,00 e 30,00. A partir desses valores, as plantas avaliadas podem ser agrupadas dentro de seis classes fenotípicas, as mesmas descritas na escala de notas e agora redefinidas pelos valores fenotípicos para AACPD, as quais são: 0,00 a 5,00 - altamente resistente; 5,01 a 10,00 - resistente; 10,01 a 15,00 - moderadamente resistente; 15,01 a 20,00 - moderadamente suscetível; 20,01 a 25,00 suscetível; e 25,01 a 30,00 – altamente suscetível. Na Figura 10 são relacionados os valores fenotípicos individuais para as principais variáveis observados nas plantas selecionadas e nas testemunhas, acesso UENF 1381 (pimenta AR) e ECW (pimentão S).

Para as variáveis PI e PL, as plantas selecionadas apresentaram valores genéticos aditivos preditos positivos indicando novas médias superiores em relação as estimativas de média geral. As estimativas da nova média esperadas foram de 5,62 dias para PI e 7,54 dias para PL. Pela natureza biológica dessas variáveis, entende-se que há uma associação positiva entre os valores de PI e PL e associação negativa destas com os valores para AACPD. Desse modo, o ranqueamento para AACPD foi direcionado em ordem crescente para os valores dos efeitos genéticos aditivos preditos (ganhos negativos) e as demais variáveis na ordem decrescente (ganhos positivos).

Na perspectiva do melhoramento de plantas, os componentes epidemiológicos são de grande valia por permitirem a classificação dos genótipos quanto ao nível de resistência ao patógeno. Genótipos resistentes apresentam retardo no PI, PL e severidade da doença e, em contrapartida, os genótipos suscetíveis apresentam rapidez no PI e PL e maior taxa de progresso da doença. Na ótica epidemiológica, o PL do patógeno é tido como uma das variáveis mais importantes para a taxa de aumento de uma epidemia. O PL refere-se ao período entre o início da germinação de esporos e o aparecimento da próxima geração de esporos, logo, define o número de gerações do patógeno que ocorrerá durante o ciclo de cultivo (Vallavieille-Pope et al., 2000). No caso de experimentos conduzidos em condições controladas, o PL é quantificado como o tempo decorrido entre a inoculação e o aparecimento de estruturas reprodutivas do patógeno.

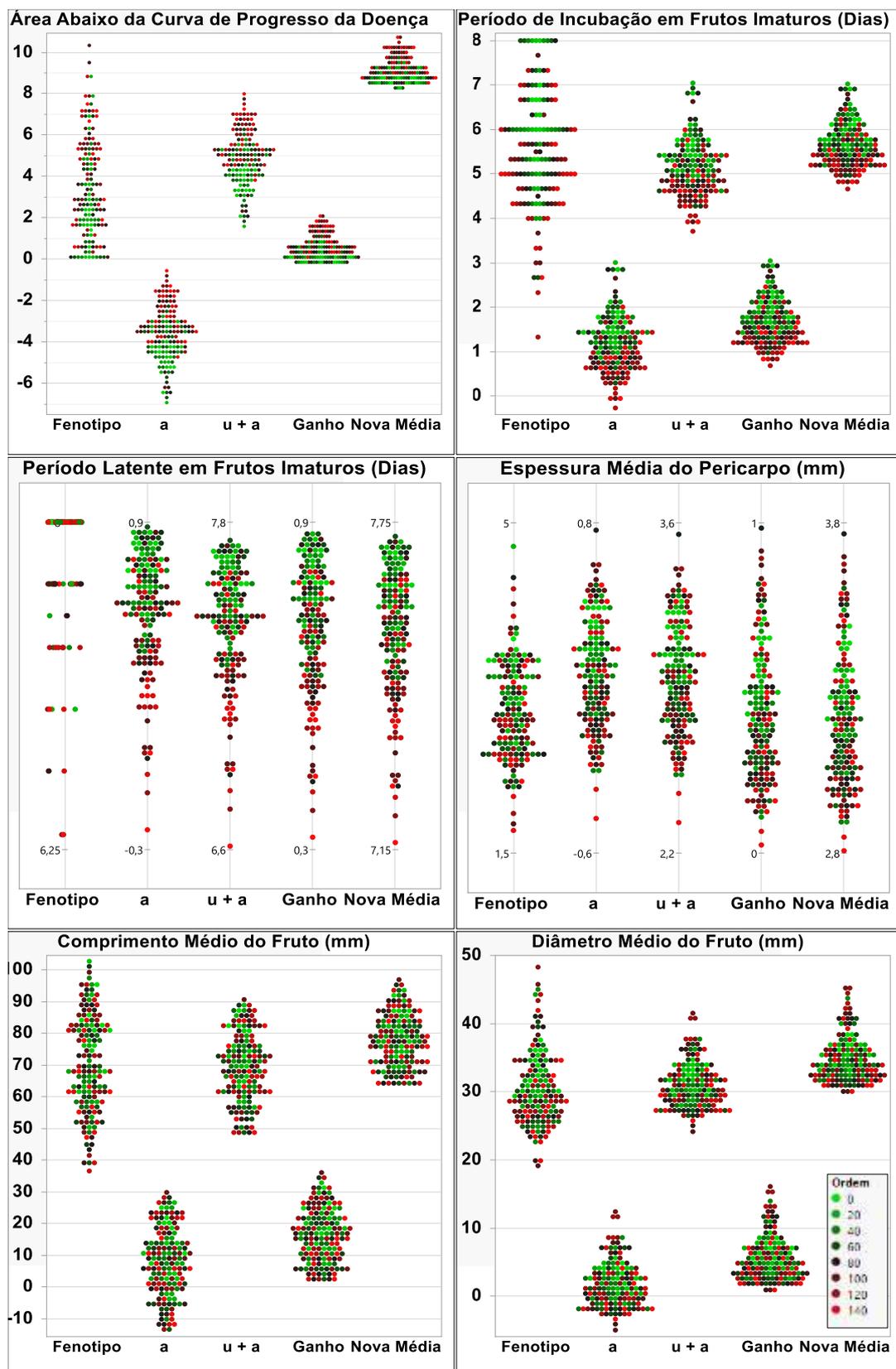


Figura 9. Diagramas de dispersão que mostram a distribuição dos valores fenotípicos observados, efeitos genéticos aditivos (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganhos genéticos e novas médias previstas para seis variáveis nas 150 plantas $F_{2:3}$ superiores.

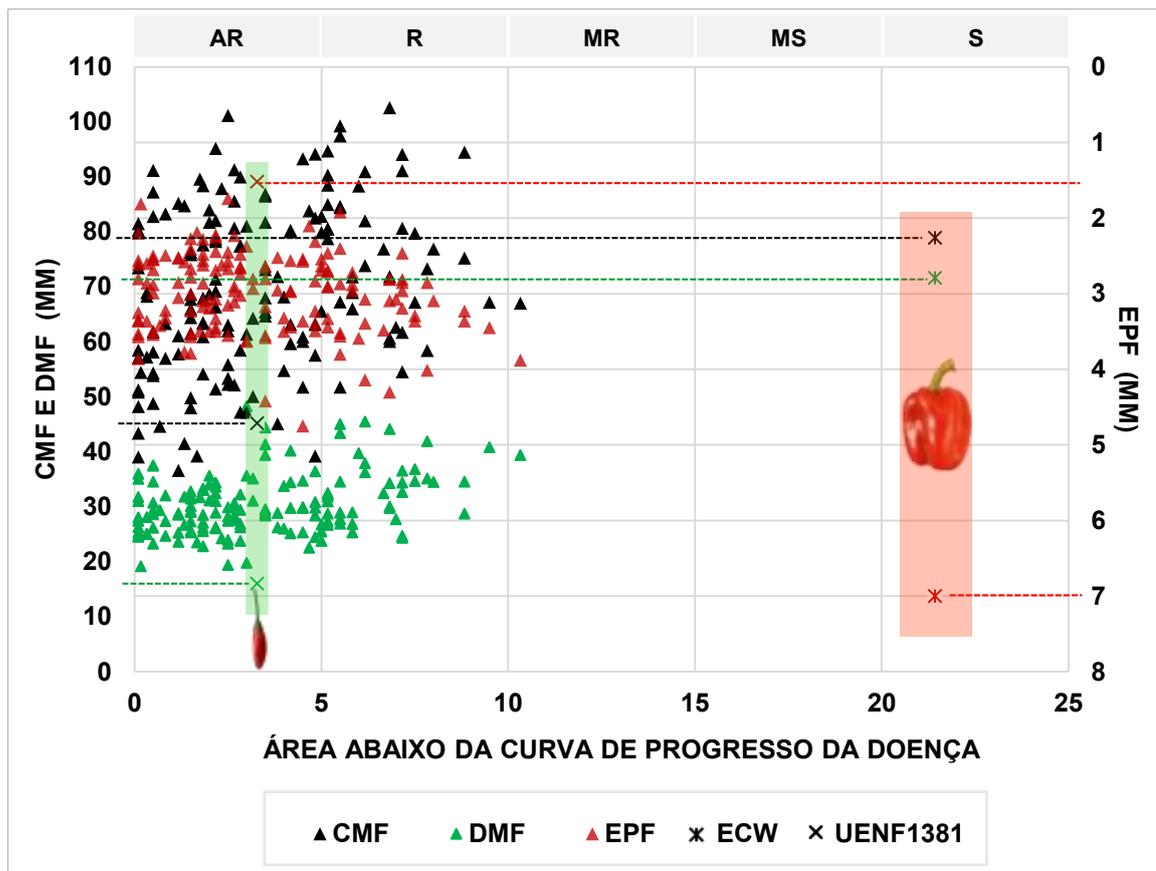


Figura 10. Valores fenotípicos individuais para severidade da antracnose no fruto imaturo e para comprimento, diâmetro e espessura do pericarpo do fruto observados nas 150 plantas $F_{2:3}$ selecionadas e nas testemunhas UENF 1381 e UENF 2285 (ECW).

Via de regra PI e PL maiores indicam maior resistência da planta hospedeira à colonização pelo patógeno. Constatou-se que algumas plantas $F_{2:3}$ [104-3, 104-15, 247-13, 250-5, 309-4, 309-9 e 321-11 (Tabelas 1A, 2A e 3A)] apresentaram uma reação rápida à infecção pelo patógeno com manifestação de lesão necrótica minúscula no ponto de inoculação, no primeiro, segundo ou terceiro dia após a inoculação. Essas lesões, por sua vez, permaneceram estáticas ou desenvolveram muito lentamente ao longo dos demais dias de avaliação, não apresentando esporos visíveis a olho nu até o último dia de avaliação resultando em PL superior a sete dias e baixos valores de AACPD.

Quanto às variáveis associadas à morfologia do fruto, todas as plantas selecionadas apresentaram estimativas positivas de ganhos genéticos. Verificou-se para estas características uma maior frequência de indivíduos selecionados com

valores genéticos aditivos negativos. Dentre as 150 plantas selecionadas, 36% tiveram estimativas negativas dos valores genéticos aditivos para DMF. Curiosamente, todas as 25 plantas com estimativas negativas de ganhos genéticos para AACPD, isto é, plantas altamente resistentes à antracnose, apresentaram estimativas negativas dos valores genéticos aditivos para dois ou três descritores morfométricos do fruto (Figura 11).

As dimensões dos CMF, DMF e EPF, conjuntamente, auxiliam na diferenciação entre frutos de pimenta e pimentão. Frutos com maiores espessuras do pericarpo, diâmetro e comprimento, por exemplo, são característicos de pimentão. Em pimentas quando a finalidade almejada é a produção de páprica, pericarpos finos são ideais. Espessuras de 0,5 a 2,0 mm em pimentas caienas, possibilitam a secagem rápida para o processamento da pimenta em pó de páprica, enquanto, para os pimentões pericarpos carnudos, com espessura de 3 mm a 6 mm, são desejáveis (Rathinasabapathi, 2020).

Os resultados para a análise de correlação de Pearson com os valores genéticos aditivos de cada uma das seis variáveis nas plantas selecionadas, evidenciam que há uma relação inversa entre a resistência à antracnose e aumento do tamanho dos frutos (Tabela 4). Deparar-se com respostas correlacionadas de caracteres é trivial no melhoramento de plantas e, em se tratando de *C. annuum* a associação positiva entre suscetibilidade a doenças e variáveis quantitativas tem sido relatada. Correlações positivas para suscetibilidade à podridão dos frutos causada por *Phytophthora capsici* e o aumento da espessura do pericarpo, perímetro e comprimento, e correlação negativa com o formato do fruto foram detectadas por Naegele et al. (2016).

De qualquer modo, a seleção realizada para o conjunto das seis características em questão, auxiliada pelo índice de seleção de Mulamba e Mock (1978) combinado com os *ranks* do Blup fenotípico, indicaram uma melhoria para a média da próxima geração descendente. Os resultados obtidos atestam o que é característico da seleção simultânea por índices de seleção, isto é, se o ganho sobre uma característica é diminuído, essa diminuição é compensada por uma melhor distribuição de ganhos favoráveis nas demais características (Cruz et al., 2012).

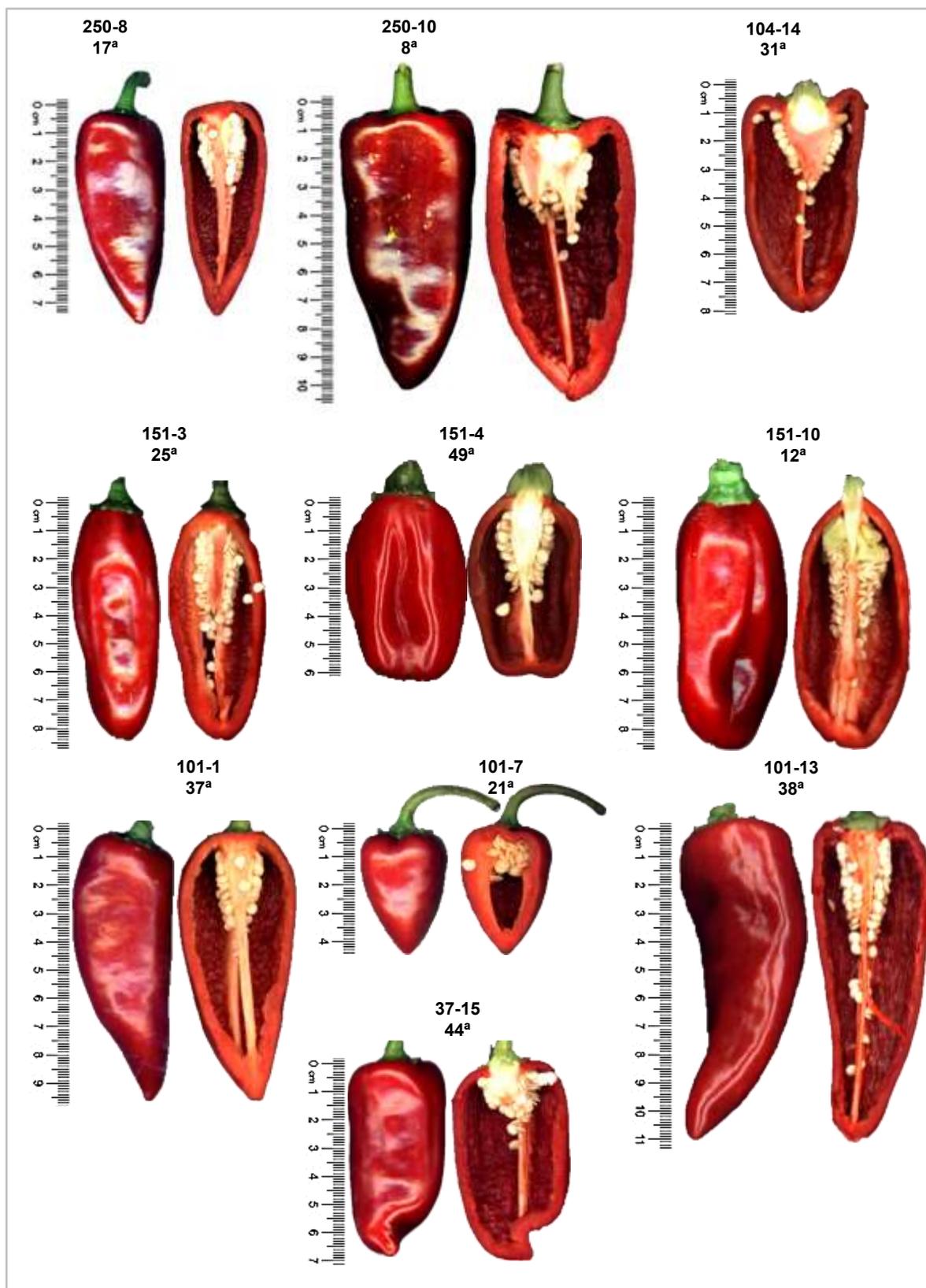


Figura 11. Ilustração da variação morfológica de frutos de algumas plantas $F_{2:3}$ que apresentaram estimativas negativas de ganhos genéticos para curva de progresso da antracnose.

Tabela 4. Matriz de correlação de Pearson baseada nos valores genéticos aditivos preditos das variáveis período de incubação (PI), período latente (PL) e área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) em frutos imaturos, comprimento médio do fruto (CMF) diâmetro médio do fruto (DMF) e espessura média do pericarpo (EPF) para as 150 plantas selecionadas.

	PI	PL	AACPD	CMF	DMF
PL	0.387** (0.000)				
AACPD	-0.769** (0.000)	-0.747** (0.000)			
CMF	-0.484** (0.000)	-0.18* (0.028)	0.336** (0.000)		
DMF	-0.386** (0.000)	-0.443** (0.000)	0.579** (0.000)	0.104 ^{ns} (0.205)	
EPF	-0.204* (0.012)	-0.406** (0.000)	0.422** (0.000)	-0.01 ^{ns} (0.905)	0.623** (0.000)

* Correlação é significativa ao nível de 5%; ** Correlação é significativa ao nível de 1%; entre parenteses estão os *p values*;

3.1.4.3. Componentes de variância, parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos para progênies F_{3:4}

Os componentes de variância e parâmetros genéticos estimados para as nove características avaliadas, PI, PL e AACPD para frutos imaturos e CMF, DMF, EPF, MFT, MMF e NTF, bem como as médias fenotípicas observadas nas 105 progênies F_{3:4} e nas testemunhas, são mostrados na Tabela 4. Na Figura 12 é mostrada a amplitude dos valores fenotípicos observados para as nove variáveis nas progênies F_{3:4} e os valores médios observados nas testemunhas.

Os resultados mostram que a maior parte da variância fenotípica observada para as variáveis PI, PL, EPF e MMF deve-se a variação residual e em menor proporção aos fatores genéticos. Em função disso, essas variáveis apresentaram herdabilidades no sentido restrito com magnitudes moderadas, sendo o menor valor observado para PI (31,9%). Dada a importância das três variáveis associadas à antracnose, é preciso considerar qualquer possibilidade de ganho que seja detectada. Dessa forma, as informações obtidas para variáveis PI e PL serão utilizadas para auxiliar na seleção de plantas resistentes.

Tabela 5. Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados para período de incubação (PI), período latente (PL) e área abaixo da curva de progresso da doença em frutos nos estádios imaturo (AACPD), comprimento médio de fruto (CMF), diâmetro médio de fruto (DMF), espessura média do pericarpo do fruto (EPF), massa fresca total de frutos (MFT), massa média de fruto (MMF) e número total de frutos por planta (NTP), em 105 progênes F_{3:4} de *C. annuum* var. *annuum*.

Parâmetros ¹	Progênes F _{3:4}								
	PI	PL	AACPD ²	CMF	DMF	EPF	MFT	MMF	NTP
σ^2a	0,604	0,907	0,778	156,908	27,869	0,180	62043,846	77,422	169,992
σ^2e	1,288	1,344	0,678	131,052	19,888	0,213	46398,086	114,305	122,839
σ^2f	1,892	2,251	1,456	287,960	47,756	0,393	108441,932	191,726	292,831
h^2a	0,319	0,403	0,534	0,545	0,584	0,458	0,572	0,404	0,581
h^2mp	0,824	0,871	0,920	0,923	0,933	0,894	0,930	0,871	0,933
Acprog	0,908	0,933	0,959	0,961	0,966	0,946	0,965	0,933	0,966
h^2ad	0,234	0,337	0,574	0,599	0,701	0,423	0,669	0,339	0,692
CVgi%	22,536	16,624	25,287	17,006	15,466	14,229	53,110	36,526	59,720
CVe%	32,918	20,243	23,599	15,542	13,065	15,471	45,928	44,382	50,766
CVr	0,685	0,821	1,072	1,094	1,184	0,920	1,042	0,823	1,176
Média	3,450	5,730	3,488	73,660	34,130	2,980	469,000	24,09	21,83
UENF 2285 - Suscetível									
Média	2,60	3,40	25,79	88,66	66,09	5,18	514,15	141,58	3,68
Mínimo	2,00	3,00	20,50	66,71	30,52	3,11	74,00	54,67	1,00
Máximo	3,00	4,00	30,50	110,75	81,30	7,64	2133,33	213,33	10,00
UENF 1381 - Resistente									
Média	4,83	7,10	3,71	40,18	15,64	1,51	129,76	3,94	31,52
Mínimo	3,00	5,33	0,00	29,54	12,65	1,07	24,00	1,50	9,00
Máximo	8,00	8,00	7,50	47,06	18,70	1,90	345,17	5,20	76,00

¹Variância genética entre progênes (σ^2a), variância residual (σ^2e), variância fenotípica (σ^2f), herdabilidade individual no sentido restrito (h^2a), herdabilidade da média da progênie (h^2mp), herdabilidade aditiva dentro da progênie (h^2ad), acurácia da seleção da progênie, assumindo sobrevivência completa (Acprog), coeficiente de variação genética aditiva individual (CVgi), coeficiente de variação residual (CVe) e média geral. ²Dados transformados por $\sqrt{x+1}$.

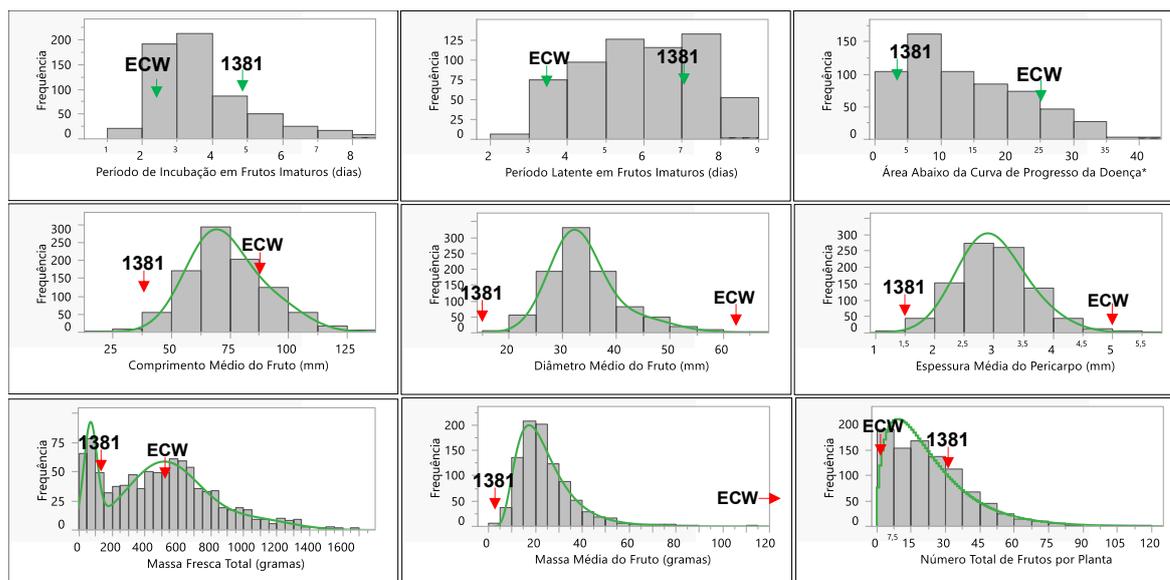


Figura 12. Distribuição de frequência das 105 progênies F_{3:4} e testemunhas em relação aos fenótipos observados para variáveis relativas à antracnose em frutos imaturos, morfologia dos frutos e produção.

Nota-se que todas as demais variáveis apresentaram altas magnitudes de herdabilidades individuais no sentido restrito, oscilando entre 53,4% para AACPD e 58,4% para DMF. As estimativas entre herdabilidade individual no sentido restrito e herdabilidade aditiva dentro de progênies foram muito próximas em todas as variáveis, logo de magnitudes moderadas e altas. Quanto mais elevada é a proporção da variância genética e/ou menor a influência do componente ambiental em relação variância fenotípica, maior será a herdabilidade da característica e maior será ganho com a seleção. As altas magnitudes de herdabilidade média de progênie contribuíram para elevadas magnitudes de acurácia seletiva.

Os coeficientes de variação genética aditiva individual são indicadores da proporção da variação genética em relação à média da característica. Quanto mais altos forem os valores para este parâmetro, maior variabilidade genética é esperada para a característica na população avaliada. As estimativas de CV_{gi} observados para as progênies F_{3:4} variaram de moderadas (14,29 % para EPF) a altas (59,72% para NTF). Esses valores implicam que é possível selecionar plantas com alto número de frutos por planta e que ganhos menores podem ser obtidos em características como EPF. Todavia, conclusões não devem ser tomadas sem considerar as variações do ambiente que interferem sobre as variações de causa genética.

As estimativas resultantes da razão entre o CV_{gi} e o CV_e para as variáveis severidade da antracnose (AACPD), CMF, DMF, MFT e NTF foram superiores a unidade. Isso demonstra que o componente genético aditivo, o qual é transmitido aos descendentes, se sobrepõe ao componente residual e, portanto, certifica que há uma condição favorável para seleção de plantas com melhor valor genético aditivo para essas características com elevadas magnitudes de acurácias ($A_c > 0,7$). Estimativas de CV_r muito próximas a unidade foram constatados para EPF (0,92), MMF (0,82) e PL (0,82). Valores próximos e superiores a um são indicadores de que há uma oportunidade promissora à seleção de plantas superiores e que métodos simples podem resultar em ganhos desejáveis para as variáveis em questão.

A análise comparativa entre as médias fenotípicas observadas para as principais variáveis nos dois experimentos conduzidos (Figura 13) evidencia que houve ganho ($\hat{m}_{F_{3:4}} - \hat{m}_{F_{2:3}}$) nas características associadas ao tamanho (CMF, DMF e EPF) e peso (MMF) médios do fruto (Figura 13a). Em relação a reação à antracnose no fruto, nota-se que houve um aumento na média das três variáveis (PI, PL, AACPD) tanto para as progênies F_{3:4}, quanto para as testemunhas R e S (Figura 13b, Tabelas 3 e 4).

Em ambas as gerações foi observada segregação entre e dentro de progênies tanto em características do fruto quanto na reação para a antracnose, sendo observado para esta, plantas com nível de susceptibilidade superior ao do acesso UENF 2285. Segregação transgressiva para a suscetibilidade já havia sido observada na geração F₂ (Gerônimo, 2018). A amplitude para AACPD observada nos frutos imaturos das progênies F_{3:4} variou entre 0,00 e 40,00, enquanto para as progênies F_{2:3} os valores oscilaram entre 0,00 e 30,00. Uma vez que as testemunhas R e S, as quais são linhagens, também tiveram incremento em seus valores de AACPD, PI e PL durante a avaliação da geração F_{3:4}, não se pode inferir sobre ganhos para resistência/suscetibilidade entre gerações.

A manifestação mais severa da doença nos frutos, observada no experimento com as progênies F_{3:4}, pode ser consequência de influências das condições ambientais entre os dois ensaios, em especial, oscilações de temperatura em função da estação/mês do ano em que as inoculações foram conduzidas (Maio-Setembro/2017 e Agosto-Setembro/2018). Outro importante fator refere-se à maior precisão no julgamento dos sintomas exercido pelo avaliador

no segundo experimento, em decorrência da experiência adquirida na avaliação do primeiro.

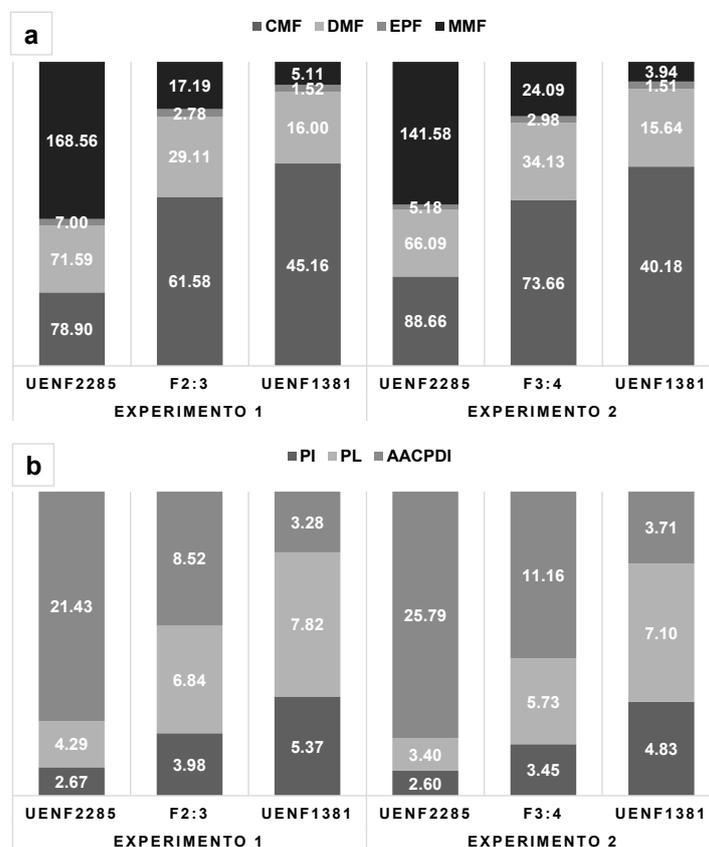


Figura 13. Médias fenotípicas observadas para as variáveis comprimento (CMF), diâmetro (DMF), espessura média do pericarpo do fruto (EPF), massa média de frutos (MMF), período de incubação (PI), período latente (PL) e área abaixo da curva de progresso da doença em frutos nos estádios imaturo (AACPI) em 94 progênies F_{2:3}, 105 progênies F_{3:4} e nas testemunhas.

De qualquer modo, os fatores mencionados não invalidam o que já foi discutido sobre a potencialidade da população para se obter plantas superiores quanto a resistência à infecção por *C. scovillei*. Por outro lado, é recomendável que nos próximos experimentos haja um maior controle das condições ambientais para reduzir, o máximo possível, as interferências negativas dessas condições na manifestação da doença e assim reduzir as chances de selecionar plantas com genótipos indesejáveis.

3.1.4.4. Seleção das plantas F_{3:4} superiores

Os valores fenotípicos individuais, efeitos genéticos aditivos, valores genéticos aditivos, ganhos e novas médias preditos para cada variável nas 100 plantas F_{3:4} mais bem classificadas pelo índice de seleção são mostrados na Figura 14 e Apêndice B. Dentre as plantas selecionadas, foi observado que 40% delas pertencem às seis progênies (250.8, 317.5, 250.10, 170.4, 321.4 e 337.7) com melhores níveis de resistência à antracnose, as quais mostraram valor genético aditivo similar ao da testemunha UENF 1381. A progênie 317.5, por exemplo, derivada da planta com o segundo melhor *ranking* na geração F₂, na geração F_{2:3} foi a quinta colocada e F_{3:4} todos descendentes avaliados mostram resistência à antracnose, sendo observada na genealogia dessa progênie resistência em ambos estádios de maturação dos frutos para a infecção causada pelo fungo.

O mérito das progênies, acima mencionadas, se entende para as características morfológicas dos frutos, indicando potencial para obtenção de cultivares tanto de pimentões quanto de pimentas, como pode ser observado na progênie 321.4 (Figura 13). Os ganhos genéticos negativos preditos para AACPD ocorreram exclusivamente em plantas descendentes dessas progênies. As plantas pertencentes à progênie 250.8 foram 100% altamente resistentes (AACPD < 5,00). Na progênie 250.10 as plantas segregaram nas proporções de $\frac{8}{10}$ altamente resistentes: $\frac{2}{10}$ resistentes. Nas progênies 170.4, 317.5 e 337.7 foram observadas $\frac{6}{10}$ plantas altamente resistentes: $\frac{4}{10}$ plantas resistentes e na 321.4 houve uma maior variação fenotípica observando-se $\frac{4}{9}$ plantas altamente resistentes: $\frac{3}{9}$ resistentes: $\frac{2}{9}$ moderadamente resistentes. Na Figura 15 são destacados frutos de plantas selecionadas, em meio a frutos com sintomas severos de antracnose de plantas eliminadas, onde é possível perceber frutos com características de pimentas e de pimentões.

Todas as plantas selecionadas tiveram estimativas negativas para os efeitos genéticos aditivos preditos para AACPD ($-11,22 \leq a \leq -4,80$). O valor genético aditivo predito para estas plantas oscilou entre 2,40 e 8,82, estando a maioria das plantas classificadas como altamente resistentes (91%), uma vez que, esses valores estavam dentro da faixa observada na testemunha UENF 1381 ($1,37 \leq u+a \leq 7,29$). Para o PL todos os valores de efeito genético aditivo foram

positivos nas plantas selecionadas, indicando desempenho superior ao da média da variável. Já para PI ocorreram valores negativos para efeitos genéticos aditivos em 11% das plantas classificadas. Por outro lado, percebeu-se que estas plantas tiveram ganhos para a maioria das demais variáveis, sendo estes mais expressivos para DMF, EPF e MMF.

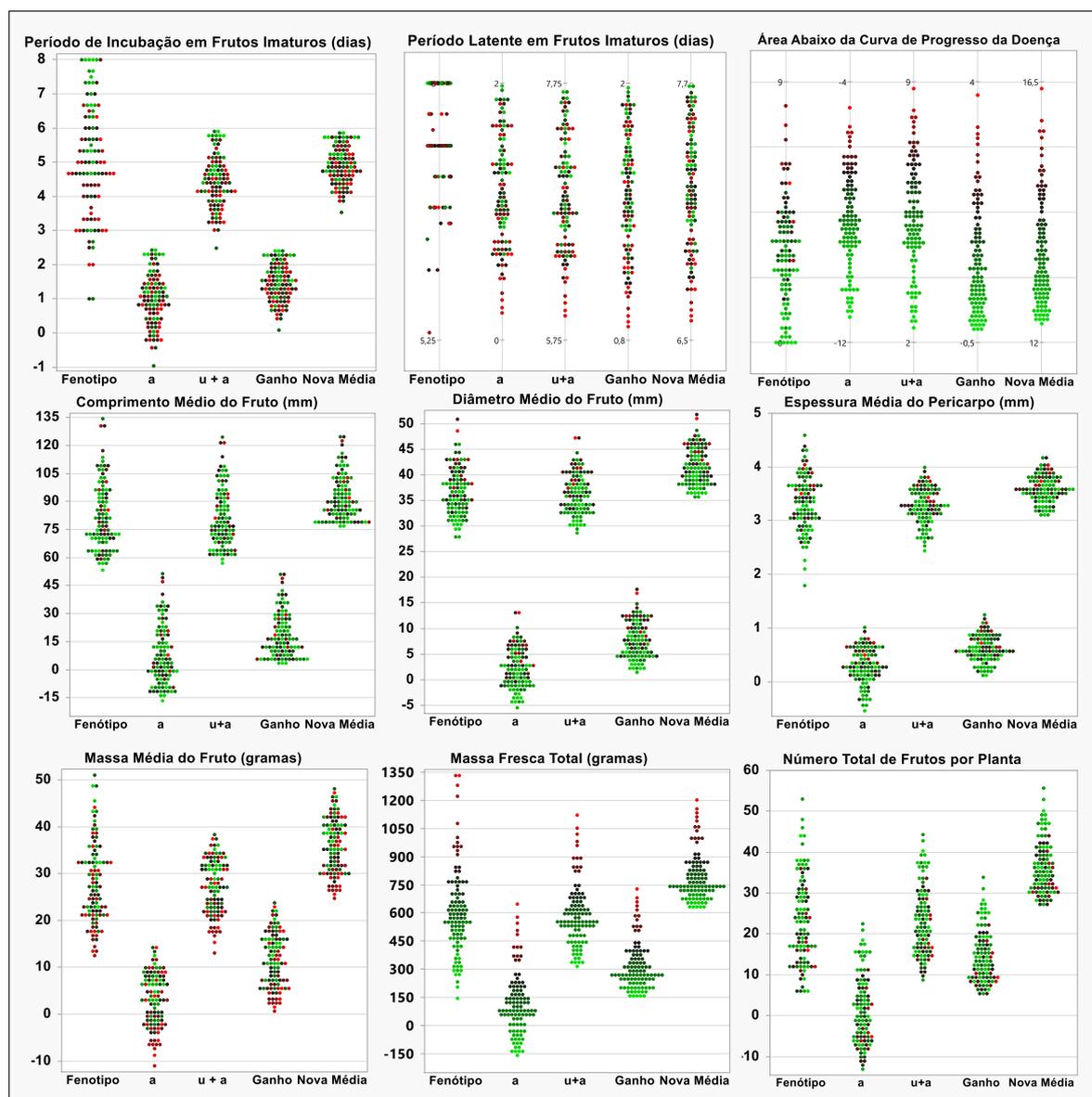


Figura 14. Diagramas de dispersão com a distribuição dos valores fenotípicos observados, efeitos genéticos aditivos (a), valores genéticos aditivos (u+a), ganhos genéticos e novas médias previstas para nove variáveis nas 100 plantas $F_{3:4}$ mais bem ranqueadas pelo índice de Mulamba e Mock com pesos econômicos.

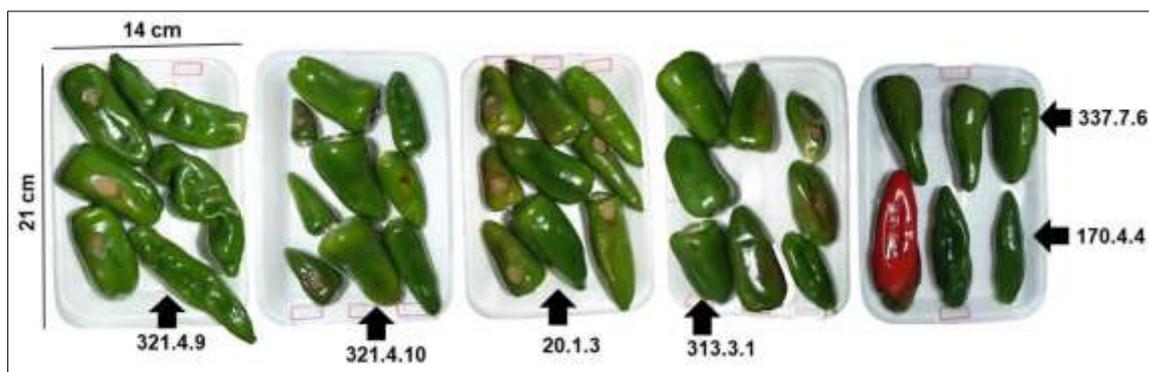


Figura 15. Fenótipo para a severidade de antracnose em frutos de plantas $F_{3:4}$ no sétimo dia após a inoculação com *C. scovillei*.

Setas e números identificam plantas selecionadas; A identificação da planta em cada geração é separada por um ponto ($F_2.F_3.F_4$).

Em virtude dos ganhos obtidos para CMF pela seleção praticada em $F_{2:3}$, havendo frutos com até 13,43 cm, em $F_{3:4}$ atribuiu-se peso um para essa variável no índice de seleção. Dentre as plantas selecionadas, 59% apresentaram superioridade à média dessa variável. Entre as 41% das plantas com efeitos genéticos negativos para CMF, estão inseridas todas as plantas que tiveram estimativas negativas para ganhos genéticos em AACPD, incluindo todas as plantas da melhor progênie (250.8). Para as variáveis DMF e EPF, os valores negativos para os efeitos genéticos ocorreram, respectivamente, em 36% e 17% das plantas selecionadas e, assim como observado para CMF, essas plantas em sua grande maioria são pertencentes as seis progênies com maior resistência à doença.

A inclusão de todas as variáveis para a seleção em $F_{3:4}$, utilizando o índice de Mulamba e Mock (1978) combinado com a atribuição de maiores pesos econômicos para AACPD (150), DMF (50) e EPF (15), foi muito eficaz na seleção de linhas com nível desejável de resistência à infecção por *C. scovillei*. As relações inversas entre aumentar as variáveis relativas ao tamanho do fruto e produção e aumentar a resistência à doença, indicam que há maiores possibilidades de serem obtidas linhagens de pimentas e minipimentões resistentes ao fungo. No próximo ensaio, as progênies precisam ser avaliadas quanto a pungência, uma vez que isso não foi feito nas gerações anteriores.

Cultivares de pimentão e pimentas que reúnam características como resistência à antracnose são extremamente desejáveis para uma produção mais

sustentável, uma vez que até esta data, inexitem tanto no mercado brasileiro quanto no mercado internacional. O cultivo de plantas resistentes tornará viável a colheita de frutos mais tardiamente, reduzirá a quantidade de pulverizações para controle do fungo na cultura e estenderá a durabilidade dos frutos comercializáveis durante a fase pós-colheita.

3.1.5. CONCLUSÕES

Um total de 100 plantas $F_{3:4}$ foram selecionadas para compor a próxima geração. Plantas com valores genéticos aditivos para resistência equiparáveis ao valor genético da testemunha UENF 1381, derivaram das progênies 317.5, 250.8, 250.10, 170.4, 321.4 e 337.7, as quais juntas contribuíram com 40% das plantas selecionadas.

Não foi possível obter plantas de pimentão com frutos grandes e resistência simultaneamente. Há maiores possibilidades de que ao final desse programa de melhoramento sejam obtidas linhagens de minipimentões resistentes ao fungo.

3.2. MAPEAMENTO DE GENES DE RESISTÊNCIA ASSOCIADOS À MANCHA BACTERIANA EM PIMENTÃO

3.2.1. INTRODUÇÃO

A mancha bacteriana é uma das principais bacterioses associada às culturas do pimentão, pimenta e tomate e é causada por bactérias do gênero *Xanthomonas*, cujas raças são agrupadas em quatro espécies distintas: *X. euvesicatoria*, *X. vesicatoria*, *X. perforans* e *X. gardneri* (Jones et al., 2004). Estes patógenos possuem distribuição mundial e ocorrem naturalmente nas áreas de cultivo, havendo maior gravidade em regiões com climas tropicais e subtropicais, nas condições de temperatura, umidade e precipitação elevadas (Stall et al., 2009).

Tais bactérias podem atacar quaisquer órgãos aéreos da planta, em qualquer estágio fenológico, podendo provocar danos foliares relevantes, tanto em ambiente protegido quanto no campo, gerando perdas significativas na produção e qualidade dos frutos (Riva-Souza et al., 2009; Hamza et al., 2010). Os sintomas são caracterizados por lesões necróticas, angulares, com coloração de marrom escuro a preto e com aspecto encharcado a oleoso, que podem ser observados nas folhas, caules, flores e frutos. As lesões primárias coalescem, convertendo-se em necrose extensa e aparência clorótica. O desfolhamento e queda de flores e frutos, frequentemente, ocorre em cultivos no campo com predomínio do patógeno (Potnis et al., 2015).

A mancha bacteriana em áreas produtoras de *Capsicum* spp. em diferentes regiões do Brasil é, majoritariamente, devida às cepas de *X. euvesicatoria* (Areas et al., 2015; Lima, 2015). Contudo, um levantamento do complexo *Xanthomonas* em cultivos de *Capsicum* spp. conduzido em 2015, relatou pela primeira vez a ocorrência natural de *X. gardneri* na região Sudeste e *X. perforans* no estado do Ceará, assim como novas raças de *X. euvesicatoria* em diferentes regiões do País (R. dos S. Lima, 2015).

A resistência para sulfatos de cobre e zinco em raças de *X. euvesicatoria* brasileiras tem sido observada (Areas et al., 2018). Múltiplas aplicações de bactericidas, como antibióticos e compostos à base de cobre, tem sido o método de manejo tradicionalmente empregado para as manchas bacterianas e outras fitobacterioses e, devido ao uso excessivo dos mesmos componentes químicos (cobre, estreptomicina, etc.), o rápido surgimento de cepas resistentes a estes tornou-se comum (Jeffrey B. Jones et al., 2012; Rekanovic et al., 2019; Šević et al., 2019).

Estes patógenos têm a capacidade de evoluir rapidamente, gerando uma ampla variabilidade nas populações de *Xanthomonas* spp. Avanços recentes em análises genômicas têm permitido compreender melhor a evolução destes patógenos revelando uma infinidade de novos fatores de virulência (Potnis et al., 2015b). A contínua evolução, que cria variabilidade nas populações de patógenos, gera a resistência das raças ao controle químico, bem como a quebra da resistência do hospedeiro (Stall, Jones e Minsavage, 2009).

O controle de doenças por meio da resistência genética constitui uma das estratégias mais seguras e adequadas, porque pode garantir a produtividade da cultura e proteger o meio ambiente, agricultores e consumidores de contaminações por resíduos tóxicos. Uma vez que os patógenos estão em constante evolução, a busca por genes de resistência e a transferência desses alelos para genótipos com características comerciais deve também ser contínua. Para o controle da mancha bacteriana através da resistência genética do hospedeiro, é necessário desenvolver cultivares com genes de resistência que confirmam durabilidade no campo, a qual é ampliada via piramidação dos genes de resistência já conhecidos e pela identificação de novas fontes de resistência (Wente et al., 2018).

Neste contexto, o programa de melhoramento de *Capsicum* da UENF tem atuado para desenvolver cultivares de pimentas e pimentão resistentes à mancha

bacteriana (Costa, et al., 2002; Sudré, 2003; Riva et al., 2004; Riva, 2006; Riva-Souza et al., 2009; Moreira et al. 2015; Pimenta, 2016; Silva, 2018; da Graça et al., 2020). Dentre as contribuições geradas para o entendimento e controle dessa doença, destacam-se a obtenção de três cultivares de pimentas resistentes à mancha bacteriana, 'UENF Campista', 'UENF Carioquinha', e 'UENF Carioca' ((Pimenta et al., 2016; Bento et al., 2017) e a identificação de novas fontes de resistência (Sudré, 2003; Bento et al., 2017) contribuindo para a descoberta de novos genes associadas à mancha bacteriana (Potnis et al., 2012; Silva, 2018).

Trabalhos conduzidos em parceria com o *Department of Plant Pathology* da *University of Florida*, centro de referência internacional no estudo do complexo *Capsicum-Xanthomonas*, geraram, mais recentemente, indícios sobre possíveis novos genes recessivos associados à resistência no acesso UENF 1381 para várias raças das quatro espécies de *Xanthomonas* (Silva, 2018). É importante ressaltar que apenas dois genes recessivos, *bs5* e *bs6*, são conhecidos por conferir resistência à mancha bacteriana em pimentas (Jones et al., 2002a; Stall et al., 2009; Vallejos et al., 2010). Dessa forma, é pertinente investigar sobre quais genes se expressam no acesso UENF 1381 promovendo resistência para as raças mais virulentas de *Xanthomonas* testadas por Silva (2018).

O presente estudo teve por objetivos investigar sobre novos genes de resistência no acesso UENF 1381 associados a *X. euvesicatoria* (*Xe*) e *X. gardneri* (*Xg*), localizar as regiões do genoma contendo os genes de resistência por meio do sequenciamento de plantas segregantes em *bulk*, desenvolver marcadores moleculares e genotipar as gerações segregantes F₂:RC₁₂ e F₂:RC₁₃ para restringir as regiões contendo os genes de resistência e realizar a seleção assistida por marcadores no desenvolvimento de isolinhas.

3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.2.2.1. Resistência genética à mancha bacteriana em *Capsicum*

Respostas qualitativas e quantitativas de resistência a patógenos associados à mancha bacteriana têm sido identificadas em pimenta (Jones, Stall

e Bouzar, 1998; Tai et al., 1999; Jones et al., 2002; Riva et al., 2004; Schornack et al., 2008; Stall et al., 2009; Potnis et al., 2012, 2015; Silva et al., 2017; Bento et al., 2017). A reação hipersensível (RH) é controlada de acordo com a teoria gene-a-gene, isto é, a resistência é controlada por um gene de avirulência (*Avr*) no patógeno e um gene de resistência (*R*) no hospedeiro (Flor, 1955). A resistência quantitativa ou poligênica à mancha bacteriana parece ser mais durável do que a resistência das plantas associada a RH (Potnis et al., 2015b).

Em *Capsicum* foram descritos seis genes de resistência dominantes *Bs1*, *Bs2*, *Bs3* (Stall et al., 2009), *Bs4C* (Strauss et al., 2012), *Bs7* (Potnis et al., 2012) e *BsT* (Minsavage et al., 1990), os quais desencadeiam resposta hipersensível após o reconhecimento dos genes de avirulência *avrBs1*, *avrBs2*, *avrBs3*, *avrBs4C*, *avrBs7* e *avrBsT*, respectivamente (Potnis et al., 2015). As plantas portadoras destes genes são aptas para detectar raças específicas do agente patogênico e impedir a infecção. Em se tratando de resistência específica à raça, as cultivares precisam reunir os genes de resistência para à(s) raça(s) presente(s) no campo para serem eficazes no controle da doença. A durabilidade da resistência no campo, exige esforços contínuos para piramidação desses genes de resistência conhecidos e para identificar novas fontes de resistência (Stall et al., 2009; Went et al., 2018).

Dois genes de resistência recessivos são conhecidos, *bs5* e *bs6*, os quais fornecem uma resistência não hipersensível (Jones et al., 2002). Plantas de pimenta contendo *bs5* ou *bs6*, separadamente, foram inoculadas com uma ampla coleção de patógenos causadores de manchas bacteriana e observou-se uma alta severidade às raças de *X. gardneri*. No entanto, plantas que continham *bs5* e *bs6* apresentaram reação menos agressiva às respectivas raças (Stall et al., 2009). O gene *bs5* conferiu uma resistência mais durável às raças 0-10 de *X. euvesicatoria*, enquanto o gene *bs6* fornece um nível mais alto de resistência somente quando combinado com *bs5* (Went et al., 2018).

Na caracterização desses dois genes para a resistência a *X. euvesicatoria* raça P6, Vallejos et al. (2010) observaram interação epistática em função da temperatura. A avaliação individual dos genes indicou que sob temperatura de 25°C o *bs5* confere maior nível de resistência do que o *bs6*, e quando combinados na mesma planta eles conferem resistência total à raça T0P6, configurando ação genética aditiva. Sob condições de temperatura de 30°C as resistências de plantas

com genes separados foram altamente comprometidas, enquanto em combinação proporcionaram resistência quase completa para a raça T0P6, evidenciando interação epistática positiva a altas temperaturas (Vallejos et al., 2010).

Na fenotipagem de uma população derivada do cruzamento entre "Hercules" e o acesso UENF 1381 para a reação ao isolado de *X. euvesicatoria* ENA 4135, raça T1P3, o estudo de herança indicou que a resistência era controlada por no mínimo três genes recessivos (Riva, 2004). Numa população derivada do pimentão 'Early Calwonder' (ECW) x UENF 1381, para este mesmo isolado, foi observado que o controle genético da mancha bacteriana tem um aspecto quantitativo, com maior efeito aditivo, sendo a resistência conferida por um número mínimo de genes equivalente a cinco genes recessivos (Silva et al., 2017).

Uma série de inoculações com diferentes raças das quatro espécies de *Xanthomonas* foi conduzida com o acesso UENF 1381 e gerações descendentes do cruzamento ECW x UENF 1381 (Silva, 2018). Para quatro estirpes de *X. gardneri* foram observadas reações de hipersensibilidade (RH). O acesso UENF 1381 também apresentou RH para raça P1 de *X. euvesicatoria* (isolado BA26-1), RH intermediária para duas cepas de *X. perforans* e forte RH para três cepas de *X. vesicatoria*. Resistência quantitativa foi observada para isolados de *X. euvesicatoria* das raças P3 (Xe 0143) e P10 (Xe 18B). Silva (2018) concluiu que cinco genes (predominantemente recessivos), sendo um gene maior com efeito aditivo associado a poligenes de efeito aditivo e dominante, controlam a resistência à mancha bacteriana herdada do acesso UENF 1381.

3.2.2.2. Sequenciamento genômico de *Capsicum* spp. e avanços no mapeamento de genes de resistência

As primeiras sequências genômicas para espécies de *Capsicum* foram divulgadas por Kim et al. (2014) e Qin et al. (2014). Os dois genomas de referência contemplaram as principais espécies de pimentas cultivadas, *C. annuum* e *C. chinense*, incluindo o genoma para a variedade crioula de pimenta mexicana, *Criollo de Morelos 334* ('CM334') (Kim et al., 2014) e da cultivar 'Zunla-1' (Qin et al., 2014). Esses estudos destacaram que o tamanho do genoma da pimenta é de ~ 3,0 - 3,5 Gb, possui uma alta porcentagem (mais de 80%) de elementos repetitivos e codifica cerca de 35.000 genes (Kim et al., 2014).

A disponibilidade de sequências de genoma de referência de alta qualidade e de ferramentas genômicas acessíveis, como matrizes de *Single Nucleotide Polymorphism - SNP* e métodos baseados em *Next-Generation Sequencing - NGS* (sequenciamento de próxima geração) de baixa cobertura permitiram que vários mapas de alta densidade fossem desenvolvidos e usados para mapeamentos de *Capsicum* spp. nos últimos anos (Mohan e Paran, 2019). *C. annuum* 'CM334' e *C. chinense* 'PI159236' são importantes fontes de resistência a doenças e têm sido amplamente utilizadas como linhas parentais em populações de mapeamento (Naegele et al., 2014; Rehrig, et al., 2014; Xu et al., 2016; Mohan e Paran, 2019).

A abordagem de *NGS* em combinação com *Bulked Segregant Analysis – BSA* (Michelmore, Paran, & Kesseli, 1991), possibilitou identificar marcadores fortemente vinculados ao gene *Pvr4* em *C. annuum*, conferindo resistência dominante a três patótipos de *Potyvirus* (PVY) (Devran et al., 2015). O sequenciamento de cultivares resistentes e suscetíveis, permitiram detectar *SNPs* e alelos putativos relacionados a resistência para várias doenças de importância para a cultura, como oídio (Jo et al., 2017; Ahn et al., 2018), murcha bacteriana (Ahn et al., 2016), antracnose (Mahasuk et al., 2016), e podridão de raiz causada por *Phytophthora capsici* (Xu et al., 2016).

Um novo *locus* dominante, *PMR₁*, que confere resistência ao oídio em *C. annuum* foi mapeado por Jo et al. (2017). Estes autores localizaram seis marcadores moleculares, incluindo um marcador *SCAR* e cinco marcadores *SNPs*, em uma região a 0 cM do *locus PMR₁* e identificaram nessa região dois genes putativos de resistência à doença do tipo repetição rica em leucina com sítio de ligação a nucleotídeo (NBS-LRR). A comparação de marcadores *InDel* específicos da espécie e de marcadores *SNP* derivados da genotipagem por sequenciamento (*Genotyping-by-sequencing – GBS*), indicou que *C. baccatum* representa uma possível fonte dessa introgressão de resistência ao oídio em *C. annuum* na linhagem parental 'VK515R' (Jo et al., 2017).

Para a murcha bacteriana foi detectado um total de 5.514.563 *SNPs* polimórficos, a partir da comparação de dados de ressequenciamento de todo o genoma de duas variedades de pimenta, 'Saengryeg 211' (suscetível) e '82PR66' (resistente) com o genoma de referência de *C. annuum* 'CM334', e 42.236 *sets* de iniciadores de alta resolução foram selecionados (Ahn et al., 2016). A combinação de *BSA* com a técnica de *Specific Length Amplified Fragment sequencing (SLAF-*

seq) permitiu mapear em *C. annuum* um novo gene dominante, *PhR10*, no qual um alelo confere resistência à podridão de raiz, causada pelo isolado 'Byl4', raça 3 de *P. capsici* (Xu et al., 2016).

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Obtenção do material vegetal

Cruzamentos entre os acessos UENF 2285 (*C. annuum* cv. *Early Calwonder*, pimentão, suscetível à mancha bacteriana) e UENF 1381 (*C. annuum* var. *annuum*, pimenta pungente, resistente à mancha bacteriana), e a condução das gerações F₁, F₂ e retrocruzamentos (RC₁P₁ e RC₁P₂) foram realizadas conforme Silva (2018). Plantas destas gerações foram submetidas a testes de patogenicidade com *X. euvesicatoria*, cepa 'ENA 4135' (raça P3), no Laboratório de Melhoramento Vegetal da UENF, em Campos dos Goytacazes, RJ, BR, e o estudo de herança da característica é descrito em Silva et al. (2017).

Novas plantas dos parentais, F₁ e F₂ foram obtidas no *Department of Plant Pathology na University of Florida*, em Gainesville, FL, USA (mai-set/2017), e submetidas à uma série de ensaios de patogenicidade, empregando cepas das quatro espécies de *Xanthomonas* patogênicas em *Capsicum* spp. e/ou tomate, originadas de diferentes países (Silva, 2018). Para a investigação de possíveis novos genes de resistência à mancha bacteriana, a planta F₂#6 resistente a várias cepas (Silva, 2018) foi selecionada para avanço do programa. A planta F₂#6 foi utilizada para retrocruzamentos com o parental recorrente (UENF 2285) e duas gerações de retrocruzamentos foram avaliadas neste estudo (Figura 16). Linhas derivadas da F₂#6 foram também avançadas até a geração F₅, utilizando sementes de um fruto de autofecundação da melhor planta, isto é, a planta mais resistente a *X. euvesicatoria* e *X. gardneri*, de cada geração.

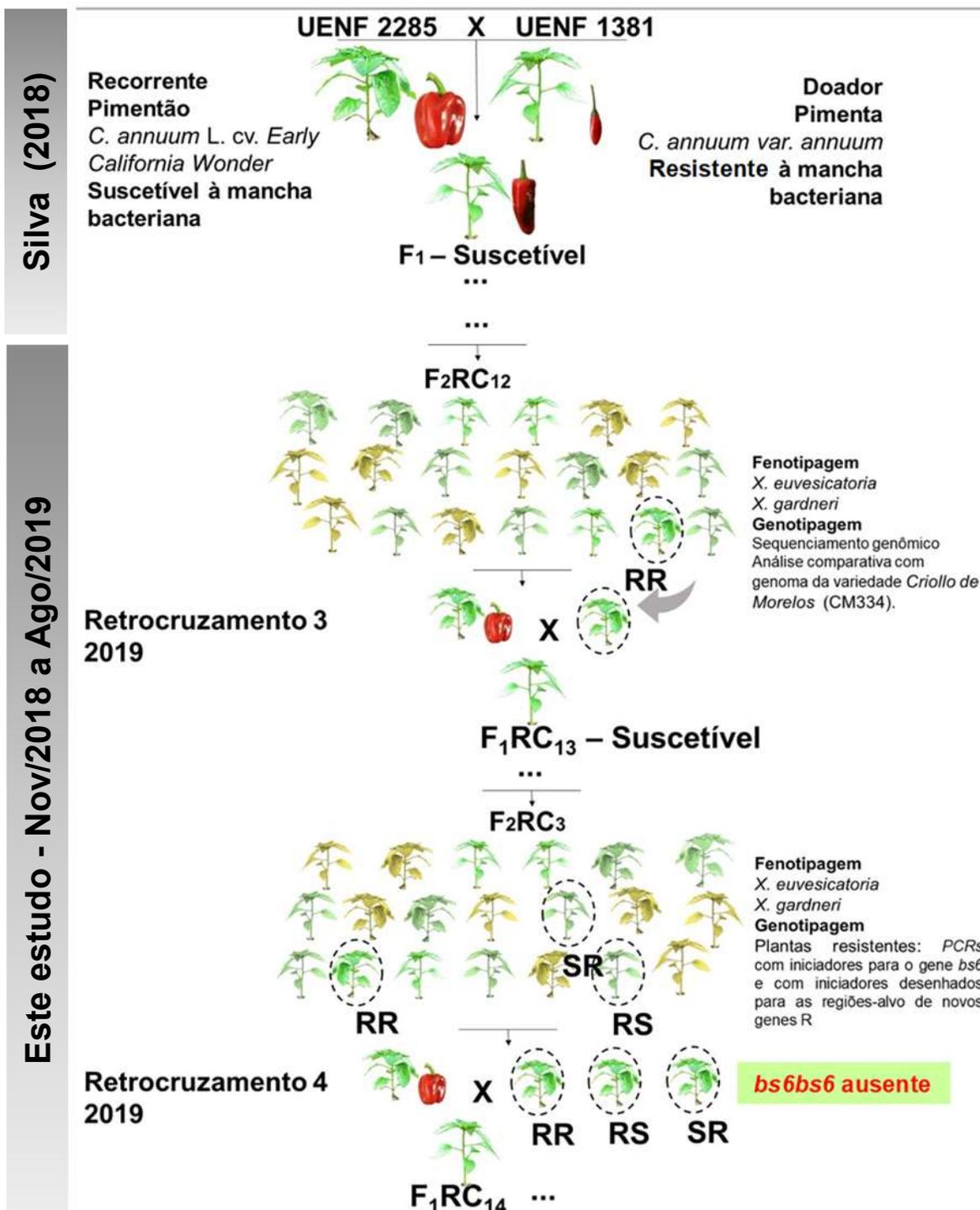


Figura 16. Etapas do programa de melhoramento para desenvolvimento de isolinhas de pimentão visando o estudo de novos genes de resistência a *X. euvesicatoria* (raça P6) e *X. gardneri* (raça P3).

RC: Retrocruzamento; RR- Planta resistente a *X. euvesicatoria* e suscetível a *X. gardneri*; RS - Planta resistente a *X. euvesicatoria* e suscetível a *X. gardneri* e SR – Planta suscetível a *X. euvesicatoria* e resistente a *X. gardneri*

3.2.3.2. Populações bacterianas em linhas recombinantes F₅ derivadas da planta F₂ #6

Doze plantas F_{2:5} e três plantas de cada parental foram submetidas a inoculações com *X. euvesicatoria* (Xe, raça P6) e *X. gardneri* (Xg, raça P3). As cepas foram cultivadas em placas com meio nutriente ágar e mantidas a 28 °C por 24h em incubadora BOD. Uma pequena amostra das colônias bacterianas (~metade da zona interna da alça de inoculação) foi transferida para tubos de ensaio contendo 3 mL de água da torneira autoclavada. A suspensão foi homogeneizada num agitador vórtex com intensidade controlada e a concentração celular ajustada para 10⁸ UFC mL⁻¹ em espectrofotômetro (A₆₀₀ = 0,3). Posteriormente, 50 µL das suspensões bacterianas (10⁸ UFC mL⁻¹) foram diluídas em 50 mL de água da torneira esterilizada, resultando na concentração final de 10⁵ UFC mL⁻¹. O inóculo bacteriano foi infiltrado nos espaços intercelulares no lado abaxial das folhas completamente expandidas, utilizando seringa com agulha hipodérmica. As duas cepas foram avaliadas nos 14 genótipos, sem repetição. As plantas foram mantidas em casa de vegetação sob temperatura de ~28°C até o momento da avaliação.

As populações bacterianas nos genótipos inoculados foram determinadas extraindo da folha dois discos de 0,5 cm² da área infiltrada com auxílio de um furador de rolha. Os discos foram macerados em 1 mL de água da torneira autoclavada utilizando tubos de ensaio e bastões de vidro. Posteriormente, foi feita a diluição em série para as concentrações de 10⁻¹ a 10⁻⁶, plaqueadas as diluições apropriadas em ágar nutriente e incubadas em BOD a 28°C por três dias, conforme ilustrado na Figura 17. As contagens foram realizadas nos dias zero e sete após a inoculação (0DAI e 7DAI). 0DAI incluiu apenas parental UENF 2285 com diluição a 10⁻¹, e teve por objetivo confirmar se a suspensão continha células viáveis na concentração adequada. Folhas de todas as plantas F_{2:5} e de cada parental foram amostradas no 7DAI. Dada a alta concentração de células formadoras de colônias esperada, foram transferidos para meio nutriente ágar 50 µL das diluições 10⁻³ a 10⁻⁶ para ambas as cepas. A contagem das colônias de Xe e Xg incluiu as placas com diluições de 10⁻³ a 10⁻⁶ e de 10⁻⁴ a 10⁻⁶, respectivamente. Os valores das contagens para Xe a 10⁻³ e Xg a 10⁻⁴ foram transformados em Log₁₀ e plotados em

gráfico de linha. As plantas com menor população bacteriana por centímetro quadrado de área foliar foram selecionadas para continuidade do programa.

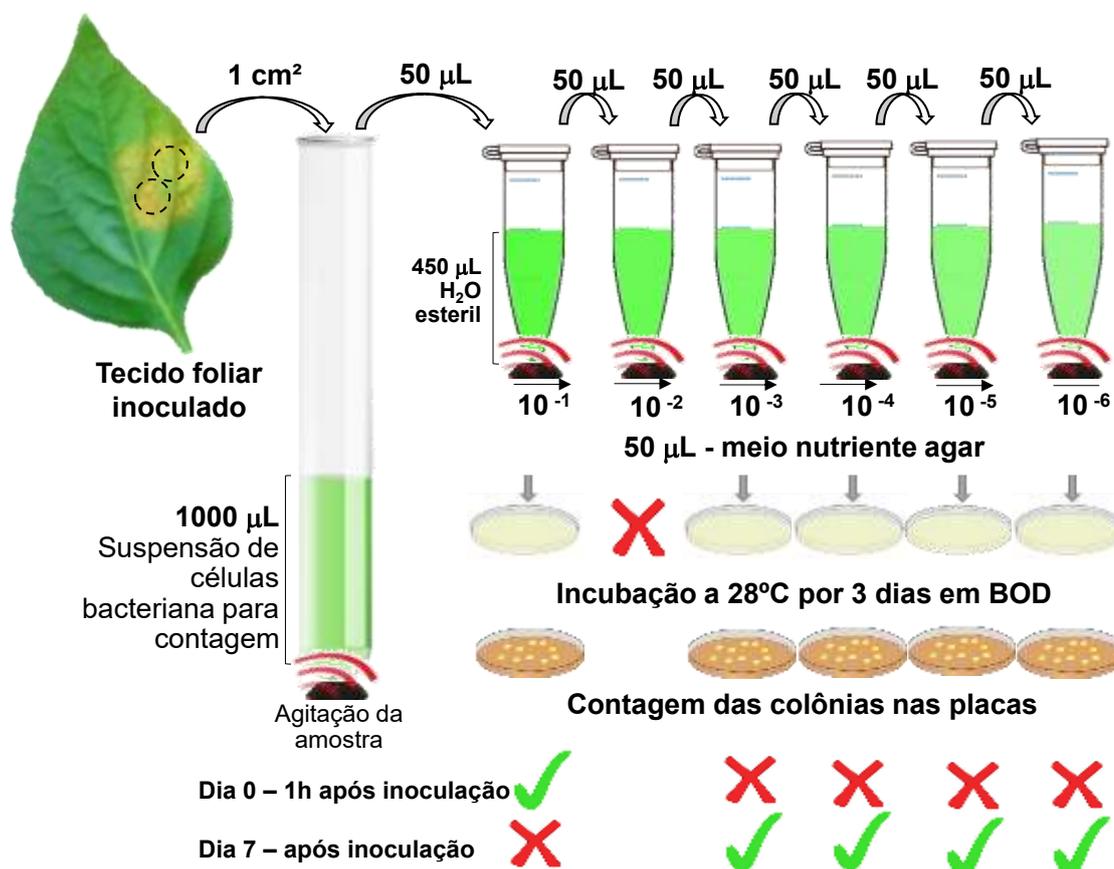


Figura 17. Metodologia empregada para avaliar a população de *X. euvesicatoria* e *X. gardneri* em linhas recombinantes F_{2:5} e acessos UENF 2285 e UENF 1381.

As plantas com menores populações bacterianas foram transplantadas para vasos plásticos maiores, de 10 cm para 15 cm de diâmetro, contendo substrato comercial para hortaliças e reinoculadas com Xe e Xg. As plantas foram mantidas em casa de vegetação sob condições de temperatura ~28°C e avaliadas com duas e três semanas após a inoculação, quando apresentaram sintomas visíveis da mancha bacteriana. A escala de notas apresentada na Figura 18 foi utilizada como referência para quantificar a severidade da doença. As plantas F₅ com melhores níveis de resistência para as cepas testadas foram mantidas para obtenção de sementes autofecundadas (F₆).

Notas	0	1	2	3	4
Sintoma					
	Ausência de sintoma visível na área inoculada	Área inoculada com coloração amarelada	Área inoculada amarelada e com alguns pontos necróticos	Manchas necrosadas na área inoculada	Área inoculada totalmente necrosada
Fenótipo	Resistente	Resistente	Suscetível	Suscetível	Suscetível

Figura 18. Escala de notas para avaliação da severidade da mancha bacteriana foliar em *C. annuum* var. *annuum*.

3.2.3.3. Teste de patogenicidade na população F₂RC₁₂

Cento e vinte plantas F₂RC₁₂ e quatro plantas de cada parental foram fenotipadas para mancha bacteriana. As mudas foram produzidas em bandeja de alumínio contendo substrato comercial próprio para hortaliças. Após a emissão do primeiro par de folhas definitivas, as plântulas foram transferidas para vasos plásticos pequenos (10 cm de diâmetro), contendo substrato comercial para hortaliças. As plantas foram mantidas em casa de vegetação sob condições de temperatura variando de 25 a 30°C.

A inoculação ocorreu quando as mudas apresentaram dois pares de folhas definitivas, avaliando-se a reação a cepas de *X. euvesicatoria* (raça P6) e *X. gardneri* (raça P3). Ambas as cepas foram cultivadas em placas com meio nutriente ágar em incubadora a 28 °C por 24h. As culturas foram suspensas em água da torneira autoclavada e a concentração celular ajustada para 10⁸ UFC mL⁻¹ em espectrofotômetro (OD₆₀₀ = 0,3 abs). Por meio diluição seriada em água da torneira autoclavada as suspensões de células de Xe e Xg foram reajustadas para 10⁵ ufc/mL e 10³ ufc/mL, respectivamente. Cada inóculo foi infiltrado em uma folha totalmente expandida de cada planta, em uma área de ~1,0 cm², usando seringa

com uma agulha hipodérmica. Suspensões bacterianas na concentração de 10^8 ufc/mL foram utilizadas para testar a reação de hipersensibilidade na população, via avaliações às 24 e 48 horas após a inoculação.

Os sintomas nas folhas inoculadas por Xe (10^5 ufc/mL) foram avaliados a cada três dias, iniciando a partir da observação de pelo menos uma planta com primeiros sintomas (~10 dias após a inoculação), até três semanas após a inoculação (~21 dias). Para Xg (10^3 ufc/mL) a avaliação dos sintomas ocorreu de modo análogo à Xe, porém, estendendo-se até quatro semanas após a inoculação. A severidade da doença foi estimada com base em escala notas de 0 a 4 (Figura 18), sendo: 0 - nenhum sintoma da doença, 1 - manchas cloróticas, 2 - folhas amareladas com alguns pontos necróticos, 3 - manchas necróticas e 4 - necrose total (Riva-Souza et al., 2009). A nota obtida no último dia de avaliação foi considerada para classificação fenotípica dos genótipos. Plantas com notas 0 e 1 foram classificadas resistentes e plantas com notas 2, 3 e 4 foram consideradas suscetíveis. A planta F₂RC₁₂ com melhor resposta de resistência para ambos isolados foi selecionada para fazer o terceiro retrocruzamento com o parental recorrente ECW.

3.2.3.4. Genotipagem por sequenciamento e análise de segregação em bulk

Após a fenotipagem da população F₂RC₁₂ para a reação a *X. euvesicatoria* e *X. gardneri*, 48 plantas segregantes foram selecionadas para sequenciamento genômico pelo método de análise de segregantes agrupadas (Michelmore et al., 1991). Amostras de folhas jovens das 48 plantas foram coletadas para construção de três grupos contrastantes: RR - 13 plantas resistentes a Xe e Xg, RS - 13 plantas resistentes à Xe e suscetíveis à Xg e SS - 22 plantas suscetíveis a Xe e Xg. A extração do DNA genômico total foi efetuado pelo método *cetyltrimethylammonium bromide* – CTAB (Murray & Thompson, 1980). O DNA das amostras foi limpo usando kits *Qiagen Power Clean*. Os parâmetros de qualidade e concentração de DNA foram medidos em espectrofotômetro NanoDrop pelos valores de absorbância com comprimento de onda de 260 e 280 nm, respectivamente.

Os dados brutos de *reads* gerados para as bibliotecas *Illumina* foram filtrados para produzir *reads* limpas, que foram então alinhadas aos *contigs* do genoma de referência da variedade crioula 'CM334' (*Criollo de Morelos*),

espécie *C. annuum* var. *annuum* (Kim et al., 2014) usando o programa de *Burrows-Wheeler Aligner - BWA* (Li e Durbin, 2009). SAMtools (Li et al., 2009) e GATK (<https://gatk.broadinstitute.org/hc/en-us>) foram usados para chamada de *SNPs* e *InDels* (inserções e deleções). A classificação e anotação das variações de sequências nucleotídicas foram realizadas usando SnpEff (Kim et al., 2014). Após identificação das localizações genômicas e dos genes candidatos mais prováveis, buscas no genoma de referência de 'CM334' via *BLAST* na plataforma do *NCBI* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) foram efetuadas e marcadores específicos (*CAPS-Cleaved Amplified Polymorphic Sequence*) foram desenhados usando a ferramenta *Primer-BLAST* (NCBI). Os marcadores foram testados via PCR (*Polymerase chain reaction*) nos parentais e na população segregante sequenciada. *PCRs* com novos marcadores do gene *bs6* desenvolvidos por Wentz et al. (2018) e diferentes daqueles utilizados por Silva (2018), foram testados em todos os genótipos.

3.2.3.5. Teste de patogenicidade na população F₂RC₁₃

Em decorrência da reduzida disponibilidade de sementes F₂RC₁₃ somada a falhas na germinação e plântulas deformadas, apenas 52 plantas F₂RC₁₃ foram obtidas e, juntamente com quatro plantas de cada parental, foram avaliadas para a reação mancha bacteriana. Cepas 'Xe 157' (*Xe*, raça P6T0), cuja resistência do hospedeiro tem sido associado aos genes recessivos *bs5* e *bs6* (Jones et al., 2002; Vallejos et al., 2010), e a cepa 'Xg 51' (*X. gardneri*), virulenta na isolinha ECW60R (gene *bs6*), foram utilizadas para fenotipagem das plantas F₂RC₁₃. A metodologia de preparo do inóculo, inoculação e avaliação dos sintomas nas plantas foi conduzida conforme descrição na subsubsubseção 3.2.3.3. As plantas resistentes a *Xe* e *Xg* foram submetidas a genotipagem via testes de *PCRs* com marcadores para o gene *bs6* e novos marcadores desenvolvidos neste estudo (subsubsubseção 3.2.3.4). Plantas resistentes na ausência do gene *bs6* e presença de marcas para os prováveis novos genes foram selecionadas e, posteriormente, retrocruzadas com o parental recorrente para continuidade do programa.

3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.2.4.1. Linhas de pimentão resistentes a *X. euvesicatoria* e *X. gardneri*

A população bacteriana nas folhas do parental suscetível UENF 2285 ($1,02 \times 10^8$ UFC/cm²) infiltradas com *X. euvesicatoria* (Xe, raça P6), foi muito superior ao parental resistente UENF 1381 (6×10^4 UFC/cm²), diferindo em 3,23 unidades logarítmicas (Figura 19A). Nota-se que quase todas as plantas F_{2:5} [linhas derivadas da planta F₂ #6, conforme Silva (2018)] apresentaram populações bacterianas inferiores à média populacional bacteriana dos parentais, destacando-se as plantas F_{2:5} 5, 7, 9, 11 e 12. A planta F_{2:5} 5 não apresentou nenhuma colônia de Xe.

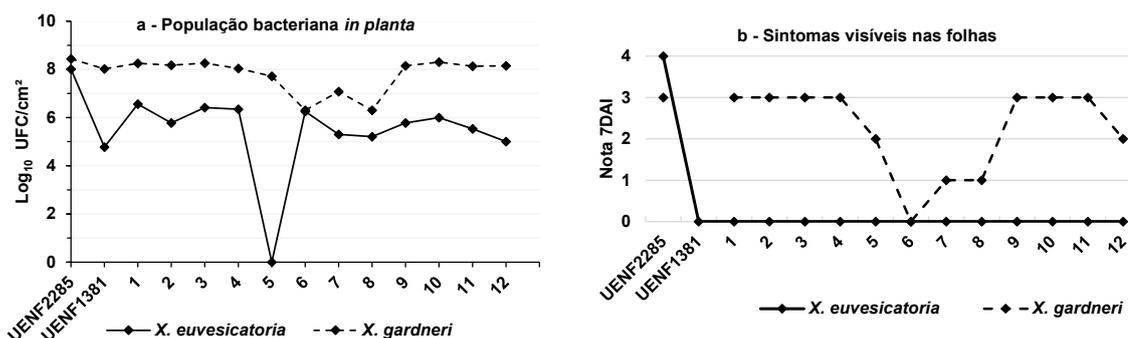


Figura 19. Populações bacterianas e severidade da mancha bacteriana em plantas dos parentais UENF 2285 (susceptível) e UENF 1381 (resistente) e F_{2:5} (1 - 12), aos sete dias após inoculações (7DAI) com *X. euvesicatoria* e *X. gardneri* na concentração de 10^5 UFC.mL⁻¹. Nota: Populações bacterianas uma hora após infiltração, no acesso UENF 2285: Xe = $4,8 \times 10^3$ ufc/cm² e Xg = $4,0 \times 10^3$ ufc/cm².

As populações de *X. gardneri* (Xg, raça P3) foram relativamente superiores às populações de Xe em todas as plantas avaliadas, exceto a planta F_{2:5} 6, que expressou quase o mesmo número de unidades formadoras de colônia por centímetro quadrado de área foliar ($\Delta 0,05$ unidades log) (Figura 19A). A diferença das populações de Xg nas folhas dos parentais variou em 0,42 unidades logarítmicas. No parental suscetível observou-se $2,74 \times 10^8$ UFC/cm² aos sete dias após a inoculação (7DAI). No parental UENF 1381, a contagem da população de Xg ocorreu aos 6DAI, devido à queda da folha (acidente com a mangueira de

irrigação), e resultou em $1,04 \times 10^8$ UFC/cm². As plantas F_{2:5} 5, 6, 7 e 8 apresentaram populações de Xg inferiores ao observado no parental UENF 1381, destacando-se as plantas F_{2:5} 6 e 8 com menor quantidade de bactérias, ambas com 2×10^6 UFC/cm². Em experimentos anteriores foi constatado que crescimento máximo de Xg no UENF 1381 ocorre aos 6DAI e decresce nos dias seguintes (Silva, 2018).

Aos 7DAI com Xe apenas o parental suscetível UENF 2285 apresentava sintoma visível, equivalente a nota 4 da escala de severidade (Figura 19B). Para Xg, sintomas severos foram observados aos 7DAI em quase todas as plantas, exceto na F_{2:5} 6, com ausência total de sintomas (nota 0), e F_{2:5} 7 e 8, com leve amarelecimento na área inoculada (nota 1). Os inóculos de ambas as cepas foram infiltrados nas folhas na concentração de 10^5 UFC.mL⁻¹. Nesta concentração os sintomas da cepa Xe em plantas com algum nível de resistência são visíveis após cerca de 10 DAI e é adequada para avaliação da severidade com escala de notas e contagem da população bacteriana. Já para a fenotipagem da reação à cepa de Xg via escala de notas, o ideal é inocular as plantas numa concentração menor (10^3 UFC.mL⁻¹), devido à alta agressividade das cepas desta espécie.

As plantas F_{2:5} 6 e 8 e 5, 7, 8, 9, 11 e 12 que apresentaram menores populações Xg e Xe, respectivamente, foram selecionadas e reinoculadas. Todas as plantas mantiveram o padrão de resistência (notas 0 e 1) e foram cultivadas até obtenção de sementes autofecundadas.

3.2.4.2. Mancha bacteriana nas populações F₂RC₁₂ e F₂RC₁₃

As plantas F₂ do segundo (RC₁₂) e terceiro (RC₁₃) retrocruzamentos foram avaliadas para reação a cepas de *X. euvesicatoria* e *X. gardneri*. As distribuições das classes fenotípicas observadas para a característica em questão são apresentadas na Figura 20, considerando: A) cinco fenótipos distintos com base na severidade da doença (escala de notas) causada por cada cepa e espécie de *Xanthomonas* e B) quatro fenótipos resultantes da reação conjunta de resistência e/ou suscetibilidade às duas espécies de *Xanthomonas*.

Na população F₂RC₁₂, de 120 plantas avaliadas, observou-se que 40,83% foram resistentes (notas 0 e 1) e 59,17% suscetíveis (notas 3, 4 e 5) Xe, raça P6. Para a Xg, raça P3, observou-se que 26,67% das plantas foram resistentes e

73,33% suscetíveis (Figura 20A). A população F_2RC_{13} seguiu um padrão de distribuição fenotípica muito similar ao reportado na população F_2RC_{12} . Dentre as 52 plantas F_2 , 40,38% foram resistentes e 59,62% suscetíveis à raça P6 de Xe e, para a reação Xg foram observadas 28,85% de plantas resistentes e 71,15% suscetíveis (Figura 20A).

Ao considerar a reação para Xe e Xg como duas variáveis, quatro classes fenotípicas podem ser observadas em cada geração F_2 , as quais são: RR – plantas resistentes a Xe e Xg; RS – plantas resistentes à Xe e suscetíveis à Xg; SR – plantas suscetíveis à Xe e resistentes à Xg; e SS – plantas suscetíveis a Xe e Xg (Figura 20B). Na população F_2RC_{12} , a maioria das plantas foi suscetível a Xe e Xg (SS = 50,83%), assim como o parental UENF 2285 e F_1RC_{12} . Junto ao parental UENF 1381, foram observadas 18,33% plantas F_2RC_{12} com fenótipos RR. Frequências similares ocorreram na população F_2RC_{13} , com 48,08% SS (+ UENF 2285 e F_1RC_{13}), 18,33% RR (+ UENF1381), 23,08% RS e 11,54% SR.

O acesso UENF 1381 manteve-se com ausência de sintomas (nota 0) da mancha bacteriana, devido à Xe até o último dia de avaliação, evidenciado alta resistência a raça P6. Já para Xg os sintomas variaram entre plantas (repetições) do parental UENF 1381, de ausência de sintomas (nota 0) para um leve amarelecimento da área inoculada (nota 1). Plantas F_2 com padrões de resistência equiparáveis ao acesso UENF 1381 foram identificadas nas duas populações de retrocruzamento. Os fenótipos para reação à mancha bacteriana observados nos parentais, gerações F_1 e F_2 do RC_{12} e RC_{13} indicam que a suscetibilidade às raças de Xe e Xg testadas é dominante, concordando com as observações nas gerações iniciais descritas por Silva (2018).

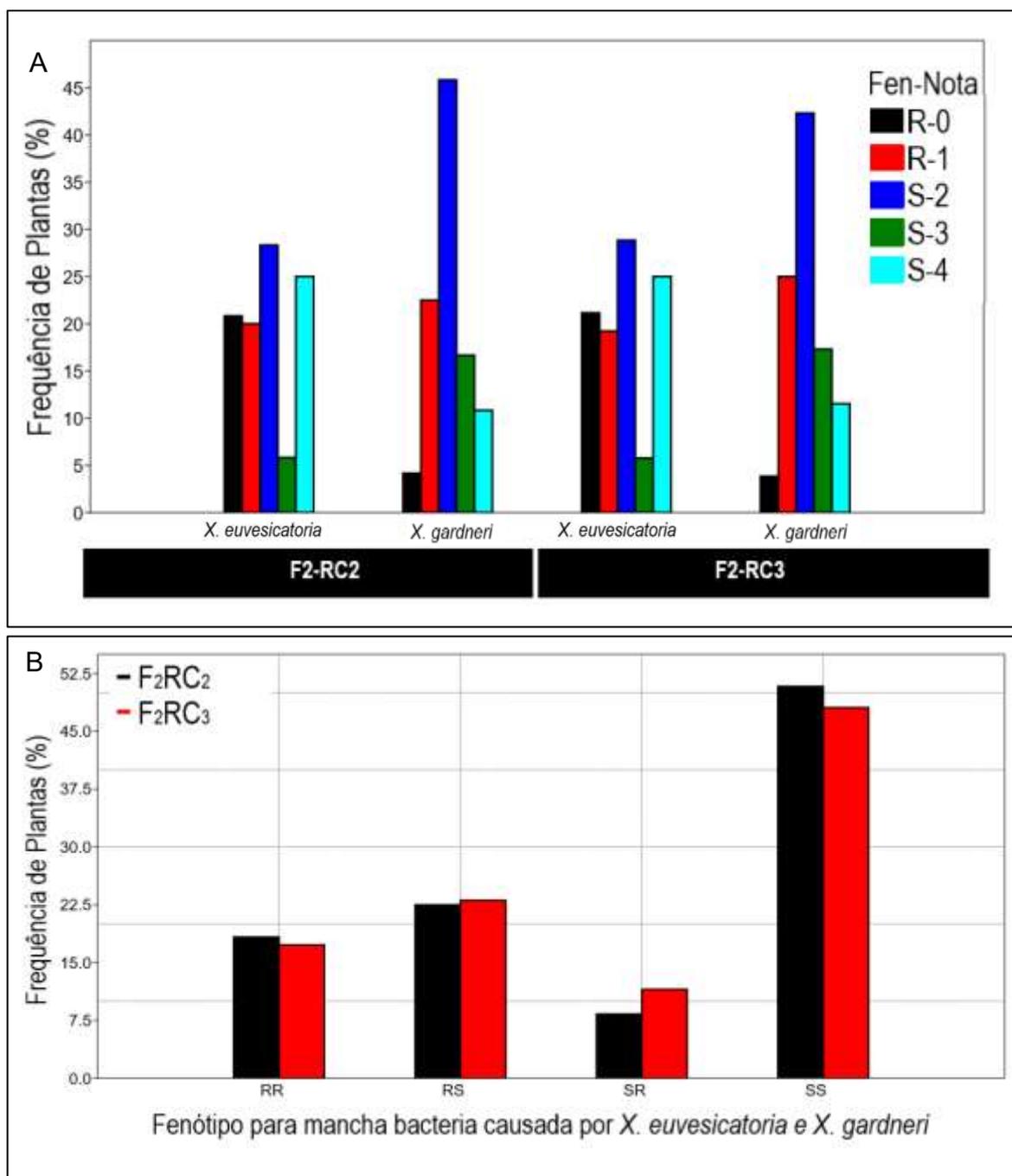


Figura 20. Distribuição fenotípica das plantas F₂ do segundo e terceiro retrocruzamentos. A) Severidade observada para cada cepa de *X. euvesicatoria* e *X. gardneri* e B) Classes fenotípicas para reação simultânea às duas espécies de bactérias. Plantas resistentes (R): notas 0 e 1; e plantas suscetíveis (S): notas 2, 3 e 4; RR: resistentes a Xe e Xg; RS - resistentes a Xe e suscetíveis a Xg; SR suscetível a Xe e resistentes a Xg; e 4) SS suscetíveis a Xe e Xg.

Os genes de resistência (gene R) recessivos, *bs5* e *bs6*, medeiam a resistência do tipo não hipersensível ou resistência quantitativa (Jones et 2002; Vallejos et al., 2010) para todas as raças de *X. euvesicatoria* (0-10), mas, para

cepas de *X. gardneri* as resistências mediadas por estes dois genes é superada (Schornack et al., 2008). Testes de patogenicidade indicaram que as isolinhas ECW50R (gene *bs5*) e ECW60R (gene *bs6*) são altamente resistentes à cepa 'ENA 4135' (Silva, 2018). A cepa 'Xe 157' (raça P6), por outro lado, é mais agressiva que 'ENA 4135' e, como demonstrado por Vallejos et al. (2010), as isolinhas ECW50R e ECW60R, sob temperaturas de 25°C, apresentaram resistência intermediária à 'Xe 157' e, sob 30°C, a isolinha ECW60R e ECW123 (suscetível) não tiveram diferenças significativas. Os genes *bs5* e *bs6* quando juntos no mesmo genótipo (ECW12346) conferem alta resistência à raça P6, porém, se separados a resistência é reduzida (Vallejos et al., 2010).

Iniciadores específicos para os genes *bs5* e *bs6* foram testados no parental UENF 1381 por Silva (2018) e a autora concluiu que estes genes não estavam associados à resistência para mancha bacteriana neste genótipo e, obviamente, nem na população dele derivada. Neste estudo, testes de PCR foram efetuados com novos marcadores do gene *bs6* desenvolvidos por Wentz et al. (2018) e geraram resultados contrários aos de Silva (2018), isto é, o acesso UENF 1381 apresentou padrão de bandas compatíveis para presença do gene *bs6* em homozigose na sua forma recessiva.

Esta nova informação, combinada com o conhecimento sobre a patogenicidade da cepa 'ENA 4135' nos genótipos ECW50R, ECW60R e UENF1381 (Silva, 2018) e da cepa 'Xe 157' nas linhas ECW50R, ECW60R e ECW12346 (Vallejos et al., 2010) sugerem que há outros genes contribuindo para a alta resistência do acesso UENF 1381, pois, o gene *bs6* sozinho é fraco para controlar a raça P6 (Vallejos et al., 2010) e não confere resistência às cepas de *X. gardneri* 'Xg444' (Silva, 2018) e 'Xg51' (dados deste estudo).

Onze raças de *Xanthomonas* spp. são descritas para pimentas/pimentão, as quais são diferenciadas com base na interação incompatível (reação de hipersensibilidade - RH) em genótipos contendo os genes de resistência *Bs1*, *Bs2*, *Bs3* e *Bs4* (Stall et al., 2009; Jones et al., 1998). A interação incompatível é explicada pela teoria gene-a-gene (Flor, 1955), ou seja, para que ocorra é necessária a presença de um gene de resistência (R) num genótipo particular de pimentão/pimenta/tomate e um gene de avirulência (Avr) correspondente na raça particular do patógeno (Minsavage et al., 1990). 'ENA 4135', por exemplo, pertence à raça P3T1 (Riva-Souza et al., 2007), portanto, RH é observada nos genótipos

ECW20R (*avrBs2* x *Bs2*) e 'PI 235047' (*avrBs4* x *Bs4*) e suscetibilidade em ECW10R (*Bs1*), ECW30R (*Bs3*) e ECW (ausência total de genes R).

Inoculações conduzidas por Silva (2018) incluindo diferentes cepas de *X. euvesicatoria* e *X. gardneri* portadoras dos genes de avirulência *avrBs1*, *avrBs2* e *avrBs3* e teste de PCR com marcadores para o gene R *Bs4* indicaram que os genes *Bs1*, *Bs2*, *Bs3* e *Bs4* não conferem resistência ao acesso UENF 1381 (ausência de RH). Algumas cepas (a maioria sem informação sobre genes *Avr*), como *X. euvesicatoria* ('BA26-1' - pimenta/Argentina), *X. gardneri* ('1782' e '1783' - Brasil, 'Xg444' - Costa Rica, e 'Xg51' - Canadá), *X. perforans* ('Xp2010' - pimenta/Florida e 'RR110-AUS14') e *X. vesicatoria* ('BA21-1-606', 'BA26-1-611' e 'BA26-4-620') causaram RH no acesso UENF 1381 (Silva, 2018).

3.2.4.3. *Loc*i de resistência para mancha bacteriana

A análise de segregantes agrupadas (*Bulked segregant analysis*-BSA) usando sequenciamento genômico foi realizada na população F₂RC₁₂. Os grupos contrastantes foram construídos com base nos fenótipos observados para reação à *X. euvesicatoria* e *X. gardneri* (Figura 20). O mapeamento foi conduzido com propósito de identificar variantes estruturais associadas ao fenótipo de resistência/suscetibilidade para Xe e Xg. Regiões cromossômicas associadas ao controle da mancha bacteriana foram localizadas no cromossomo 6 (Figura 21). A comparação da frequência de alelos no cromossomo 6 entre os *bulks* contratantes e *loci* com potenciais genes candidatos são apresentados nas Figuras 22-24.

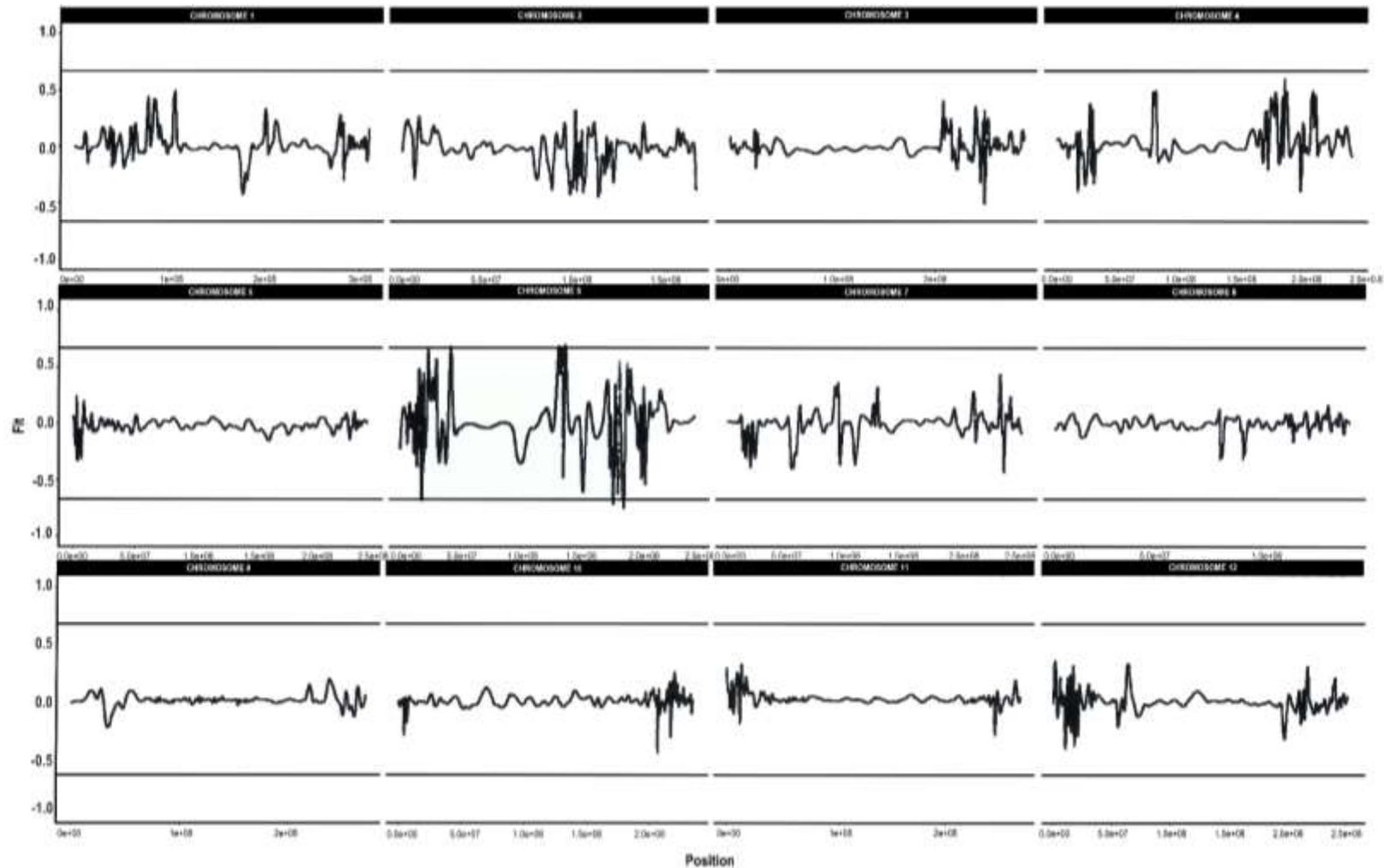


Figura 21. Ajuste das variantes estruturais nos 12 cromossomos de *C. annuum* var. *annuum*. Picos que tocam e/ou ultrapassam a linha +/- 0,6 indicam regiões genômicas associadas ao controle da mancha bacteriana.

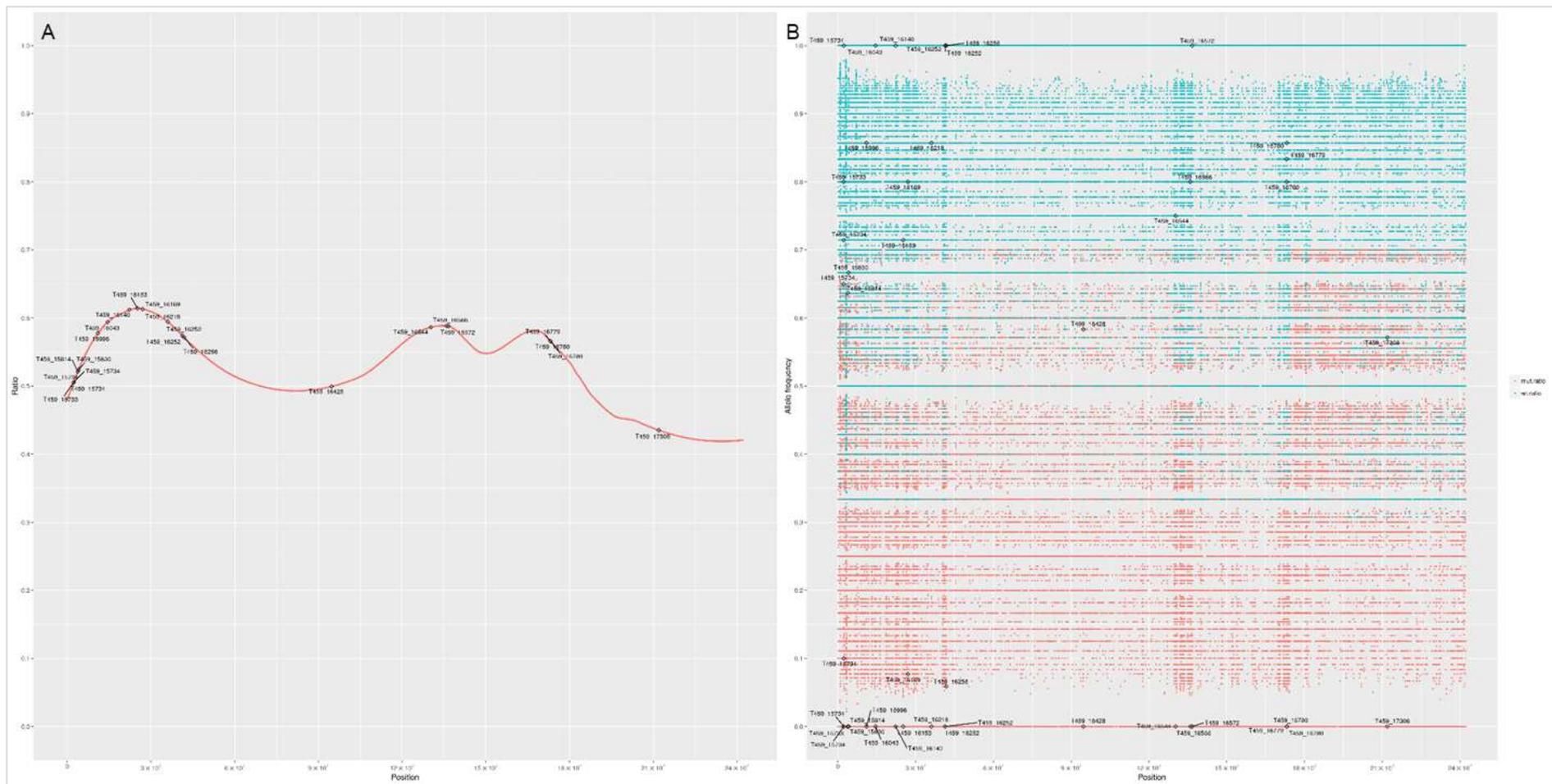


Figura 23. Cromossomo 6. A) proporção da frequência de alelos entre os *bulks* RR e SS e SNPs provavelmente ligados a genes R para *X. euvesicatoria* e *X. gardneri* e B) frequência de alelos de referência nos bulks RR (pontos azuis) e SS (pontos vermelhos).

RR - Resistente para *X. euvesicatoria* e *X. gardneri*; SS – Suscetível para *X. euvesicatoria* e *X. gardneri*.

A distribuição da frequência dos alelos ao longo do cromossomo 6 indicou mutações causais e SNPs ligados a genes candidatos em três regiões cromossômicas associadas ao controle da resistência para Xe e Xg (Figuras 22-24A). O terceiro pico apresentou maior quantidade de SNPs variantes e indicou está fortemente associado ao controle da resistência para ambas às espécies de *Xanthomonas* consideradas, mas, especialmente, para Xg (Figura 24). Para o controle da resistência à Xe percebe-se que o terceiro pico é mais significativo, no entanto, o primeiro pico também reúne grande quantidade de genes previstos (Figura 22).

Já foi discutido que o gene recessivo *bs6* contribui para resistência à mancha bacteriana no parental UENF 1381. Os resultados da *PCR* com marcadores *bs6*, testados nos parentais UENF 1381 e UENF 2285, F₁ e nos *bulks* segregantes F₂RC₂, são apresentados na Figura 25.

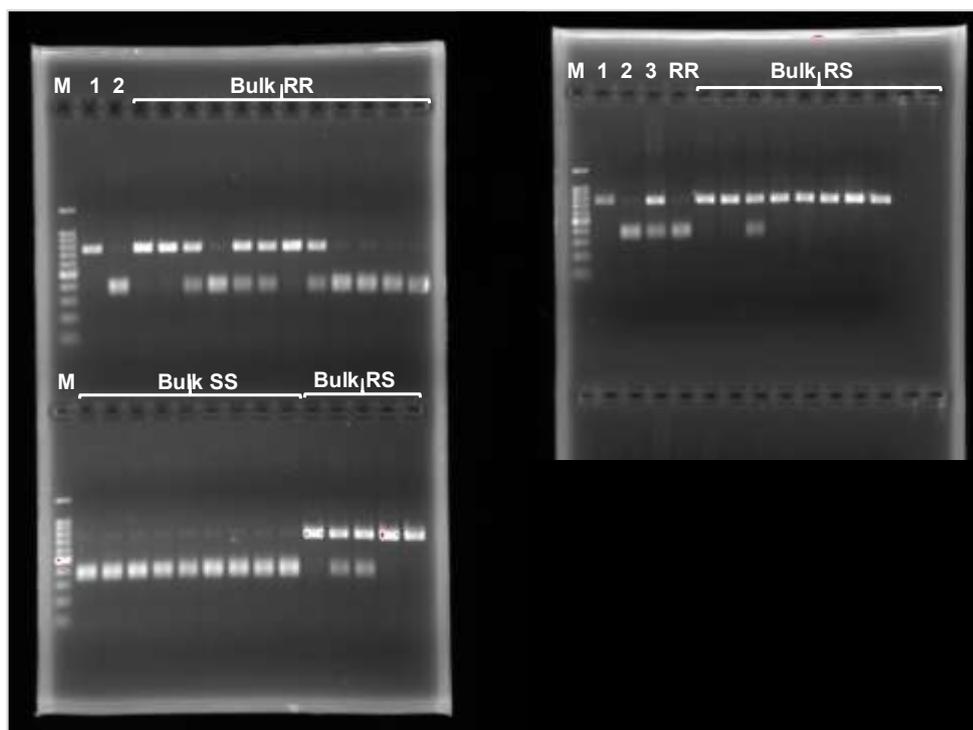


Figura 25. Géis de agarose (2%) indicando polimorfismo para marcadores do gene *bs6* em plantas do acesso UENF 1381 (1), UENF 2285 (2), F₁ (3) e F₂RC₂ dos *bulks* RR (resistente para Xe e Xg), SS (suscetível para Xe e Xg) e RS (resistente a Xe e suscetível a Xg).

A localização do gene *bs6* foi delimitada dentro de um intervalo de 620kb no cromossomo 6 do pimentão, incluindo cinco genes polimórficos (Wente et al., 2018). Nos resultados obtidos neste trabalho, percebeu-se que o intervalo cromossômico que inclui o gene *bs6* está localizado em torno do terceiro pico. Uma vez que o trabalho de Wente et al. (2018) vem sendo avançado por outro pesquisador da mesma equipe, as informações detectadas no terceiro pico não foram exploradas neste estudo.

As variantes estruturais detectadas no terceiro pico sugerem que fortes candidatos associados ao controle da reação para Xg estão localizados dentro desta região (24A). No entanto, o gene *bs6* não confere resistência para as cepas 'Xg 444' (Silva, 2018) e 'Xg 51' (Figura 26, C e D) de *X. gardneri*, e tem um efeito fraco no controle da mancha bacteriana causada pela raça P6 de *X. euvesicatoria* (Vallejos et al., 2010; Wente et al., 2018), como pode ser visualizado na Figura 26 (A e B).

Marcadores de sequências polimórficas amplificadas clivadas (CAPS) foram desenvolvidos para mapear o cume dos dois primeiros picos, onde, teoricamente, encontram-se os potenciais SNPs candidatos. Oito pares de primers dentro do intervalo de 7,54 Mb e nove pares de iniciadores dentro do intervalo de 6,2 Mb foram inicialmente testados nos parentais e F₁ e, após detecção de polimorfismo, foram testados em 35 plantas F₂RC₁₂, representativas dos três bulks sequenciados. Na Figura 27 são mostrados os resultados obtidos para cinco melhores pares de primers desenhados para duas regiões-alvo (M1 a M5) e o resultado para os marcadores do gene *bs6*.

A comparação entre a severidade observada para Xe e Xg e o polimorfismo dos iniciadores testados, permitiu selecionar a planta F₂RC₁₂ 18, que foi altamente resistente para ambas espécies de *Xanthomonas* (nota 0) e com padrões de bandas similares ao UENF 1381 (R) nos dois primeiros *loci* e ao UENF 2285 (S) para o gene *bs6* (terceiro pico) (Figura 27).

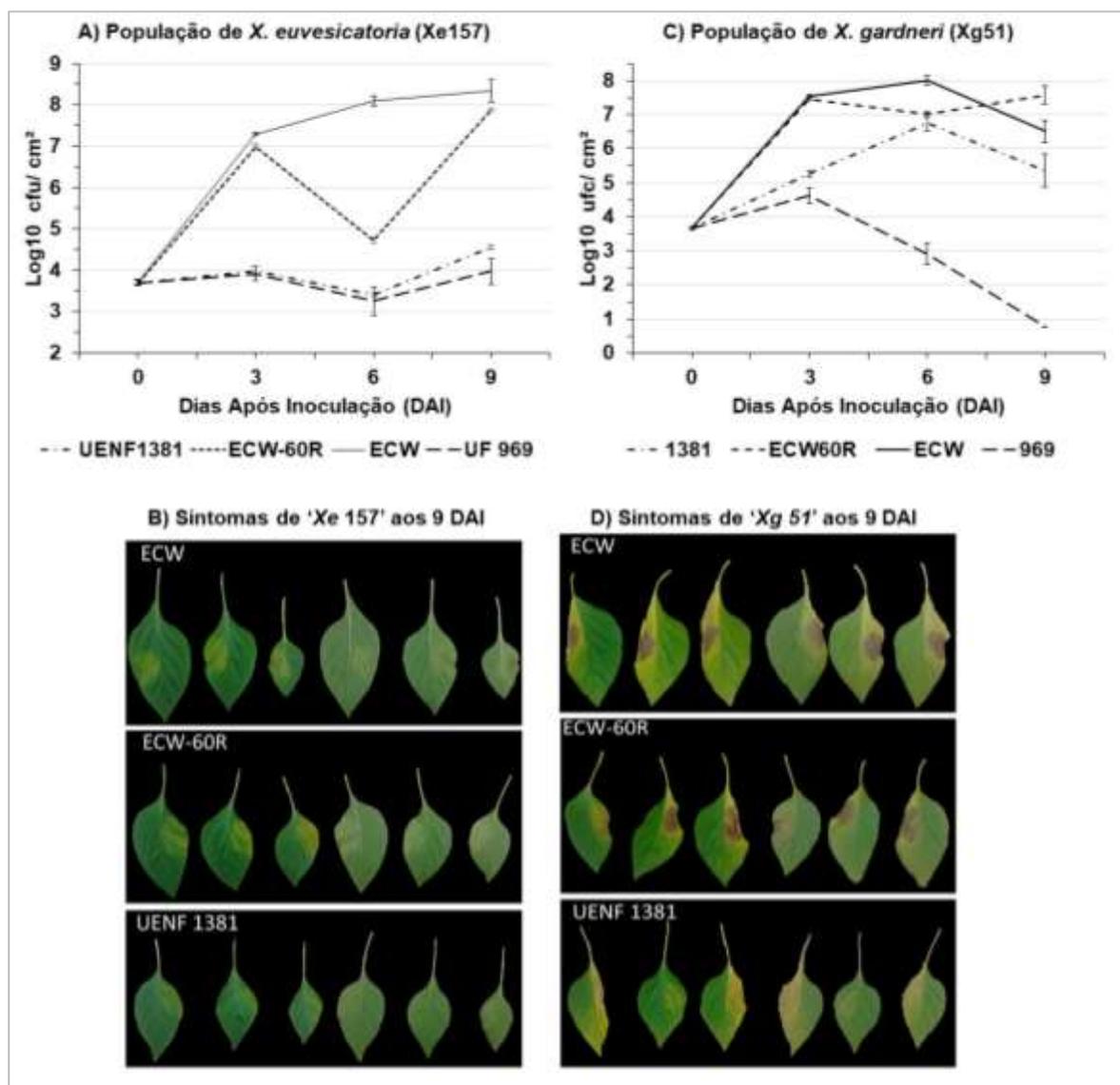


Figura 26. Contagem de populações bacterianas e sintomas da severidade de *X. euvesicatoria* raça P6 e *X. gardneri* em folhas dos genótipos UENF 2285 (ECW), UENF 1381, ECW60R (gene *bs6*) e 969 (controle resistente) inoculadas com suspensões bacterianas na concentração de 10^5 UFC.mL⁻¹.

Doze plantas F_{2:3} foram obtidas da planta 18F₂RC₁₂, a partir das sementes de autofecundação F₃ que foram conservadas. Estas plantas foram fenotipadas para reação a *X. euvesicatoria* (Cepa 'Xe 157', raça P6) e *X. gardneri* ('Xg 51') e genotipadas com os iniciadores relatados anteriormente. As plantas F_{2:3}RC₁₂ derivadas reproduziram fenótipos (notas 0 - altamente resistente a Xe e Xg) e genótipos completamente idênticos aos observados na planta 18F₂RC₁₂. A inoculação foi repetida duas vezes e a contagem das populações bacterianas foi

realizada em três plantas derivadas da 18F₂RC₁₂. A planta F_{2:3}RC₁₂ com o melhor fenótipo (#18.2) foi selecionada e retrocruzada com o ECW. (Figura 28).

Geração	Planta	Xe Xg	Nota Xe	Nota Xg	Marcador1	Marcador2	Marcador3	Marcador4	Marcador5	bs6
UENF 1381	1	RR	0	1						
UENF 2285	7	SS	4	4						
F ₁ RC ₁₂	1	SS	--	--						
Bulk RR	F ₂ RC ₁₂	1	RR	0	0					
	F ₂ RC ₁₂	2	RR	0	1					
	F ₂ RC ₁₂	4	RR	0	1					
	F ₂ RC ₁₂	5	RR	1	0					
	F ₂ RC ₁₂	6	RR	0	1					
	F ₂ RC ₁₂	13	RR	0	1					
	F ₂ RC ₁₂	14	RR	0	1					
	F ₂ RC ₁₂	16	RR	0	1					
	F ₂ RC ₁₂	17	RR	1	0					
	F ₂ RC ₁₂	18	RR	0	0					
	F ₂ RC ₁₂	19	RR	0	0					
	F ₂ RC ₁₂	20	RR	0	1					
	F ₂ RC ₁₂	25	RR	0	1					
	Bulk SS	F ₂ RC ₁₂	32	SS	2	2				
F ₂ RC ₁₂		33	SS	2	2					
F ₂ RC ₁₂		34	SS	4	3					
F ₂ RC ₁₂		35	SS	3	2					
F ₂ RC ₁₂		36	SS	2	2					
F ₂ RC ₁₂		38	SS	4	2					
F ₂ RC ₁₂		39	SS	4	3					
F ₂ RC ₁₂		45	SS	4	4					
F ₂ RC ₁₂		50	SS	4	4					
Bulk RS	F ₂ RC ₁₂	56	RS	0	3					
	F ₂ RC ₁₂	57	RS	0	2					
	F ₂ RC ₁₂	59	RS	0	2					
	F ₂ RC ₁₂	62	RS	0	2					
	F ₂ RC ₁₂	63	RS	0	2					
	F ₂ RC ₁₂	67	RS	0	4					
	F ₂ RC ₁₂	69	RS	0	2					
	F ₂ RC ₁₂	72	RS	0	2					
	F ₂ RC ₁₂	73	RS	0	2					
	F ₂ RC ₁₂	74	RS	0	2					
	F ₂ RC ₁₂	76	RS	0	2					
	F ₂ RC ₁₂	78	RS	0	2					
	F ₂ RC ₁₂	82	RS	0	2					

Figura 27. Resultado da fenotipagem via escala de notas¹ de severidade e genotipagem² dos parentais UENF 2285 (ECW) e UENF 1381, e plantas F₁ e F₂ do segundo retrocruzamento com marcadores para loci no cromossomo 6 associados à resistência à mancha bacteriana.

¹Escala de notas de severidade: 0 - nenhum sintoma da doença, 1 - manchas cloróticas, 2 - folhas amareladas com alguns pontos necróticos, 3 - manchas necróticas e 4 - necrose total; Xe = *X. euvesicatoria*; Xg = *X. gardneri*; RR - Resistente para Xe e Xg; SS = Suscetível para Xe e Xg; RS = Resistente a Xe e Suscetível a Xg.

²Os alelos estão representados em três cores: preto para alelo homocigoto resistente UENF 1381, cinza escuro para heterocigoto UENF 1381/UENF 2285 e cinza claro para o alelo homocigótico UENF 2285.

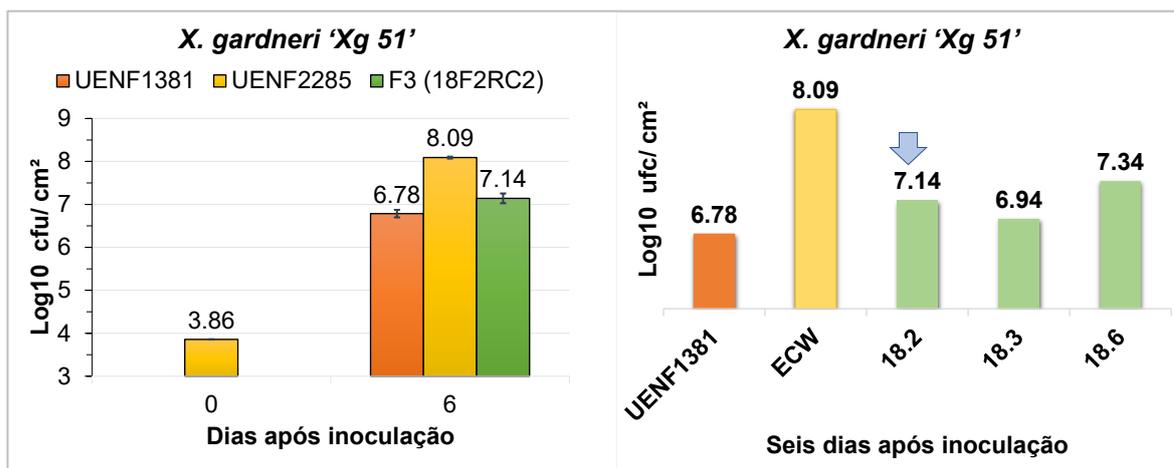


Figura 28. Contagem de populações de *X. gardneri* em plantas dos parentais UENF 2285 (ECW), UENF 1381 e três plantas F_{2:3} derivadas da planta 18 F_{2RC12} inoculadas com suspensão bacteriana na concentração de 10⁵ UFC.mL⁻¹

Os resultados da resistência para *X. gardneri* e *X. euvesicatoria* raça P6 observados na geração descendente da planta 18F_{2RC12} não apresentaram diferenças significativas em relação ao parental UENF 1381. Isto sugere que genes localizados nos intervalos dos dois primeiros picos podem conferir resistência a *X. gardneri* e *X. euvesicatoria* raça P6 e que a ausência de alelos recessivos *bs6* não influenciou nos fenótipos das plantas.

As plantas F₂ do terceiro retrocruzamento, caracterizadas como resistentes para uma e/ou duas espécies de *Xanthomonas*, foram submetidas a testes de PCR com iniciadores do gene *bs6*. Três plantas resistentes, mas com bandas para o gene *bs6* no padrão do parental suscetível foram retrocruzadas com parental recorrente: uma resistente a Xe e Xg, uma resistente a Xe e suscetível a Xg e uma suscetível Xe e resistente a Xg. O intuito destes retrocruzamentos é conseguir identificar na geração F_{2RC14} plantas com novas recombinações empregando os marcadores identificados nas duas regiões-alvo e associar com a resposta fenotípica para a mancha bacteriana.

O sequenciamento dos parentais e das linhas recombinantes avançadas, permitirão delimitar mais precisamente a região genômica onde os genes candidatos à resistência estão localizados, possibilitando conhecer melhor a expressão e identidade destes genes R. Isso contribuirá para o desenvolvimento

de marcadores moleculares para seleção assistida no melhoramento do pimentão para resistência a mancha bacteriana.

3.2.5. CONCLUSÕES

Há três *loci* no cromossomo 6 associados à resistência à mancha bacteriana na população descendente do acesso UENF 1381.

O gene recessivo *bs6* está localizado em um dos loci polimórficos associados a resistência para *X. euvesicatoria* e *X. gardneri* na população descendente do acesso UENF 1381.

O nível de resistência à *X. gardneri* observado nas populações estudadas é superior ao nível de resistência conferida exclusivamente pelo gene *bs6*. Há dois *loci* diferentes do *locus* do gene *bs6* que conferem alta resistência à mancha bacteriana no acesso UENF 1381.

Plantas altamente resistentes à raça P6 de *X. euvesicatoria* e a *X. gadneri* foram selecionados com base nos polimorfismos detectados em dois novos *loci* R no cromossomo 6.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abhayashree, M. S., Murali, M., Thriveni, M. C., Sindhu, G. M., & Amruthesh, K. N. (2017). Crude oligosaccharides mediated resistance and histo-chemical changes in *Capsicum annuum* against anthracnose disease caused by *Colletotrichum capsici*. *Plant Biosystems*, 151(2), 221–233. <https://doi.org/10.1080/11263504.2016.1150361>
- Ahn, Y. K., Karna, S., Jun, T. H., Yang, E. Y., Lee, H. E., Kim, J. H., & Kim, J. H. (2016). Complete genome sequencing and analysis of *Capsicum annuum* varieties. *Molecular Breeding*. <https://doi.org/10.1007/s11032-016-0557-9>
- Ahn, Y. K., Manivannan, A., Karna, S., Jun, T. H., Yang, E. Y., Choi, S., ... Lee, E. S. (2018). Whole Genome Resequencing of *Capsicum baccatum* and *Capsicum annuum* to Discover Single Nucleotide Polymorphism Related to Powdery Mildew Resistance. *Scientific Reports*, 8(1), 1–11. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-23279-5>
- Alencar, A. A. S. (2018). *Identificação de fontes de resistência à antracnose causada por Colletotrichum gloeosporioides em acessos de Capsicum chinense L.* Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 74p.
- Ali, A., Bordoh, P. K., Singh, A., Siddiqui, Y., & Droby, S. (2016). Post-harvest development of anthracnose in pepper (*Capsicum* spp): Etiology and management strategies. *Crop Protection*, 90, 132–141.

<https://doi.org/10.1016/j.cropro.2016.07.026>

- Almeida, L. B. de, Matos, K. S., Assis, L. A. G., Hanada, R. E., & da Silva, G. F. (2017). First Report of Anthracnose of *Capsicum chinense* in Brazil Caused by *Colletotrichum brevisporum*. *Plant Disease*, 101(6), 1035. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-17-0099-PDN>
- Almeida L.B. de (2015). *Diversidade e identificação molecular de isolados de Colletotrichum associados ao gênero capsicum no Amazonas*. Tese (Mestrado em Agricultura no Trópico Úmido) – Manaus-AM, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia – INPA, 55p.
- Andrews J. (1995). *Peppers, The Domesticated Capsicums*, University of Texas Press, Austin.
- Areas, M. S., Gonçalves, R. M., Soman, J. M., Sakate, R. K., Gioria, R., da Silva Júnior, T. A. F., & Maringoni, A. C. (2015). Prevalence of *Xanthomonas euvesicatoria* on Pepper in Brazil. *Journal of Phytopathology*, 163(11–12), 1050–1054. <https://doi.org/10.1111/jph.12349>
- Areas, M. S., Gonçalves, R. M., Soman, J. M., Souza Filho, R. C., Gioria, R., de Silva Junior, T. A. F., & Maringoni, A. C. (2018). Resistance of *Xanthomonas euvesicatoria* strains from Brazilian pepper to copper and zinc sulfates. *Anais Da Academia Brasileira de Ciências*, 90(2), 2375–2380. <https://doi.org/10.1590/0001-3765201720160413>
- Baba, V. Y., Constantino, L. V., Ivamoto, S. T., Moreira, A. F. P., Madeira, T. B., Nixdorf, S. L., ... Gonçalves, L. S. A. (2019). *Capsicum-Colletotrichum* interaction: Identification of resistance sources and quantification of secondary metabolites in unripe and ripe fruits in response to anthracnose infection. *Scientia Horticulturae*, 246(November 2018), 469–477. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.11.011>
- 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(April 2018), 872–885. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.09.047>
- Barboza, G. E., Agra, M. F., Romero, M. V., Scaldaferrro, M. A., e Moscone, E. A. (2011). New Endemic Species of *Capsicum* (Solanaceae) from the Brazilian Caatinga: Comparison with the Re-circumscribed *C. parvifolium*. *Systematic Botany*, 36(3), 768–781. <https://doi.org/10.1600/036364411X583718>

- Barboza, G. E., e De Bem Bianchetti, L. (2005). Three New Species of *Capsicum* (Solanaceae) and a Key to the Wild Species from Brazil. *Systematic Botany*, 30(4), 863–871. <https://doi.org/10.1600/036364405775097905>
- Bento, C. S., de Souza, A. G., Sudré, C. P., Pimenta, S., & Rodrigues, R. (2017). Multiple genetic resistances in *Capsicum* spp. *Genetics and Molecular Research*. <https://doi.org/10.4238/gmr16039789>
- Bento, C. S., Souza, A. G. De, Sudré, C. P., Pimenta, S., & Rodrigues, R. (2017). Multiple genetic resistances in *Capsicum* spp, 16(3).
- Bernardo, R. (2002). *Breeding for quantitative traits in plants* (Vol. 1, p. 369). Woodbury, MN: Stemma press.
- Caires, N. P., Pinho, D. B., Souza, J. S. C., Silva, M. A., Lisboa, D. O., Pereira, O. L., & Furtado, G. Q. (2014). First report of anthracnose on pepper fruit caused by *Colletotrichum scovillei* in Brazil. *Plant Disease*, 98(10), 1437. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-14-0426-PDN>
- Cannon, P. F., Damm, U., Johnston, P. R., e Weir, B. S. (2012). *Colletotrichum* - current status and future directions. *Studies in Mycology*, 73, 181–213. <https://doi.org/10.3114/sim0014>
- Campbell, C. L., Madden, L. M. (1990) *Introduction to plant disease epidemiology*. New York. John Wiley Sons.
- Carvalho S. I. C., Bianchetti L. B., Lopes A. C. A. e Cruz E. M. (2017) Agência de Informação Embrapa, Pimenta. Pré-Produção/ Características. Disponível em:
<<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/pimenta/arvore/CONT000gn05zz5y02wx5ok0liq1mqvd1bet3.html>> acesso em 26 de janeiro de 2017.
- Chattopadhyay, A., Baran Sharangi, A., Dai, N., e Dutta, S. (2011). Diversity of genetic resources and genetic association analyses of green and dry chillies of Eastern India. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 71(September), 350–356. <https://doi.org/10.4067/S0718-58392011000300002>
- Costa, R. A., Rodrigues, R., & Sudré, C. P. (2002). Resistência genética à mancha bacteriana em genótipos de pimentão. 1, 86–89.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012) *Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, v.1, 514p.
- Cruz, D. P. da, Gravina, G. do A., Oliveira, T. R. A. de, Gomes, A. B. S., Silva, C.

- Q., Vivas, M., ... Silva, V. B. (2018). Selection of progenies of snap beans using mixed models (REML/BLUP). *Genetics and Molecular Research*, 17(2), gmr16039914. <https://doi.org/10.4238/gmr16039914>
- da Graça, G. A., Araújo, M. do S. B., Alencar, A. A. da S., Geronimo, I. G. da C., Correa, J. W. da S., Almeida, C. L. P., ... Rodrigues, R. (2020). Associating REML/BLUP and pedigree in developing sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) progenies resistant to bacterial spot. *Euphytica*, 216(7), 119. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02653-3>
- de Almeida, C. L. P., dos Santos Bento, C., Sudré, C. P., Pimenta, S., Gonçalves, L. S. A., & Rodrigues, R. (2020). Genotype-Ideotype distance index and multivariate analysis to select sources of anthracnose resistance in *Capsicum* spp. *European Journal of Plant Pathology*, 156(1), 223–236. <https://doi.org/10.1007/s10658-019-01879-9>
- De Carvalho, A. D. F., Neto, R. F., & Geraldi, I. O. (2008). Estimation and prediction of parameters and breeding values in soybean using REML/BLUP and Least Squares. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 8(3), 230–235. <https://doi.org/10.12702/1984-7033.v08n03a06>
- De Silva, D. D., Ades, P. K., Crous, P. W., & Taylor, P. W. J. (2017). *Colletotrichum* species associated with chili anthracnose in Australia. *Plant Pathology*, 66(2), 254–267. <https://doi.org/10.1111/ppa.12572>
- De Silva, Dilani D., Crous, P. W., Ades, P. K., Hyde, K. D., & Taylor, P. W. J. (2017). Life styles of *Colletotrichum* species and implications for plant biosecurity. *Fungal Biology Reviews*. <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2017.05.001>
- De Silva, Dilani D., Groenewald, J. Z., Crous, P. W., Ades, P. K., Nasruddin, A., Mongkolporn, O., & Taylor, P. W. J. (2019). Identification, prevalence and pathogenicity of *Colletotrichum* species causing anthracnose of *Capsicum annuum* in Asia. *IMA Fungus*, 10(1), 1–32. <https://doi.org/10.1186/s43008-019-0001-y>
- Dean, R., Van Kan, J. A. L., Pretorius, Z. A., Hammond-Kosack, K. E., Di Pietro, A., Spanu, P. D., ... Foster, G. D. (2012). The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. *Molecular Plant Pathology*, 13(4), 414–430. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2011.00783.x>
- Delfini, J., Cirino, V. M., & Fá, C. De. (2018). Estimation of Genetic Parameters and Prediction of Genotypic Values in Common Beans Using Mixed Models,

- (March), 1–12. <https://doi.org/10.20944/preprints201803.0215.v1>
- Devran, Z., Kahveci, E., Özkaynak, E., Studholme, D. J., & Tör, M. (2015). Development of molecular markers tightly linked to *Pvr4* gene in pepper using next-generation sequencing. *Molecular Breeding*, 35(4). <https://doi.org/10.1007/s11032-015-0294-5>
- Diao, Y. Z., Zhang, C., Liu, F., Wang, W. Z., Liu, L., Cai, L., & Liu, X. L. (2017). *Colletotrichum* species causing anthracnose disease of chili in China. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 38(JUNE), 20–37. <https://doi.org/10.3767/003158517X692788>
- Edirisinghe, M., Ali, A., Maqbool, M., e Alderson, P. G. (2014). Chitosan controls postharvest anthracnose in bell pepper by activating defense-related enzymes. *Journal of Food Science and Technology*, 51(12), 4078–4083. <https://doi.org/10.1007/s13197-012-0907-5>
- Eshbaugh W. H. (1993) Peppers: history and exploitation of a serendipitous new crop discovery. *New Crops*, 132-139.
- Eshbaugh W. H., Guttman S. I. e Mcleod M. J. (1983) The origin and evolution of domesticated *Capsicum* species. *J. Ethnobiol.* 3: 49-54.
- Farr, D. F. e Rossman, A. Y. (2017) Fungal Databases, Systematic Mycology and Microbiology Laboratory, ARS, USDA. Disponível em: <<http://nt.ars-grin.gov/fungaldatabases/>>. Acessado em 24 de janeiro de 2017.
- Flor, H. H. (1955). Host-parasite interactions in flax Gene for Gene. In *Phytopathology* (Vol. 45, pp. 680–685).
- Freire, L. R. (2013). Manual de calagem e adubação do Estado do Rio de Janeiro. *Embrapa Solos-Livro técnico (INFOTECA-E)*.
- Gao, Y., He, L., Mu, W., Li, B., Lin, J., & Liu, F. (2018). Assessment of the baseline sensitivity and resistance risk of *Colletotrichum acutatum* to fludioxonil. *European Journal of Plant Pathology*, 150(3), 639–651. <https://doi.org/10.1007/s10658-017-1309-3>
- Geronimo, I. G. da C. (2018). *Melhoramento de Capsicum annum visando resistência à antracnose: caracterização de isolados de Colletotrichum spp., herança da resistência e proposta de série diferenciadora*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF.
- González-Pérez, S., Garcés-Claver, A., Mallor, C., Sáenz De Miera, L. E., Fayos,

- O., Pomar, F., ... Silvar, C. (2014). New insights into *Capsicum* spp relatedness and the diversification process of *Capsicum annuum* in Spain. *PLoS ONE*, 9 (12), 1–23. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0116276>
- Haralayya, B., & Asha, I. S. (2017). Molecular Marker Application in *Capsicum* spp: A Supplement to Conventional Plant Breeding, 6(11), 3840–3855. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0116276>
- Haralayya, B., e Asha, I. S. (2017). Molecular Marker Application in *Capsicum* spp : A Supplement to Conventional Plant Breeding. *Int.J.Curr.Microbiol.App.Sci*, 6(11), 3840–3855.
- Harp, T., Kuhn, P., Roberts, P. D., e Pernezny, K. L. (2014). Management and cross-infectivity potential of *Colletotrichum acutatum* causing anthracnose on bell pepper in Florida. *Phytoparasitica*, 42(1), 31–39. <https://doi.org/10.1007/s12600-013-0334-9>
- Harp, T. L., Pernezny, K., Ivey, M. L. L., Miller, S. A., Kuhn, P. J., e Datnoff, L. (2008). The etiology of recent pepper anthracnose outbreaks in Florida. *Crop Protection*, 27(10), 1380–1384. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2008.05.006>
- Huang, L. K., & Wang, M. J. J. (1995). Image thresholding by minimizing the measures of fuzziness. *Pattern Recognition*. [https://doi.org/10.1016/0031-3203\(94\)E0043-K](https://doi.org/10.1016/0031-3203(94)E0043-K)
- Hyde, K D, Cai, L., McKenzie, E. H. C., Yang, Y. L., Zhang, J. Z., e Prihastuti, H. (2009). *Colletotrichum* : a catalogue of confusion. *Fungal Diversity*, 39(March 2001).
- Hyde, Kevin D., Nilsson, R. H., Alias, S. A., Ariyawansa, H. A., Blair, J. E., Cai, L., ... Zhou, N. (2014). One stop shop: backbones trees for important phytopathogenic genera: I (2014). *Fungal Diversity*, 67(1), 21–125. <https://doi.org/10.1007/s13225-014-0298-1>
- Index Fungorum (2017) *Colletotrichum*. Disponível em: <http://www.indexfungorum.org/names/Names.asp>> acesso em 24 de janeiro de 2017.
- Jardim, A. N. O., Brito, A. P., van Donkersgoed, G., Boon, P. E., & Caldas, E. D. (2018). Dietary cumulative acute risk assessment of organophosphorus, carbamates and pyrethroids insecticides for the Brazilian population. *Food and Chemical Toxicology*, 112(December 2017), 108–117. <https://doi.org/10.1016/j.fct.2017.12.010>
- Jardim, A. N. O., & Caldas, E. D. (2012). Brazilian monitoring programs for pesticide

- residues in food - Results from 2001 to 2010. *Food Control*, 25(2), 607–616.
<https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2011.11.001>
- Jayawardena, R., Hyde, K., Damm, U., Cai, L., Liu, M., Li, X., ... Yan, J. (2016). Notes on currently accepted species of *Colletotrichum*. *Mycosphere*, 7(8), 1192–1260. <https://doi.org/10.5943/mycosphere/si/2c/9>
- Jeffries P., Dodd J. C., Jeger M. J. e Plumbley R. A. (1990) The biology and control of *Colletotrichum* species on tropical fruit crops. *Plant pathology*, 39: 343-366.
- Jo, J., Venkatesh, J., Han, K., Lee, H.-Y., Choi, G. J., Lee, H. J., ... Kang, B.-C. (2017). Molecular Mapping of PMR1, a Novel Locus Conferring Resistance to Powdery Mildew in Pepper (*Capsicum annuum*). *Frontiers in Plant Science*, 8(December), 1–11. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.02090>
- Jones, J. B., Minsavage, G. V., Roberts, P. D., Johnson, R. R., Kousik, C. S., Subramanian, S., & Stall, R. E. (2002). A non-hypersensitive resistance in pepper to the bacterial spot pathogen is associated with two recessive genes. *Phytopathology*, 92(3), 273–277.
<https://doi.org/10.1094/PHYTO.2002.92.3.273>
- Jones, J B, Stall, R. E., & Bouzar, H. (1998). Diversity Among Xanthomonads Pathogenic on Pepper and Tomato. *Annu. Rev. Phytopathol*, 36, 41–58.
<https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.36.1.41>
- Jones, Jeffrey B., Lacy, G. H., Bouzar, H., Stall, R. E., & Schaad, N. W. (2004). Reclassification of the xanthomonads associated with bacterial spot disease of tomato and pepper. *Systematic and Applied Microbiology*, 27(6), 755–762.
<https://doi.org/10.1078/0723202042369884>
- Jones, Jeffrey 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.
<https://doi.org/10.4161/bact.23857>
- Kanto, T., Uematsu, S., Tsukamoto, T., Moriwaki, J., Yamagishi, N., Usami, T., & Sato, T. (2014). Anthracnose of sweet pepper caused by *Colletotrichum scovillei* in Japan. *Journal of General Plant Pathology*, 80(1), 73–78.
<https://doi.org/10.1007/s10327-013-0496-9>
- Khalimi, K., Darmadi, A. A. K., & Suprpta, D. N. (2019). First report on the prevalence of *Colletotrichum scovillei* associated with anthracnose on chili pepper in Bali, Indonesia. *International Journal of Agriculture and Biology*,

- 22(2), 363–368. <https://doi.org/10.17957/IJAB/15.1072>
- Kim, J., & Yun, S. (2013). A Three-Year Field Validation Study to Improve the Integrated Pest Management of Hot Pepper. *The Plant Pathology Journal*, 29(3), 294–304. <https://doi.org/10.5423/PPJ.OA.01.2013.0002>
- Kim, J. S., Jee, H. J., Gwag, J. G., Kim, C. K., e Shim, C. K. (2010). Evaluation on red pepper germplasm lines (*Capsicum* spp.) for resistance to anthracnose caused by *Colletotrichum acutaum*. *Plant Pathology Journal*, 26(3), 273–279. <https://doi.org/10.5423/PPJ.2010.26.3.273>
- Kim, J. T., Park, S. Y., Choi, W., Lee, Y. H., e Kim, H. T. (2008). Characterization of *Colletotrichum* isolates causing anthracnose of pepper in Korea. *Plant Pathology Journal*. <https://doi.org/10.5423/PPJ.2008.24.1.017>
- Kim, S. H., Yoon, J. B., Do, J. W., & Park, H. G. (2007). Resistance to Anthracnose Caused by *Colletotrichum acutatum* in Chili Pepper (*Capsicum annuum* L .). *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 10(4), 277–280.
- Kim, S. H., Yoon, J. B., Do, J. W., & Park, H. G. (2008a). A major recessive gene associated with anthracnose resistance to *Colletotrichum capsici* in chili pepper (*Capsicum annuum* L.). *Breeding Science*, 58(2), 137–141. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.58.137>
- Kim, S. H., Yoon, J. B., & Park, H. G. (2008b). Inheritance of Anthracnose Resistance in a New Genetic Resource, *Capsicum baccatum* PI594137. *Journal of Crop Science and Biotechnology*.
- Kim, S, Kim, K.-T., Kim, D.-K., Yang, E.-Y., Cho, M.-C., Jamal, A., ... Hwang, J.-K. (2010). Identification of Quantitative Trait Loci Associated with Anthracnose Resistance in Chili Pepper (*Capsicum* spp.). *Korean Journal of Horticultural Science and Technology*, 28(6), 1014–1024.
- Kim, Seungill, Park, M., Yeom, S., Kim, Y., Lee, J. M., Lee, H., ... Ahn, H. K. (2014). Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in *Capsicum* species. *Nature Genetics*, 46(3), 270–278. <https://doi.org/10.1038/ng.2877>
- Ko, M., Cho, J. H., Seo, H. H., Lee, H. H., Kang, H. Y., Nguyen, T. S., ... Kim, J. II. (2016). Constitutive expression of a fungus-inducible carboxylesterase improves disease resistance in transgenic pepper plants. *Planta*, 244(2), 379–392. <https://doi.org/10.1007/s00425-016-2514-6>

- Köppen, W. (1948) *Climatologia*: con un estudio de los climas de La Tierra, México: Fondo de Cultura Economica, 479 p.
- Kraft, K. H., Brown, C. H., Nabhan, G. P., Luedeling, E., Luna Ruiz, J. d. J., Coppens d'Eeckenbrugge, G., ... Gepts, P. (2014). Multiple lines of evidence for the origin of domesticated chili pepper, *Capsicum annuum*, in Mexico. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(17), 6165–6170. <https://doi.org/10.1073/pnas.1308933111>
- Lamichhane, J. R., Dachbrodt-Saaydeh, S., Kudsk, P., & Messéan, A. (2016). Toward a Reduced Reliance on Conventional Pesticides in European Agriculture. *Plant Disease*, 100(1), 10–24. Retrieved from <http://dx.doi.org/10.1094/PDIS-05-15-0574-FE>
- Lee, J., Hong, J.-H., Do, J. W., & Yoon, J. B. (2010). Identification of QTLs for resistance to anthracnose to two *Colletotrichum* species in pepper. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 13(4), 227–233. <https://doi.org/10.1007/s12892-010-0081-0>
- Li, H., & Durbin, R. (2009). Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. *Bioinformatics*, 25(14), 1754–1760. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324>
- Li, H., Handsaker, B., Wysoker, A., Fennell, T., Ruan, J., Homer, N., ... Durbin, R. (2009). The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics*, 25(16), 2078–2079. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp352>
- Lima, N. B., Lima, W. G., Tovar-Pedraza, J. M., Michereff, S. J., & Câmara, M. P. S. (2015). Comparative epidemiology of *Colletotrichum* species from mango in northeastern Brazil. *European Journal of Plant Pathology*, 141(4), 679–688. <https://doi.org/10.1007/s10658-014-0570-y>
- Lima, R. D. S. (2015). O complexo da mancha-bacteriana em *Capsicum* no Brasil: espécies e sua sensibilidade ao cobre.. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) - Brasília – DF, Universidade de Brasília – UNB, 87p.
- Lin, S. W., Gniffke, P. A., e Wang, T. C. (2007). Inheritance of resistance to pepper anthracnose caused by *Colletotrichum acutatum*. In *Acta Horticulturae*. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2007.760.45>
- Liu, F., Tang, G., Zheng, X., Li, Y., Sun, X., Qi, X., ... Gong, G. (2016). Molecular and phenotypic characterization of *Colletotrichum* species associated with anthracnose disease in peppers from Sichuan Province, China. *Scientific*

- Reports*. <https://doi.org/10.1038/srep32761>
- Machado, E. L., & Santos, P. C. dos. (2017). Contaminação de Alimentos por Pesticidas: Uma Análise do Caso Brasileiro. *Organizações Rurais & Agroindustriais*, 19(2), 75–83. <https://doi.org/10.21714/2238-68902017v19n2p075>
- Mahasuk, P., Khumpeng, N., Wasee, S., Taylor, P. W. J., & Mongkolporn, O. (2009). Inheritance of resistance to anthracnose (*Colletotrichum capsici*) at seedling and fruiting stages in chili pepper (*Capsicum* spp.). *Plant Breeding*, 128(6), 701–706. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2008.01615.x>
- Mahasuk, P., Taylor, P. W. J., e Mongkolporn, O. (2009). Identification of two new genes conferring resistance to *Colletotrichum acutatum* in *Capsicum baccatum*. *Phytopathology*, 99(9), 1100–1104. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-99-9-1100>
- Mahasuk, Pitchayapa, Chinthaisong, J., & Mongkolporn, O. (2013). Differential resistances to anthracnose in *Capsicum baccatum* as responding to two *Colletotrichum* pathotypes and inoculation methods. *Breeding Science*, 63(3), 333–338. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.63.333>
- Mahasuk, Pitchayapa, Struss, D., & Mongkolporn, O. (2016). QTLs for resistance to anthracnose identified in two *Capsicum* sources. *Molecular Breeding*, 36(1), 1–10. <https://doi.org/10.1007/s11032-016-0435-5>
- Maracahipes, Á. C., Viscovini, K. K. C. G., Annunziatto, E. da S., Neves, L. G., Serafim, M. E., da Luz, P. B., e Araújo, K. L. (2016). Genetic diversity of the germplasm active bank of *Capsicum* of UNEMAT based on components resistant to the fungus *Colletotrichum gloeosporioides*. *Australian Journal of Crop Science*. <https://doi.org/10.21475/ajcs.2016.10.07.p7437>
- Marin-Felix, Y., Groenewald, J. Z., Cai, L., Chen, Q., Marincowitz, S., Barnes, I., ... Crous, P. W. (2017). Genera of phytopathogenic fungi: GOPHY 1. *Studies in Mycology*, 86, 99–216. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2017.04.002>
- Mendes, N. de S., & Gonçalves, É. C. B. de A. (2020). The role of bioactive components found in peppers. *Trends in Food Science & Technology*, 99(August 2019), 229–243. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2020.02.032>
- Menezes M. (2013) Aspectos biológicos e taxonômicos de espécies do gênero *Colletotrichum*. *Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agrônômica*, 3: 170-179.

- Mesta, R. K., Kulkarni, V. R., & Rao, M. S. L. (2007). Identification of susceptible stage of fruit and role of biochemical constituents in fruit rot of chilli, *Internat. J. agric. Sci.*, 3(1), 46–48.
- Michelmore, R. W., Paran, I., & Kesseli, R. V. (1991). Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 88(21), 9828–9832. <https://doi.org/10.1073/pnas.88.21.9828>
- Minsavage, G. V., Dahlbeck, D., Whalen, M. C., Kearney, B., Bonas, U., Staskawicz, B. J., & Stall, R. E. (1990). Gene-for-gene relationships specifying disease resistance in *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* - pepper interactions. *Molecular Plant-Microbe Interactions*. <https://doi.org/10.1094/MPMI-3-041>
- Mohan, V., & Paran, I. (2019). Molecular Mapping and Identification of QTLs and Genes for Economically Important Traits in the *Capsicum* Genome. In N. Ramchiary & C. Kole (Eds.), *The Capsicum Genome, Compendium of Plant Genomes* (pp. 105–119). Springer Nature Switzerland. https://doi.org/10.1007/978-3-319-97217-6_6
- Mongkolporn, O., & Taylor, P. W. J. (2018). Chili anthracnose: *Colletotrichum* taxonomy and pathogenicity. *Plant Pathology*, 67(6), 1255–1263. <https://doi.org/10.1111/ppa.12850>
- Mongkolporn, O., Montri, P., Supakaew, T., & Taylor, P. W. J. (2010). Differential Reactions on Mature Green and Ripe Chili Fruit Infected by Three *Colletotrichum* spp. *Plant Disease*, 94(3), 306–310. <https://doi.org/10.1094/PDIS-94-3-0306>
- Montri, P., Taylor, P. W. J., & Mongkolporn, O. (2009). Pathotypes of *Colletotrichum capsici*, the Causal Agent of Chili Anthracnose, in Thailand. *Plant Disease*, 93(1), 17–20. <https://doi.org/10.1094/PDIS-93-1-0017>
- 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://doi.org/10.5039/agraria.v10i2a4075>
- Moreira, S. O., Rodrigues, R., Oliveira, H. S., Medeiros, A. M., Sudré, C. P., & Gonçalves, L. S. A. (2013). Phenotypic and genotypic variation among *Capsicum annuum* recombinant inbred lines resistant to bacterial spot.

- Genetics and Molecular Research*, 12(2), 1232–1242.
<https://doi.org/10.4238/2013.April.17.2>
- Moreira, Sarah Ola, Rodrigues, R., de Araújo, M. L., Sudré, C. P., e Riva-Souza, E. M. (2009). Desempenho agrônômico de linhas endogâmicas recombinadas de pimenta em dois sistemas de cultivo. *Ciencia Rural*.
<https://doi.org/10.1590/s0103-84782009005000080>
- Moscone, E. A., Scaldaferrro, M. A., Grabiele, M., Cecchini, N. M., Ysbelia, ;, Garcia, S., ... Ehrendorfer7, F. (2007). The Evolution of Chili Peppers (*Capsicum-Solanaceae*): a Cytogenetic Perspective. Retrieved from
<https://pubag.nal.usda.gov/download/17481/PDF>
- Moses, M., Umaharan, P., e Dayanandan, S. (2014). Microsatellite based analysis of the genetic structure and diversity of *Capsicum chinense* in the Neotropics. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 61(4), 741–755.
<https://doi.org/10.1007/s10722-013-0069-y>
- Mulamba N. N. e Mock J. J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 7:40-51.
- Murray, M. G., & Thompson, W. F. (1980). Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*, 8(19), 4321–4326.
<https://doi.org/10.1093/nar/8.19.4321>
- Naegele, R. P., Ashrafi, H., Hill, T. A., Chin-Wo, S. R., Van Deynze, A. E., & Hausbeck, M. K. (2014). QTL mapping of fruit rot resistance to the plant pathogen *Phytophthora capsici* in a recombinant inbred line *Capsicum annuum* population. *Phytopathology*, 104(5), 479–483.
<https://doi.org/10.1094/PHYTO-05-13-0143-R>
- Naegele, Rachel P., Mitchell, J., e Hausbeck, M. K. (2016). Genetic diversity, population structure, and heritability of fruit traits in *Capsicum annuum*. *PLoS ONE*, 11(7), 1–17. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0156969>
- Nasehi, A., Kadir, J., Rashid, T. S., Awla, H. K., Golkhandan, E., & Mahmodi, F. (2016). Occurrence of anthracnose fruit rot caused by *Colletotrichum nymphaeae* on pepper (*Capsicum annuum*) in Malaysia. *Plant Disease*.
<https://doi.org/10.1094/PDIS-08-15-0876-PDN>
- Neitzke R. S., Barbieri R. L., Vasconcelos C. S., Fischer S. Z., Vilella J. C. B. e Castro C. M. (2014) Caracterização Morfológica e Estimativa da Distância

- Genética de Acessos de Pimenta do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado. *Embrapa Clima Temperado. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento*, 178: 1678-2518.
- Nick, C. e Borém, A. [Ed.] (2016). *Pimentão: do plantio à colheita*. Viçosa, MG: Ed. UFV, 204 p.
- Noor, N. M., & Zakaria, L. (2018). Identification and characterization of *Colletotrichum* spp. associated with chili anthracnose in peninsular Malaysia. *European Journal of Plant Pathology*, 151(4), 961–973. <https://doi.org/10.1007/s10658-018-1431-x>
- Nunes, J. A. R., Moreto, A. L., & Ramalho, M. A. P. (2008). Using Genealogy To Improve Selection Efficiency of Pedigree Method. *Scientia Agricola*, 65(February), 25–30. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162008000100004>
- O’Connell, R. J., Thon, M. R., Hacquard, S., Amyotte, S. G., Kleemann, J., Torres, M. F., ... Vaillancourt, L. J. (2012). Lifestyle transitions in plant pathogenic *Colletotrichum* fungi deciphered by genome and transcriptome analyses. *Nature Genetics*, 44(9), 1060–1065. <https://doi.org/10.1038/ng.2372>
- Oliveira, C. V. S. de, Matos, K. S., Albuquerque, D. M. C. de, Hanada, R. E., & Silva, G. F. da. (2017). Identification of *Colletotrichum* isolates from *Capsicum chinense* in Amazon. *Genetics and Molecular Research*, 16(2). <https://doi.org/10.4238/gmr16029601>
- 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, 279–286. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2015.06.017>
- Oliveira, T., Costa, K., Gravina, G., Santos, A., Silva, A., Santos, P., & Filho, J. (2018). Assessment of Resistance Status of Tomato Progenies to *Ralstonia pseudosolanacearum* and *Ralstonia solanacearum* Using Analysis of GGE Biplot and REML/BLUP. *Journal of Experimental Agriculture International*, 21(2), 1–10. <https://doi.org/10.9734/JEAI/2018/39411>
- Oo, M. M., Lim, G. T., Jang, H. A., & Oh, S. K. (2017). Characterization and pathogenicity of new record of anthracnose on various chili varieties caused by *Colletotrichum scovillei* in Korea. *Mycobiology*, 45(3), 184–191. <https://doi.org/10.5941/MYCO.2017.45.3.184>

- Padilha, H. K. M., Madruga, N. D. A., Aranha, B. C., Hoffmann, J. F., Crizel, R. L., Barbieri, R. L., & Chaves, F. C. (2019). Defense responses of *Capsicum* spp. genotypes to post-harvest *Colletotrichum* sp. inoculation. *Phytoparasitica*, 47(4), 557–573. <https://doi.org/10.1007/s12600-019-00756-9>
- Pakdeevaporn, P., Wasee, S., Taylor, P. W. J., e Mongkolporn, O. (2005). Inheritance of resistance to anthracnose caused by *Colletotrichum capsici* in *Capsicum*. *Plant Breeding*. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2004.01065.x>
- Park, S., Jeong, W. Y., Lee, J. H., Kim, Y. H., Jeong, S. W., Kim, G. S., ... Shin, S. C. (2012). Determination of polyphenol levels variation in *Capsicum annuum* L. cv. Chelsea (yellow bell pepper) infected by anthracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*) using liquid chromatography-tandem mass spectrometry. *Food Chemistry*, 130(4), 981–985. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2011.08.026>
- Park, Semin, Jeong, W. Y., Lee, J. H., Kim, Y. H., Jeong, S. W., Kim, G. S., ... Shin, S. C. (2012). Determination of polyphenol levels variation in *Capsicum annuum* L. cv. Chelsea (yellow bell pepper) infected by anthracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*) using liquid chromatography-tandem mass spectrometry. *Food Chemistry*, 130(4), 981–985. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2011.08.026>
- Pereira, M. J., Massola Junior, N. S., Sussel, A. A., Sala, F. C., Costa, C. P. da, e Boiteux, L. S. (2011). Reação de acessos de *Capsicum* e de progênies de cruzamentos interespecíficos a isolados de *Colletotrichum acutatum*. *Horticultura Brasileira*, 29(4), 569–576. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362011000400021>
- Pereira R. B., Pinheiro J. B. e Guimarães J. A. (2016) Manejo de Doenças Fúngicas no Sistema de Produção Integrada do Pimentão (PIP). Embrapa Hortaliças, Brasília, DF. *Embrapa Hortaliças. Circular técnica 147*.
- Perry, L., Dickau, R., Zarrillo, S., Holst, I., Pearsall, D. M., Piperno, D. R., ... Zeidler, J. A. (2007). Starch fossils and the domestication and dispersal of chili peppers (*Capsicum* spp. L.) in the Americas. *Science*, 315(5814), 986–988. <https://doi.org/10.1126/science.1136914>
- Pesek, J., & Baker, R. J. (1971). Comparison of predicted and onserved responses to selection for yield in wheat. *Canadian Journal of Plant Science*, 51(May 1971), 187–192.

- Pickersgill, B. (1997). Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp. *Euphytica*. <https://doi.org/10.1023/A:1002913228101>
- Pickersgill B (1986) *Capsicum* spp. In: León, J. (Org.). Guidelines for seed exchange and plant introduction in tropical crops. *FAO*, 73-78.
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E., & Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, 161(1–2), 209–228. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>
- Pignati, W. A., e Lima, F. A. N. de S., de Lara, S. S., Correa, M. L. M., Barbosa, J. R., Leão, L. H. D. C., & Pignatti, M. G. (2017). Spatial distribution of pesticide use in Brazil: a strategy for Health Surveillance. *Ciencia e Saude Coletiva*, 22(10), 3281–3293. <https://doi.org/10.1590/1413-812320172210.17742017>
- Pimenta, S., Rodrigues, R., Sudré, C. P., Moraes, J. G. T., Bento, C. S., & Medeiros, A. M. (2016). Protecting vegetable cultivars in Brazil: A chili pepper case-study research | Proteção de cultivares de hortaliças no Brasil: Um estudo do caso com pimenta. *Horticultura Brasileira*. <https://doi.org/10.1590/S0102-053620160000200003>
- Pimenta, Samy. (2015). "*Uenf Carioca*" e "*Uenf Carioquinha*": novas cultivares de pimenta (*Capsicum annuum* var. *annuum*) resistentes à mancha bacteriana. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 92f. Retrieved from <http://uenf.br/posgraduacao/gmp/wp-content/uploads/sites/6/2015/02/Tese-DS-Samy-Pimenta.pdf>
- Pimentel, A. J. B., Guimarães, J. F. R., de Souza, M. A., de Resende, M. D. V., Moura, L. M., de Carvalho Rocha, J. R. do A. S., & Ribeiro, G. (2014). Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 49(11), 882–890. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2014001100007>
- Pinto, C. M. F., dos Santos, I. C., de Araujo, F. F., & da Silva, T. P. (2016). Pepper Importance and Growth (*Capsicum* spp.). In *Production and Breeding of Chilli Peppers (Capsicum spp.)* (pp. 1–25). Cham: Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-06532-8_1
- Potnis, N., Minsavage, G., Smith, J. K., Hurlbert, J. C., Norman, D., Rodrigues, R., ... Jones, J. B. (2012). Avirulence Proteins *AvrBs7* from *Xanthomonas gardneri* and *AvrBs1.1* from *Xanthomonas euvesicatoria* Contribute to a Novel

- Gene-for-Gene Interaction in Pepper. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 25(3), 307–320. <https://doi.org/10.1094/MPMI-08-11-0205>
- Potnis, N., Timilsina, S., Strayer, A., Shantharaj, D., Barak, J. D., Paret, M. L., ... Jones, J. B. (2015a). 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>
- Qin, C., Yu, C., Shen, Y., Fang, X., Chen, L., Min, J., ... Zhang, Z. (2014). Whole-genome sequencing of cultivated and wild peppers provides insights into *Capsicum* domestication and specialization. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(14), 5135–5140. <https://doi.org/10.1073/pnas.1400975111>
- Ramalho M. A. P., Abreu A. F. B., Santos J. B. e Nunes J. A. R. (2012). *Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas*. Lavras: UFLA, 522p.
- Ramdial, H., e Rampersad, S. N. (2015). Characterization of *Colletotrichum* spp. causing anthracnose of bell pepper (*Capsicum annuum* L.) in Trinidad. *Phytoparasitica*. <https://doi.org/10.1007/s12600-014-0428-z>
- Rampersad, K., Ramdial, H., e Rampersad, S. N. (2016). Utility of internally transcribed spacer region of rDNA (ITS) and β -tubulin gene sequences to infer genetic diversity and migration patterns of *Colletotrichum truncatum* infecting *Capsicum* spp. *Ecology and Evolution*, 6(2), 593–606. <https://doi.org/10.1002/ece3.1918>
- Ranathunge, N. P., Mongkolporn, O., Ford, R., e Taylor, P. W. J. (2012). *Colletotrichum truncatum* Pathosystem on *Capsicum* spp: Infection, colonization and defence mechanisms. *Australasian Plant Pathology*, 41(5), 463–473. <https://doi.org/10.1007/s13313-012-0156-0>
- Rao, S., & Nandineni, M. R. (2017). Genome sequencing and comparative genomics reveal a repertoire of putative pathogenicity genes in chilli anthracnose fungus *Colletotrichum truncatum*. *PLoS ONE* (Vol. 12). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0183567>
- Reis A., Boiteux L. S. e Henz G.P. (2009) Antracnose em hortaliças da família Solanacea. *Embrapa Hortaliças. Circular técnica 79*.
- Rehrig, W. Z., Ashrafi, H., Hill, T., Prince, J., & Van Deynze, A. (2014). CaDMR1

- cosegregates with QTL Pc5.1 for resistance to phytophthora capsici in pepper (*Capsicum annuum*). *Plant Genome*, 7(2), 1–12. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2014.03.0011>
- Rekanovic, E., Potocnik, I., Stepanovic, M., Todorovic, B., Mihajlovic, M., & Milijasevic-Marcic, S. (2019). Control of pepper bacterial spot and tomato bacterial speck using bactericides in combination with a plant activator. *Pesticidi i Fitomedicina*, 34(1), 47–52. <https://doi.org/10.2298/PIF1901047R>
- Resende M. D. V. (2007) *O Software Selegen – Reml/Blup*. Embrapa, Campo Grande, 305p.
- Resende M. D. V. (2015) *Genética quantitativa e de populações*. Viçosa, MG: Suprema, 2015. 463p.
- Resende, M. D. V. de. (2016). Software Selegen-REML / BLUP : a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16(September), 330–339. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>
- Ridzuan, R., Rafii, M. Y., Ismail, S. I., Yusoff, M. M., Miah, G., & Usman, M. (2018). Breeding for anthracnose disease resistance in chili: Progress and prospects. *International Journal of Molecular Sciences*, 19(10), 1–21. <https://doi.org/10.3390/ijms19103122>
- Ribeiro C. S. C. e Reifschneider F. J. B. (2008) *Genética e melhoramento*. In: Ribeiro C. S. C., Lopes C. A., Carvalho S. I. C., Henz G. P. e Reifschneider F. J. B. (org). *Pimentas Capsicum*. Brasilia: Embrapa Hortaliças, 2008. p. 55-69.
- 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*. *Cropp Breeding and Applied Biotechnology*, 9(2), 108–115. <https://doi.org/10.12702/1984-7033.v09n02a02>
- Riva-Souza, Elaine M, Rodrigues, R., Sudré, C. P., Pereira, M. G., Viana, A. P., & Amaral Júnior, A. T. do. (2007). Obtaining pepper F_{2:3} lines with resistance to the bacterial spot using the pedigree method. *Horticultura Brasileira*, 25(4), 567–571. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362007000400014>
- 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, 101p.

- Riva-Souza E. M., Pereira M. G., Viana A. P., Sudré C. P., Bento C. S. e Rodrigues R. (2005) Melhoramento genético do pimentão para resistência à mancha bacteriana pelo método genealógico. *Horticultura Brasileira*, 23: 418.
- Riva, E., Rodrigues, R., Pereira, M., & Sudré, C. (2004). Inheritance of bacterial spot disease in *Capsicum annum* L. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4(1982), 490–494. Retrieved from <http://www.sbmp.org.br/cbab/siscbab/uploads/c8128f42-420e-6cba.pdf>
- Riva, E. M., Rodrigues, R., Pereira M. G., Sudré C. P., Amaral Júnior A. T. e Karasawa M. (2003) Efeitos gênicos na herança da resistência à mancha bacteriana em pimentão. *Horticultura Brasileira*, 21: 363.
- Sakthivel, K., Sawhney, S., Manigundan, K., Pandey, V. K., Das, M. M., Shalini, B., ... Gautam, R. K. (2020). Variability in *Colletotrichum* infecting chilli plants of Andaman and Nicobar Islands, India. *Journal of Environmental Biology*, 41(2), 261–265. <https://doi.org/10.22438/jeb/41/2/MRN-1127>
- Saxena, A., Raghuwanshi, R., & Singh, H. B. (2014). Molecular, phenotypic and pathogenic variability in *Colletotrichum* isolates of subtropical region in north-eastern India, causing fruit rot of chillies. *Journal of Applied Microbiology*, 117(5), 1422–1434. <https://doi.org/10.1111/jam.12607>
- Saxena, Amrita, Raghuwanshi, R., Gupta, V. K., & Singh, H. B. (2016). Chilli anthracnose: The epidemiology and management. *Frontiers in Microbiology*, 7(SEP), 1–18. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01527>
- Schorneck, S., Minsavage, G. V., Stall, R. E., Jones, J. B., & Lahaye, T. (2008). Characterization of *AvrHah1*, a novel *AvrBs3*-like effector from *Xanthomonas gardneri* with virulence and avirulence activity. *New Phytologist*, 179(2), 546–556. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2008.02487.x>
- Šević, M., Gašić, K., Ignjatov, M., Mijatović, M., Prokić, A., & Obradović, A. (2019). Integration of biological and conventional treatments in control of pepper bacterial spot. *Crop Protection*, 119(January), 46–51. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2019.01.006>
- Sharma, A., Kumar, V., Shahzad, B., Tanveer, M., Sidhu, G. P. S., Handa, N., ... Thukral, A. K. (2019). Worldwide pesticide usage and its impacts on ecosystem. *SN Applied Sciences*, 1(11), 1–16. <https://doi.org/10.1007/s42452-019-1485-1>
- Sharma, G., Kumar Pinnaka, A., & Damodara Shenoy, B. (2014). Infra-specific

- diversity of *Colletotrichum truncatum* associated with chilli anthracnose in India based on microsatellite marker analysis. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 47(20), 2509–2523. <https://doi.org/10.1080/03235408.2014.880577>
- Sharma, G., & Shenoy, B. D. (2014). *Colletotrichum fructicola* and *C. siamense* are involved in chilli anthracnose in India. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 47(10), 1179–1194. <https://doi.org/10.1080/03235408.2013.833749>
- Silva, J. R. A., Chaves, T. P., da Silva, A. R. G., Barbosa, L. da F., Costa, J. F. O., Ramos-Sobrinho, R., ... Assunção, I. P. (2017). Molecular and morpho-cultural characterization of *Colletotrichum* spp. associated with anthracnose on *Capsicum* spp. in northeastern Brazil. *Tropical Plant Pathology*, 42(4), 315–319. <https://doi.org/10.1007/s40858-017-0151-7>
- Silva, L.R.A., Rodrigues, R., Pimenta, S., Correa, J. W. S., Araújo, M. S. B., Bento, C. S., & Sudré, C. P. (2017). Inheritance of bacterial spot resistance in *Capsicum annuum* var. *annuum*. *Genetics and Molecular Research*, 16(2). <https://doi.org/10.4238/gmr16029631>
- Silva, L. R. A. (2018). *Genetic resistance to Xanthomonas euvesicatoria and X. gardneri in Capsicum annuum: inheritance studies and proposal of a new gene for Hypersensitive Reaction*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 94f.
- Silva, S. A. M., Rodrigues, R., Gonçalves, L. S. A., Sudré, C. P., Bento, C. S., Carmo, M. G. F., & Medeiros, A. M. (2014). Resistance in *Capsicum* spp. to anthracnose affected by different stages of fruit development during pre- and post-harvest. *Tropical Plant Pathology*, 39(4), 335–341. <https://doi.org/10.1590/S1982-56762014000400009>
- Silva M. P. (2007) *Aspectos clássicos e moleculares no melhoramento de pimentão visando à resistência à mancha bacteriana*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 90p.
- Sousa, C. M., Gravina, G. A., Viana, A. P., Daher, R. F., & Souza, C. L. (2017). Selection of snap bean F₂ progenies for production using the REML/ BLUP methodology. *Horticultura Brasileira*, 35, 33–40.

- <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620170106> Selection
- Stall, R. E., Jones, J. B., & Minsavage, G. V. (2009). Durability of Resistance in Tomato and Pepper to *Xanthomonads* Causing Bacterial Spot. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080508-081752>
- Strauss, T., van Poecke, R. M. P., Strauss, A., Romer, P., Minsavage, G. V., Singh, S., ... Lahaye, T. (2012). RNA-seq pinpoints a *Xanthomonas* TAL-effector activated resistance gene in a large-crop genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *109*(47), 19480–19485. <https://doi.org/10.1073/pnas.1212415109>
- Sudré, C.P. (2003) *Divergência genética e avaliação da resistência à mancha bacteriana em Capsicum spp.* Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 112 f.
- Sun, C. Y., Mao, S. L., Zhang, Z. H., Palloix, A., Wang, L. H., & Zhang, B. X. (2015). Resistances to anthracnose (*Colletotrichum acutatum*) of *Capsicum* mature green and ripe fruit are controlled by a major dominant cluster of QTLs on chromosome P5. *Scientia Horticulturae*, *181*, 81–88. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.10.033>
- Suwor, P., Sanitchon, J., Thummabenjapone, P., Kumar, S., & Techawongstien, S. (2017). Inheritance analysis of anthracnose resistance and marker-assisted selection in introgression populations of chili (*Capsicum annum* L.). *Scientia Horticulturae*, *220*, 20–26. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2017.03.032>
- Tai, T. H., Dahlbeck, D., Clark, E. T., Gajiwala, P., Pasion, R., Whalen, M. C., ... Staskawicz, B. J. (1999). Expression of the *Bs2* pepper gene confers resistance to bacterial spot disease in tomato, *96*(24), 14153–14158.
- Tariq, A., Naz, F., Rauf, C. A., Irshad, G., & Abbasi, N. A. (2017). First Report of Anthracnose Caused by *Colletotrichum truncatum* on Bell Pepper (*Capsicum annum*) in Pakistan, *101*(4). <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-16-0996>
- Than, P. P., Prihastuti, H., Phoulivong, S., Taylor, P. W. J., e Hyde, K. D. (2008). Chilli anthracnose disease caused by *Colletotrichum* species. *Journal of Zhejiang University Science B*, *9*(10), 764–778. <https://doi.org/10.1631/jzus.B0860007>
- Töfoli J. G., Domingues R. J. e Ferrari J. T. (2015) Antracnose em solanáceas: etiologia, características e controle. *Biológico*, *77*: 73-79.
- Torres, F. E., Benites, S. B., Ribeiro, L. P., Correa, A. M., Antônio, C., & Teodoro,

- P. E. (2018). Selection of soybean genotypes for to Cerrado / Pantanal Ecotone Via REML / BLUP. *Bioscience Journal*, 34(2), 333–340.
- Torres, F. E., Teodoro, P. E., Sagrilo, E., Ceccon, G., & Correa, A. M. (2015). Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. *Bragantia*, 74(3), 255–260. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.0099>
- Tozze Jr., H. J., Massola, N. M., Câmara, M. P. S., Gioria, R., Suzuki, O., Brunelli, K. R., ... Kobori, R. F. (2009). First Report of *Colletotrichum boninense* Causing Anthracnose on Pepper in Brazil. *Plant Disease*, 93(1), 106–106. <https://doi.org/10.1094/PDIS-93-1-0106A>
- Vallejos, C. E., Jones, V., Stall, R. E., Jones, J. B., Minsavage, G. V., Schultz, D. C., ... Mazourek, M. (2010). Characterization of two recessive genes controlling resistance to all races of bacterial spot in peppers. *Theoretical and Applied Genetics*, 121(1), 37–46. <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1289-6>
- 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>
- Van Zonneveld, M., Ramirez, M., Williams, D. E., Petz, M., Meckelmann, S., Avila, T., ... Scheldeman, X. (2015). Screening genetic resources of *Capsicum* peppers in their primary center of diversity in Bolivia and Peru. *PLoS ONE*. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0134663>
- Viñals, F. N., García J. C. C. e Ortega, R. G. (1996) *El cultivo de pimientos, chiles y ajíes*. Mundi-Prensa, Madrid. 607p.
- Wang, D., e Bosland, P. W. (2006). The genes of *Capsicum*. *HortScience*, 41(5), 1169–1187.
- Wente, R. L., Li, J., Hutton, S. F., Jones, J. B., & Gerald V. Minsavage Robert E. Stall. (2018). Fine mapping and candidate gene characterization of the pepper bacterial spot resistance gene *bs6*. *47th Tomato Breeders' Roundtable Meeting*, 25.
- Xu, X., Chao, J., Cheng, X., Wang, R., Sun, B., Wang, H., ... Li, Y. (2016). Mapping of a novel race specific resistance gene to phytophthora root rot of pepper (*Capsicum Annuum*) using bulked segregant analysis combined with specific length amplified fragment sequencing strategy. *PLoS ONE*, 11(3), 1–13.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0151401>

Zhao, Y., Liu, Y., Zhang, Z., Cao, Y., Yu, H., Ma, W., ... Wang, L. (2020). Fine mapping of the major anthracnose resistance QTL *AnRGO5* in *Capsicum chinense* "PBC932." *BMC Plant Biology*, 20(1), 1–8.
<https://doi.org/10.1186/s12870-019-2115-1>

APENDICE

APENDICE A

Tabela 1A. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável período de incubação em frutos imaturos das 150 plantas F_{2:3} selecionadas.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	317	16	6,67	1,82	5,79	2,27	6,25
2	101	6	7,00	1,63	5,60	2,10	6,07
3	317	2	6,67	1,79	5,77	2,24	6,21
4	317	10	6,67	1,71	5,69	2,16	6,13
5	317	5	5,33	1,37	5,34	1,79	5,77
6	101	11	6,00	1,37	5,35	1,81	5,79
7	317	3	6,33	1,60	5,58	2,06	6,04
8	250	10	8,00	2,84	6,81	2,88	6,86
9	101	12	5,33	1,13	5,11	1,61	5,58
10	317	1	6,00	1,46	5,43	1,93	5,91
11	101	4	6,33	1,53	5,51	2,00	5,98
12	151	10	8,00	2,10	6,08	2,56	6,53
13	152	11	6,00	1,37	5,35	1,80	5,78
14	317	13	4,67	1,13	5,10	1,60	5,58
15	101	10	6,00	1,37	5,34	1,80	5,77
16	317	4	4,33	0,99	4,96	1,49	5,46
17	250	8	8,00	3,01	6,98	3,01	6,98
18	101	5	4,33	0,91	4,89	1,44	5,41
19	250	9	5,00	1,91	5,89	2,32	6,30
20	101	8	4,67	1,10	5,07	1,57	5,55
21	101	7	6,00	1,41	5,38	1,87	5,84
22	104	2	5,67	1,37	5,35	1,82	5,79
23	317	7	4,00	0,86	4,84	1,40	5,37
24	20	1	6,00	1,04	5,02	1,53	5,50
25	151	3	7,33	1,88	5,86	2,31	6,28
26	317	14	5,00	1,17	5,15	1,64	5,62
27	37	10	4,00	0,67	4,64	1,25	5,22
28	317	12	5,33	1,26	5,23	1,70	5,68
29	151	9	6,00	1,51	5,49	1,98	5,96
30	317	11	5,33	1,27	5,25	1,71	5,68
31	104	14	8,00	2,09	6,06	2,50	6,47
32	152	12	6,00	1,36	5,33	1,78	5,75
33	20	17	6,00	1,12	5,10	1,58	5,56
34	152	13	6,00	1,45	5,42	1,91	5,89
35	313	1	8,00	1,78	5,75	2,22	6,20
36	152	10	5,33	1,15	5,12	1,62	5,59
37	101	1	6,00	1,34	5,31	1,76	5,74
38	101	13	4,33	0,89	4,87	1,42	5,40
39	37	3	8,00	2,00	5,97	2,40	6,38
40	37	14	5,00	1,02	4,99	1,51	5,49
41	104	9	6,00	1,48	5,46	1,96	5,93
42	151	12	6,00	1,43	5,40	1,89	5,87
43	151	6	7,00	1,70	5,67	2,13	6,11
44	37	15	6,67	1,62	5,60	2,09	6,06
45	104	8	4,33	1,02	5,00	1,51	5,49
46	151	16	6,67	1,77	5,74	2,20	6,17
47	104	3	5,33	1,18	5,16	1,66	5,63
48	258	6	7,00	1,13	5,10	1,60	5,57
49	151	4	7,33	1,93	5,91	2,34	6,32
50	85	6	5,33	0,56	4,54	1,17	5,14
51	104	5	5,00	1,17	5,15	1,65	5,62
52	241	7	5,67	1,33	5,30	1,75	5,73
53	313	17	8,00	1,86	5,83	2,29	6,26

Tabela 1A, cont.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
54	250	11	8,00	2,84	6,81	2,89	6,87
55	37	7	2,67	0,26	4,24	0,97	4,95
56	250	7	8,00	2,88	6,85	2,94	6,92
57	27	1	7,00	1,57	5,55	2,03	6,01
58	20	14	4,67	0,65	4,63	1,24	5,22
59	250	16	5,00	1,94	5,92	2,36	6,34
60	51	22	4,67	0,72	4,69	1,29	5,26
61	37	16	6,00	1,44	5,41	1,91	5,88
62	101	9	2,67	0,34	4,31	1,02	5,00
63	250	13	4,33	1,70	5,67	2,12	6,10
64	104	15	5,00	1,14	5,12	1,62	5,59
65	152	16	5,00	1,14	5,11	1,61	5,59
66	170	3	5,33	0,69	4,66	1,27	5,24
67	250	15	6,00	2,24	6,21	2,62	6,60
68	237	15	5,00	0,87	4,84	1,40	5,38
69	151	7	4,67	1,03	5,01	1,52	5,50
70	27	7	7,33	1,76	5,73	2,18	6,16
71	85	2	6,67	1,16	5,13	1,63	5,61
72	309	4	6,00	0,95	4,93	1,47	5,44
73	313	6	7,00	1,41	5,38	1,88	5,85
74	237	7	6,33	1,28	5,26	1,72	5,70
75	250	14	8,00	2,85	6,83	2,91	6,89
76	236	11	5,50	0,86	4,83	1,39	5,37
77	20	16	5,00	0,85	4,83	1,38	5,36
78	85	13	5,33	0,71	4,69	1,28	5,25
79	313	10	7,33	1,59	5,57	2,04	6,02
80	20	10	4,50	0,58	4,55	1,18	5,16
81	236	4	4,33	0,52	4,50	1,14	5,12
82	170	4	5,00	0,63	4,61	1,22	5,20
83	151	5	4,67	1,10	5,07	1,57	5,54
84	250	5	6,00	2,27	6,25	2,65	6,63
85	88	5	6,67	1,27	5,25	1,71	5,69
86	152	9	4,33	0,89	4,86	1,41	5,39
87	250	12	5,67	2,05	6,02	2,47	6,45
88	85	3	5,67	0,75	4,72	1,32	5,30
89	260	14	7,00	1,38	5,36	1,82	5,80
90	170	1	5,00	0,54	4,52	1,16	5,14
91	175	4	5,50	0,91	4,89	1,43	5,41
92	85	15	4,33	0,37	4,34	1,04	5,01
93	20	7	5,67	1,01	4,98	1,50	5,47
94	250	6	7,67	2,65	6,63	2,82	6,79
95	20	9	3,67	0,38	4,35	1,05	5,02
96	170	17	5,33	0,73	4,71	1,31	5,28
97	309	5	5,67	0,89	4,86	1,42	5,39
98	309	1	5,33	0,64	4,62	1,24	5,21
99	85	9	3,00	-0,07	3,91	0,82	4,79
100	104	16	3,00	0,51	4,49	1,14	5,11
101	85	17	4,33	0,34	4,32	1,03	5,00
102	104	6	5,33	1,11	5,09	1,58	5,55
103	20	3	4,67	0,64	4,61	1,22	5,20
104	258	3	4,33	0,31	4,29	1,00	4,97
105	236	15	5,33	0,87	4,84	1,40	5,37
106	27	18	6,33	1,34	5,32	1,77	5,75
107	237	6	6,67	1,28	5,26	1,73	5,71
108	258	11	4,67	0,43	4,40	1,08	5,06
109	51	19	5,67	0,90	4,88	1,43	5,41
110	175	2	5,00	0,77	4,74	1,33	5,30
111	309	11	5,33	0,68	4,65	1,26	5,23
112	260	10	5,00	0,70	4,67	1,27	5,25

Tabela 1A, cont.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
113	308	2	7,00	1,59	5,57	2,05	6,03
114	88	13	4,67	0,59	4,56	1,20	5,17
115	241	12	6,67	1,61	5,58	2,07	6,05
116	309	7	5,33	0,71	4,69	1,28	5,26
117	258	16	4,00	0,31	4,28	1,00	4,97
118	27	16	6,00	1,38	5,36	1,83	5,80
119	20	11	4,67	0,64	4,61	1,23	5,20
120	321	11	7,00	1,28	5,25	1,72	5,69
121	258	5	4,00	0,30	4,28	0,99	4,97
122	247	13	7,33	1,66	5,63	2,11	6,08
123	151	8	1,33	0,05	4,03	0,87	4,84
124	85	16	4,33	0,40	4,38	1,07	5,04
125	237	1	5,67	0,99	4,96	1,50	5,47
126	88	4	3,33	0,11	4,09	0,90	4,88
127	85	5	2,33	-0,26	3,71	0,69	4,66
128	51	8	4,00	0,54	4,51	1,16	5,13
129	170	12	5,67	0,79	4,76	1,34	5,32
130	321	3	6,00	0,94	4,91	1,46	5,43
131	258	17	5,00	0,58	4,55	1,18	5,15
132	175	8	4,33	0,64	4,61	1,23	5,20
133	236	5	7,00	1,46	5,43	1,92	5,90
134	309	9	5,00	0,64	4,61	1,23	5,21
135	85	12	3,33	-0,05	3,93	0,83	4,80
136	237	8	5,00	0,97	4,95	1,48	5,45
137	51	9	4,00	0,44	4,42	1,09	5,07
138	20	4	4,33	0,58	4,55	1,18	5,15
139	51	23	6,00	0,85	4,83	1,39	5,36
140	104	12	5,00	1,06	5,04	1,55	5,52
141	259	5	7,33	2,02	5,99	2,42	6,40
142	85	1	5,00	0,49	4,46	1,12	5,10
143	85	10	4,33	0,30	4,28	0,99	4,97
144	310	14	7,00	1,74	5,72	2,17	6,14
145	313	5	4,67	0,81	4,78	1,35	5,33
146	313	7	6,67	1,41	5,38	1,88	5,86
147	27	17	5,67	1,21	5,18	1,68	5,65
148	309	14	5,00	0,58	4,56	1,19	5,16
149	20	5	5,00	0,85	4,82	1,38	5,35
150	309	8	2,67	-0,04	3,94	0,83	4,81

Tabela 2A. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável período latente em frutos imaturos das 150 plantas F_{2:3} selecionadas.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	317	16	8,00	0,72	7,56	0,79	7,63
2	101	6	8,00	0,82	7,66	0,85	7,69
3	317	2	8,00	0,71	7,55	0,78	7,62
4	317	10	8,00	0,73	7,57	0,79	7,63
5	317	5	8,00	0,72	7,56	0,79	7,63
6	101	11	8,00	0,82	7,66	0,85	7,69
7	317	3	8,00	0,73	7,57	0,79	7,63
8	250	10	8,00	0,85	7,69	0,86	7,70
9	101	12	8,00	0,78	7,62	0,82	7,66
10	317	1	8,00	0,77	7,61	0,81	7,65
11	101	4	8,00	0,82	7,66	0,85	7,69
12	151	10	8,00	0,59	7,43	0,71	7,55
13	152	11	8,00	0,55	7,39	0,68	7,52
14	317	13	7,67	0,65	7,49	0,75	7,59
15	101	10	8,00	0,81	7,66	0,84	7,68
16	317	4	7,00	0,56	7,40	0,68	7,53
17	250	8	8,00	0,87	7,71	0,87	7,71
18	101	5	8,00	0,81	7,65	0,84	7,68
19	250	9	7,67	0,80	7,64	0,84	7,68
20	101	8	7,00	0,65	7,49	0,75	7,59
21	101	7	8,00	0,84	7,68	0,86	7,70
22	104	2	8,00	0,66	7,50	0,76	7,60
23	317	7	7,50	0,67	7,51	0,76	7,60
24	20	1	8,00	0,48	7,32	0,66	7,50
25	151	3	8,00	0,60	7,44	0,72	7,56
26	317	14	7,67	0,66	7,50	0,76	7,60
27	37	10	8,00	0,78	7,62	0,82	7,66
28	317	12	7,67	0,63	7,47	0,74	7,58
29	151	9	8,00	0,60	7,44	0,72	7,56
30	317	11	8,00	0,73	7,57	0,79	7,63
31	104	14	8,00	0,66	7,50	0,76	7,60
32	152	12	8,00	0,51	7,35	0,67	7,51
33	20	17	8,00	0,45	7,29	0,63	7,47
34	152	13	8,00	0,53	7,37	0,67	7,51
35	313	1	8,00	0,73	7,57	0,79	7,63
36	152	10	7,33	0,43	7,27	0,62	7,46
37	101	1	8,00	0,86	7,70	0,87	7,71
38	101	13	8,00	0,80	7,64	0,83	7,67
39	37	3	8,00	0,78	7,62	0,83	7,67
40	37	14	8,00	0,76	7,60	0,81	7,65
41	104	9	8,00	0,68	7,52	0,77	7,61
42	151	12	8,00	0,56	7,40	0,68	7,52
43	151	6	8,00	0,60	7,44	0,72	7,56
44	37	15	8,00	0,79	7,63	0,83	7,67
45	104	8	7,33	0,57	7,41	0,69	7,53
46	151	16	8,00	0,59	7,43	0,71	7,55
47	104	3	8,00	0,68	7,52	0,76	7,60
48	258	6	8,00	0,46	7,30	0,64	7,48
49	151	4	8,00	0,60	7,44	0,72	7,56
50	85	6	8,00	0,76	7,60	0,81	7,65
51	104	5	8,00	0,66	7,50	0,76	7,60
52	241	7	8,00	0,71	7,55	0,78	7,62
53	313	17	8,00	0,69	7,53	0,77	7,61
54	250	11	8,00	0,85	7,69	0,86	7,70
55	37	7	8,00	0,80	7,64	0,84	7,68
56	250	7	8,00	0,88	7,72	0,88	7,72

Tabela 2A, cont.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
57	27	1	8,00	0,60	7,44	0,72	7,56
58	20	14	8,00	0,43	7,27	0,62	7,46
59	250	16	8,00	0,85	7,69	0,86	7,70
60	51	22	7,67	0,48	7,32	0,66	7,50
61	37	16	8,00	0,77	7,61	0,82	7,66
62	101	9	8,00	0,83	7,67	0,85	7,69
63	250	13	8,00	0,83	7,67	0,85	7,69
64	104	15	7,33	0,57	7,41	0,69	7,53
65	152	16	8,00	0,54	7,38	0,68	7,52
66	170	3	8,00	0,61	7,45	0,73	7,57
67	250	15	8,00	0,87	7,71	0,87	7,71
68	237	15	8,00	0,44	7,28	0,63	7,47
69	151	7	6,67	0,38	7,22	0,59	7,43
70	27	7	8,00	0,59	7,43	0,71	7,55
71	85	2	8,00	0,74	7,58	0,80	7,64
72	309	4	7,67	0,03	6,87	0,42	7,26
73	313	6	8,00	0,69	7,53	0,77	7,61
74	237	7	8,00	0,45	7,29	0,63	7,47
75	250	14	8,00	0,84	7,68	0,85	7,70
76	236	11	8,00	0,60	7,44	0,71	7,55
77	20	16	7,67	0,38	7,22	0,59	7,43
78	85	13	8,00	0,74	7,58	0,80	7,64
79	313	10	8,00	0,69	7,53	0,77	7,61
80	20	10	7,50	0,35	7,19	0,58	7,42
81	236	4	8,00	0,60	7,44	0,72	7,56
82	170	4	8,00	0,61	7,45	0,73	7,57
83	151	5	8,00	0,58	7,42	0,70	7,54
84	250	5	8,00	0,84	7,68	0,86	7,70
85	88	5	7,67	0,56	7,40	0,69	7,53
86	152	9	6,67	0,32	7,16	0,56	7,40
87	250	12	8,00	0,82	7,66	0,84	7,68
88	85	3	8,00	0,76	7,60	0,81	7,65
89	260	14	8,00	0,40	7,24	0,60	7,44
90	170	1	8,00	0,64	7,49	0,75	7,59
91	175	4	7,50	0,47	7,31	0,65	7,49
92	85	15	7,67	0,72	7,56	0,78	7,62
93	20	7	6,33	0,17	7,01	0,49	7,33
94	250	6	8,00	0,86	7,70	0,87	7,71
95	20	9	7,67	0,39	7,24	0,60	7,44
96	170	17	8,00	0,61	7,45	0,73	7,57
97	309	5	8,00	0,08	6,92	0,45	7,29
98	309	1	7,67	0,06	6,91	0,44	7,28
99	85	9	8,00	0,77	7,61	0,82	7,66
100	104	16	8,00	0,67	7,51	0,76	7,60
101	85	17	7,67	0,70	7,54	0,78	7,62
102	104	6	6,33	0,38	7,22	0,59	7,43
103	20	3	8,00	0,45	7,29	0,63	7,47
104	258	3	7,67	0,40	7,24	0,61	7,45
105	236	15	8,00	0,61	7,45	0,73	7,57
106	27	18	8,00	0,58	7,42	0,70	7,54
107	237	6	8,00	0,43	7,27	0,62	7,46
108	258	11	8,00	0,46	7,30	0,64	7,48
109	51	19	8,00	0,32	7,16	0,56	7,40
110	175	2	8,00	0,54	7,38	0,67	7,51
111	309	11	7,00	-0,09	6,75	0,37	7,21
112	260	10	8,00	0,41	7,25	0,61	7,45
113	308	2	8,00	0,23	7,07	0,52	7,36
114	88	13	8,00	0,61	7,45	0,73	7,57
115	241	12	8,00	0,64	7,48	0,75	7,59

Tabela 2A, cont.

Ordem	Familia F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
116	309	7	7,67	0,05	6,89	0,43	7,27
117	258	16	7,67	0,39	7,23	0,60	7,44
118	27	16	8,00	0,56	7,40	0,68	7,52
119	20	11	7,67	0,39	7,23	0,60	7,44
120	321	11	8,00	0,22	7,06	0,51	7,35
121	258	5	7,67	0,39	7,23	0,60	7,44
122	247	13	8,00	0,53	7,37	0,67	7,51
123	151	8	8,00	0,61	7,45	0,73	7,57
124	85	16	8,00	0,75	7,59	0,80	7,64
125	237	1	7,33	0,34	7,18	0,57	7,41
126	88	4	7,67	0,58	7,42	0,70	7,54
127	85	5	7,33	0,63	7,47	0,74	7,58
128	51	8	8,00	0,47	7,31	0,65	7,49
129	170	12	7,33	0,45	7,29	0,63	7,47
130	321	3	8,00	0,22	7,06	0,51	7,35
131	258	17	8,00	0,46	7,30	0,64	7,48
132	175	8	8,00	0,57	7,41	0,69	7,53
133	236	5	8,00	0,58	7,43	0,70	7,54
134	309	9	7,33	-0,02	6,82	0,41	7,25
135	85	12	8,00	0,72	7,56	0,79	7,63
136	237	8	7,33	0,32	7,16	0,56	7,40
137	51	9	6,67	0,23	7,07	0,52	7,36
138	20	4	7,00	0,27	7,11	0,54	7,38
139	51	23	8,00	0,30	7,14	0,55	7,39
140	104	12	8,00	0,64	7,48	0,75	7,59
141	259	5	8,00	0,26	7,10	0,54	7,38
142	85	1	7,67	0,74	7,58	0,80	7,64
143	85	10	8,00	0,76	7,60	0,81	7,65
144	310	14	8,00	0,42	7,26	0,62	7,46
145	313	5	8,00	0,68	7,52	0,77	7,61
146	313	7	8,00	0,72	7,56	0,79	7,63
147	27	17	8,00	0,57	7,41	0,69	7,53
148	309	14	6,33	-0,23	6,61	0,32	7,16
149	20	5	7,00	0,25	7,09	0,54	7,38
150	309	8	7,67	0,04	6,88	0,43	7,27

Tabela 3A. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável área abaixo da curva de progresso da doença em frutos imaturos das 150 plantas F_{2:3} selecionadas.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	317	16	1,33	-4,60	3,92	0,04	8,56
2	101	6	0,50	-5,32	3,20	-0,09	8,43
3	317	2	2,17	-4,35	4,17	0,14	8,65
4	317	10	2,00	-4,28	4,23	0,17	8,69
5	317	5	3,00	-4,26	4,25	0,18	8,69
6	101	11	1,50	-5,21	3,31	-0,08	8,44
7	317	3	2,67	-4,37	4,15	0,13	8,65
8	250	10	0,10	-6,46	2,06	-0,23	8,29
9	101	12	2,17	-4,84	3,68	0,00	8,52
10	317	1	3,50	-4,11	4,41	0,22	8,74
11	101	4	1,17	-5,40	3,12	-0,10	8,42
12	151	10	0,10	-4,93	3,59	-0,02	8,50
13	152	11	1,50	-4,33	4,18	0,15	8,67
14	317	13	6,83	-3,09	5,43	0,75	9,26
15	101	10	1,50	-5,15	3,37	-0,06	8,46
16	317	4	6,17	-3,27	5,24	0,64	9,16
17	250	8	0,10	-6,93	1,59	-0,25	8,26
18	101	5	4,17	-4,66	3,86	0,03	8,55
19	250	9	4,50	-5,51	3,01	-0,12	8,40
20	101	8	8,83	-3,56	4,95	0,46	8,98
21	101	7	2,50	-5,17	3,35	-0,06	8,45
22	104	2	1,83	-4,53	3,99	0,06	8,58
23	317	7	8,00	-2,90	5,62	0,86	9,38
24	20	1	1,75	-3,20	5,31	0,70	9,22
25	151	3	0,33	-5,13	3,38	-0,05	8,47
26	317	14	4,83	-3,45	5,07	0,53	9,05
27	37	10	3,50	-4,45	4,06	0,10	8,62
28	317	12	4,83	-3,37	5,15	0,56	9,08
29	151	9	2,17	-4,63	3,88	0,04	8,55
30	317	11	5,00	-3,51	5,01	0,49	9,01
31	104	14	0,10	-4,86	3,66	-0,01	8,51
32	152	12	1,83	-4,06	4,46	0,25	8,77
33	20	17	2,00	-2,99	5,53	0,82	9,34
34	152	13	1,83	-4,33	4,18	0,16	8,68
35	313	1	0,10	-3,68	4,84	0,41	8,92
36	152	10	5,50	-3,15	5,37	0,72	9,24
37	101	1	1,83	-5,30	3,21	-0,08	8,44
38	101	13	2,83	-4,93	3,59	-0,02	8,49
39	37	3	0,10	-5,67	2,84	-0,14	8,38
40	37	14	3,17	-4,50	4,01	0,07	8,58
41	104	9	1,50	-4,80	3,72	0,01	8,52
42	151	12	1,50	-4,41	4,10	0,12	8,64
43	151	6	1,83	-4,33	4,18	0,15	8,67
44	37	15	0,83	-5,42	3,09	-0,10	8,42
45	104	8	7,50	-3,30	5,22	0,62	9,14
46	151	16	1,17	-4,75	3,76	0,01	8,53
47	104	3	5,17	-3,75	4,77	0,37	8,89
48	258	6	0,83	-2,61	5,91	1,06	9,58
49	151	4	0,33	-5,02	3,50	-0,04	8,48
50	85	6	2,67	-3,70	4,82	0,40	8,91
51	104	5	3,50	-4,21	4,31	0,20	8,72
52	241	7	2,17	-4,68	3,84	0,02	8,54
53	313	17	0,10	-3,53	4,98	0,48	8,99
54	250	11	0,10	-6,52	2,00	-0,24	8,28
55	37	7	4,50	-4,47	4,05	0,10	8,61
56	250	7	0,10	-6,76	1,76	-0,25	8,27
57	27	1	0,83	-4,43	4,09	0,11	8,63

Tabela 3A, cont.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	20	14	3,50	-2,42	6,09	1,16	9,68
59	250	16	2,67	-5,86	2,65	-0,16	8,36
60	51	22	4,17	-3,31	5,21	0,61	9,12
61	37	16	3,83	-4,48	4,03	0,08	8,59
62	101	9	6,83	-3,94	4,58	0,29	8,80
63	250	13	4,17	-5,47	3,04	-0,11	8,41
64	104	15	6,83	-3,24	5,28	0,67	9,19
65	152	16	2,50	-4,12	4,40	0,21	8,73
66	170	3	2,50	-3,65	4,87	0,42	8,94
67	250	15	2,50	-6,01	2,51	-0,18	8,34
68	237	15	2,83	-3,64	4,88	0,43	8,95
69	151	7	7,17	-3,24	5,27	0,66	9,18
70	27	7	0,50	-4,57	3,95	0,05	8,57
71	85	2	2,17	-4,06	4,46	0,24	8,76
72	309	4	3,50	-2,02	6,49	1,39	9,91
73	313	6	0,50	-3,21	5,30	0,69	9,20
74	237	7	1,50	-4,09	4,43	0,23	8,75
75	250	14	0,10	-6,42	2,10	-0,22	8,29
76	236	11	2,00	-3,54	4,97	0,46	8,98
77	20	16	4,83	-2,22	6,30	1,27	9,79
78	85	13	2,33	-4,06	4,46	0,25	8,76
79	313	10	0,67	-3,27	5,24	0,64	9,15
80	20	10	6,00	-1,77	6,75	1,56	10,08
81	236	4	4,17	-3,03	5,49	0,78	9,29
82	170	4	3,50	-3,26	5,26	0,65	9,17
83	151	5	5,83	-3,58	4,93	0,45	8,96
84	250	5	1,67	-6,28	2,24	-0,19	8,33
85	88	5	3,17	-2,79	5,72	0,93	9,45
86	152	9	9,50	-2,32	6,20	1,24	9,75
87	250	12	3,00	-5,52	2,99	-0,12	8,40
88	85	3	2,17	-4,22	4,30	0,20	8,71
89	260	14	0,50	-3,47	5,05	0,52	9,03
90	170	1	2,83	-3,54	4,98	0,47	8,99
91	175	4	4,00	-3,42	5,09	0,54	9,06
92	85	15	5,17	-3,33	5,19	0,58	9,10
93	20	7	10,33	-0,85	7,67	2,03	10,55
94	250	6	0,17	-6,33	2,19	-0,20	8,32
95	20	9	6,17	-2,00	6,51	1,40	9,92
96	170	17	2,17	-3,58	4,94	0,45	8,97
97	309	5	2,50	-2,41	6,11	1,18	9,70
98	309	1	5,17	-1,64	6,87	1,64	10,16
99	85	9	5,50	-3,30	5,22	0,61	9,13
100	104	16	5,50	-3,51	5,01	0,49	9,00
101	85	17	5,17	-3,21	5,31	0,69	9,21
102	104	6	7,83	-2,63	5,89	1,03	9,55
103	20	3	5,50	-2,17	6,34	1,29	9,81
104	258	3	6,17	-1,49	7,03	1,70	10,22
105	236	15	2,17	-3,65	4,86	0,41	8,93
106	27	18	1,17	-3,88	4,64	0,32	8,83
107	237	6	1,50	-3,68	4,84	0,40	8,92
108	258	11	4,50	-1,75	6,77	1,58	10,10
109	51	19	2,67	-2,52	6,00	1,13	9,64
110	175	2	2,83	-3,71	4,81	0,38	8,90
111	309	11	5,17	-1,46	7,06	1,71	10,23
112	260	10	3,00	-2,81	5,70	0,93	9,45
113	308	2	0,50	-3,98	4,54	0,27	8,79
114	88	13	3,83	-2,50	6,01	1,13	9,65
115	241	12	1,33	-4,49	4,02	0,07	8,59
116	309	7	3,50	-2,16	6,35	1,30	9,82

Tabela 3A, cont.

Ordem	Familia F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
117	258	16	5,50	-1,53	6,99	1,69	10,20
118	27	16	1,50	-4,12	4,40	0,21	8,72
119	20	11	5,50	-1,97	6,55	1,42	9,94
120	321	11	0,50	-3,01	5,50	0,78	9,30
121	258	5	7,17	-1,20	7,32	1,85	10,36
122	247	13	0,33	-3,78	4,74	0,37	8,88
123	151	8	5,83	-3,79	4,73	0,36	8,87
124	85	16	5,00	-3,28	5,24	0,63	9,15
125	237	1	4,00	-3,34	5,18	0,58	9,10
126	88	4	6,83	-1,67	6,85	1,62	10,14
127	85	5	8,83	-2,34	6,18	1,23	9,75
128	51	8	7,17	-2,31	6,21	1,24	9,76
129	170	12	4,83	-2,61	5,91	1,05	9,57
130	321	3	1,83	-2,85	5,67	0,90	9,42
131	258	17	4,50	-1,79	6,73	1,54	10,06
132	175	8	5,83	-3,22	5,29	0,68	9,19
133	236	5	1,17	-3,97	4,54	0,28	8,79
134	309	9	5,17	-1,69	6,83	1,60	10,11
135	85	12	5,17	-2,99	5,53	0,83	9,34
136	237	8	4,83	-3,33	5,19	0,59	9,11
137	51	9	7,83	-1,94	6,58	1,46	9,98
138	20	4	7,17	-1,60	6,92	1,66	10,18
139	51	23	1,50	-2,37	6,15	1,21	9,72
140	104	12	2,50	-4,11	4,41	0,22	8,74
141	259	5	0,50	-3,84	4,68	0,33	8,85
142	85	1	4,67	-3,49	5,02	0,50	9,02
143	85	10	5,00	-3,16	5,36	0,72	9,23
144	310	14	0,50	-4,72	3,80	0,02	8,54
145	313	5	7,00	-1,76	6,76	1,57	10,08
146	313	7	2,83	-2,97	5,55	0,85	9,36
147	27	17	1,83	-4,00	4,52	0,26	8,78
148	309	14	7,50	-0,70	7,81	2,10	10,61
149	20	5	7,17	-1,70	6,82	1,59	10,11
150	309	8	6,67	-1,45	7,07	1,73	10,24

Tabela 4A. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável comprimento médio do fruto das 150 plantas F_{2:3} selecionadas.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	317	16	84,73	20,98	82,56	25,91	87,49
2	101	6	82,81	10,47	72,05	18,22	79,80
3	317	2	95,19	25,32	86,90	30,50	92,08
4	317	10	84,03	20,49	82,07	25,25	86,82
5	317	5	81,07	19,72	81,30	24,90	86,48
6	101	11	76,30	7,47	69,05	15,91	77,49
7	317	3	80,69	18,28	79,86	24,24	85,82
8	250	10	73,47	1,52	63,10	11,05	72,63
9	101	12	66,35	4,24	65,81	13,39	74,97
10	317	1	68,02	12,62	74,20	20,47	82,05
11	101	4	61,10	2,37	63,95	12,06	73,64
12	151	10	81,50	13,98	75,55	21,59	83,17
13	152	11	75,86	10,88	72,46	18,54	80,12
14	317	13	102,57	26,75	88,33	32,52	94,10
15	101	10	49,81	-2,88	58,70	7,59	69,17
16	317	4	90,97	23,96	85,54	29,33	90,91
17	250	8	58,50	-4,97	56,61	6,24	67,82
18	101	5	63,17	3,04	64,62	12,35	73,93
19	250	9	60,87	-3,64	57,94	7,10	68,67
20	101	8	75,23	7,17	68,74	15,74	77,32
21	101	7	53,36	-2,23	59,35	8,00	69,58
22	104	2	67,96	9,42	70,99	17,43	79,01
23	317	7	76,88	16,76	78,33	23,27	84,85
24	20	1	89,61	15,29	76,87	22,14	83,72
25	151	3	68,29	7,72	69,30	16,04	77,62
26	317	14	57,60	9,14	70,72	17,19	78,77
27	37	10	64,72	2,13	63,71	11,81	73,39
28	317	12	94,16	24,98	86,56	30,00	91,58
29	151	9	71,39	9,84	71,42	17,67	79,25
30	317	11	65,57	12,44	74,02	20,27	81,85
31	104	14	80,29	13,67	75,25	21,28	82,86
32	152	12	63,33	6,59	68,17	15,49	77,07
33	20	17	81,72	14,58	76,16	21,91	83,48
34	152	13	63,50	4,99	66,56	14,14	75,72
35	313	1	50,84	-11,31	50,27	3,13	64,71
36	152	10	97,46	20,22	81,80	25,07	86,65
37	101	1	60,94	0,36	61,94	9,98	71,56
38	101	13	58,50	-0,65	60,93	9,04	70,62
39	37	3	48,24	-5,46	56,11	5,99	67,57
40	37	14	64,27	1,41	62,99	10,91	72,49
41	104	9	65,94	8,33	69,91	16,51	78,09
42	151	12	68,64	9,05	70,63	17,01	78,59
43	151	6	77,61	12,22	73,80	19,94	81,52
44	37	15	57,01	-0,17	61,41	9,46	71,04
45	104	8	79,71	13,60	75,18	21,21	82,79
46	151	16	57,80	4,48	66,06	13,56	75,14
47	104	3	78,77	12,74	74,32	20,62	82,20
48	258	6	63,32	3,48	65,06	12,94	74,51
49	151	4	57,22	4,66	66,24	13,77	75,35
50	85	6	91,31	25,66	87,24	31,06	92,64
51	104	5	65,45	8,57	70,15	16,78	78,36
52	241	7	69,19	-2,93	58,65	7,55	69,12
53	313	17	39,08	-13,60	47,98	2,15	63,73
54	250	11	51,27	-8,07	53,51	4,70	66,28
55	37	7	93,29	13,01	74,59	20,98	82,56
56	250	7	57,11	-5,99	55,59	5,70	67,28
57	27	1	83,28	10,06	71,64	17,87	79,45

Tabela 4A, cont.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	20	14	81,73	12,85	74,43	20,83	82,41
59	250	16	52,17	-7,00	54,58	5,23	66,81
60	51	22	80,00	11,36	72,94	18,98	80,56
61	37	16	45,12	-5,69	55,89	5,81	67,39
62	101	9	60,06	1,32	62,90	10,85	72,43
63	250	13	59,68	-5,46	56,12	6,01	67,59
64	104	15	71,86	11,61	73,19	19,26	80,84
65	152	16	63,03	6,33	67,91	15,20	76,78
66	170	3	101,14	27,66	89,24	34,00	95,58
67	250	15	52,25	-6,31	55,27	5,54	67,12
68	237	15	77,39	5,93	67,51	14,92	76,50
69	151	7	94,08	18,31	79,89	24,33	85,91
70	27	7	87,28	12,21	73,79	19,87	81,45
71	85	2	78,26	20,74	82,32	25,71	87,29
72	309	4	73,11	13,81	75,38	21,51	83,09
73	313	6	54,34	-8,72	52,86	4,35	65,93
74	237	7	64,40	-1,06	60,52	8,59	70,17
75	250	14	43,36	-11,34	50,24	3,11	64,69
76	236	11	68,71	-0,43	61,15	9,23	70,81
77	20	16	63,16	5,99	67,57	15,00	76,58
78	85	13	87,89	23,09	84,67	28,50	90,08
79	313	10	44,64	-12,53	49,05	2,59	64,17
80	20	10	88,34	16,09	77,67	22,61	84,19
81	236	4	80,30	5,44	67,02	14,48	76,06
82	170	4	86,84	23,28	84,86	28,90	90,48
83	151	5	68,95	9,28	70,86	17,29	78,87
84	250	5	39,21	-12,06	49,52	2,76	64,34
85	88	5	50,07	-5,53	56,05	5,95	67,53
86	152	9	67,19	7,83	69,41	16,12	77,70
87	250	12	47,23	-8,88	52,70	4,27	65,85
88	85	3	82,09	21,20	82,78	26,13	87,70
89	260	14	53,85	-4,47	57,11	6,59	68,17
90	170	1	89,97	22,61	84,19	27,66	89,24
91	175	4	54,79	-0,65	60,93	9,06	70,64
92	85	15	88,50	25,53	87,11	30,77	92,35
93	20	7	67,04	6,56	68,14	15,45	77,03
94	250	6	54,42	-6,44	55,14	5,42	67,00
95	20	9	73,89	10,18	71,76	17,92	79,50
96	170	17	78,66	20,51	82,09	25,33	86,91
97	309	5	62,01	9,08	70,66	17,06	78,64
98	309	1	94,73	20,71	82,29	25,61	87,19
99	85	9	99,29	29,09	90,67	35,36	96,94
100	104	16	84,65	16,20	77,77	22,85	84,43
101	85	17	80,59	22,64	84,22	27,82	89,40
102	104	6	73,30	11,18	72,76	18,81	80,39
103	20	3	51,78	0,28	61,86	9,88	71,46
104	258	3	82,04	10,46	72,04	18,17	79,75
105	236	15	51,43	-6,15	55,43	5,66	67,24
106	27	18	85,23	10,31	71,88	18,12	79,70
107	237	6	47,99	-7,13	54,45	5,17	66,75
108	258	11	60,09	1,82	63,40	11,36	72,94
109	51	19	85,63	11,39	72,97	19,03	80,61
110	175	2	77,54	8,29	69,87	16,43	78,01
111	309	11	84,97	17,54	79,12	23,78	85,36
112	260	10	61,37	-0,86	60,72	8,86	70,43
113	308	2	58,13	-1,69	59,88	8,38	69,96
114	88	13	71,85	1,61	63,19	11,13	72,71
115	241	12	41,52	-13,10	48,48	2,32	63,90
116	309	7	86,53	17,86	79,44	24,06	85,63

Tabela 4A, cont.

Ordem	Familia F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
117	258	16	67,24	5,45	67,03	14,56	76,14
118	27	16	67,71	5,21	66,79	14,44	76,02
119	20	11	84,40	13,98	75,56	21,67	83,25
120	321	11	91,21	23,65	85,23	29,11	90,69
121	258	5	80,64	11,17	72,75	18,76	80,34
122	247	13	68,98	4,39	65,97	13,46	75,03
123	151	8	71,84	9,66	71,24	17,58	79,16
124	85	16	82,82	22,55	84,13	27,52	89,10
125	237	1	68,15	-0,03	61,54	9,56	71,14
126	88	4	60,64	-1,02	60,56	8,67	70,25
127	85	5	94,52	27,58	89,16	33,46	95,04
128	51	8	91,16	17,64	79,22	23,87	85,45
129	170	12	82,51	21,22	82,80	26,23	87,81
130	321	3	88,42	22,16	83,74	27,23	88,81
131	258	17	51,75	0,11	61,69	9,71	71,29
132	175	8	66,03	2,96	64,54	12,28	73,86
133	236	5	36,61	-12,63	48,95	2,51	64,09
134	309	9	80,47	16,19	77,77	22,77	84,35
135	85	12	90,32	25,76	87,34	31,38	92,96
136	237	8	39,25	-10,91	50,67	3,21	64,79
137	51	9	58,42	4,60	66,18	13,66	75,24
138	20	4	54,54	2,88	64,46	12,25	73,83
139	51	23	61,50	6,46	68,03	15,28	76,86
140	104	12	55,84	4,54	66,12	13,59	75,17
141	259	5	48,79	-8,67	52,90	4,37	65,95
142	85	1	83,84	21,44	83,02	26,59	88,17
143	85	10	79,93	21,17	82,74	26,02	87,60
144	310	14	61,74	0,28	61,86	9,86	71,43
145	313	5	62,64	-4,72	56,86	6,36	67,94
146	313	7	47,20	-12,29	49,29	2,72	64,30
147	27	17	54,13	0,66	62,23	10,24	71,82
148	309	14	67,18	10,22	71,80	18,02	79,60
149	20	5	61,71	5,63	67,21	14,76	76,33
150	309	8	76,88	14,36	75,94	21,75	83,33

Tabela 5A. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável diâmetro médio do fruto das 150 plantas F_{2:3} selecionadas.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	317	16	31,79	3,17	32,28	6,81	35,92
2	101	6	37,46	4,97	34,08	8,78	37,89
3	317	2	33,66	3,71	32,82	7,29	36,40
4	317	10	35,66	4,13	33,24	7,60	36,72
5	317	5	35,62	5,33	34,44	9,06	38,17
6	101	11	31,89	2,73	31,84	6,24	35,35
7	317	3	30,27	2,27	31,38	5,74	34,85
8	250	10	35,04	1,11	30,22	4,73	33,84
9	101	12	34,40	4,28	33,39	7,86	36,97
10	317	1	29,52	2,08	31,19	5,53	34,64
11	101	4	28,56	1,15	30,26	4,78	33,89
12	151	10	31,03	0,05	29,16	3,74	32,85
13	152	11	32,76	4,28	33,39	7,89	37,00
14	317	13	30,03	2,75	31,86	6,32	35,43
15	101	10	29,00	0,76	29,87	4,50	33,61
16	317	4	36,27	4,96	34,07	8,69	37,80
17	250	8	31,78	0,26	29,37	4,00	33,11
18	101	5	29,79	2,32	31,43	5,79	34,90
19	250	9	29,74	-1,11	28,00	2,77	31,88
20	101	8	34,53	3,62	32,73	7,18	36,29
21	101	7	27,45	0,62	29,73	4,31	33,42
22	104	2	33,31	3,15	32,26	6,74	35,85
23	317	7	34,52	4,16	33,27	7,67	36,78
24	20	1	31,71	4,29	33,40	7,93	37,04
25	151	3	28,14	-0,76	28,35	3,06	32,17
26	317	14	29,82	1,88	31,00	5,37	34,48
27	37	10	44,39	6,86	35,98	10,87	39,98
28	317	12	24,46	0,64	29,75	4,36	33,47
29	151	9	28,92	-0,83	28,28	3,00	32,11
30	317	11	23,77	-0,14	28,97	3,56	32,67
31	104	14	28,08	0,73	29,84	4,44	33,55
32	152	12	27,07	2,36	31,48	5,85	34,96
33	20	17	31,14	4,68	33,79	8,32	37,44
34	152	13	28,51	2,74	31,85	6,26	35,37
35	313	1	36,00	3,06	32,17	6,64	35,75
36	152	10	45,01	8,70	37,81	13,97	43,09
37	101	1	22,80	-1,31	27,80	2,67	31,78
38	101	13	26,87	0,87	29,98	4,56	33,67
39	37	3	24,51	-1,11	28,00	2,78	31,89
40	37	14	31,09	1,47	30,59	5,02	34,13
41	104	9	30,10	1,37	30,49	4,97	34,08
42	151	12	25,67	-0,98	28,13	2,86	31,97
43	151	6	25,55	-1,63	27,48	2,41	31,52
44	37	15	24,67	-0,88	28,24	2,97	32,08
45	104	8	36,82	4,72	33,84	8,36	37,47
46	151	16	25,27	-1,71	27,40	2,37	31,48
47	104	3	32,25	2,69	31,80	6,20	35,31
48	258	6	32,07	6,86	35,97	10,79	39,90
49	151	4	25,03	-1,92	27,20	2,23	31,34
50	85	6	30,60	0,11	29,23	3,82	32,94
51	104	5	29,10	2,16	31,27	5,65	34,76
52	241	7	31,00	0,65	29,76	4,39	33,50
53	313	17	27,41	0,06	29,17	3,77	32,88
54	250	11	25,34	-2,23	26,88	1,93	31,04
55	37	7	29,96	1,29	30,40	4,90	34,01
56	250	7	24,78	-2,71	26,40	1,70	30,81
57	27	1	27,37	-1,88	27,24	2,23	31,34

Tabela 5A, cont.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	20	14	39,41	7,22	36,33	11,50	40,61
59	250	16	28,45	-0,99	28,12	2,85	31,96
60	51	22	40,18	5,41	34,52	9,26	38,37
61	37	16	26,25	-0,11	29,00	3,59	32,70
62	101	9	29,79	1,11	30,22	4,70	33,81
63	250	13	25,17	-2,05	27,06	2,05	31,16
64	104	15	34,26	3,70	32,81	7,26	36,37
65	152	16	23,26	0,20	29,31	3,93	33,04
66	170	3	29,87	-0,15	28,96	3,55	32,66
67	250	15	23,96	-2,98	26,13	1,51	30,62
68	237	15	32,24	1,94	31,05	5,43	34,54
69	151	7	32,65	1,24	30,35	4,83	33,94
70	27	7	26,17	-2,42	26,69	1,85	30,96
71	85	2	26,06	-2,01	27,10	2,12	31,23
72	309	4	41,32	7,20	36,32	11,31	40,42
73	313	6	34,58	2,55	31,66	6,10	35,21
74	237	7	29,27	0,61	29,72	4,30	33,41
75	250	14	26,31	-2,35	26,76	1,88	30,99
76	236	11	34,06	3,32	32,43	6,94	36,05
77	20	16	36,44	6,42	35,53	10,28	39,39
78	85	13	24,22	-2,21	26,90	1,94	31,05
79	313	10	29,36	-0,29	28,82	3,42	32,53
80	20	10	39,73	7,13	36,24	11,22	40,33
81	236	4	34,42	3,29	32,40	6,89	36,00
82	170	4	28,39	-0,62	28,49	3,15	32,26
83	151	5	25,30	-1,15	27,96	2,73	31,85
84	250	5	23,52	-2,53	26,58	1,77	30,88
85	88	5	35,12	4,97	34,08	8,73	37,84
86	152	9	40,81	6,94	36,05	10,95	40,06
87	250	12	19,81	-4,08	25,03	0,93	30,04
88	85	3	26,12	-2,00	27,11	2,14	31,25
89	260	14	37,49	7,34	36,45	11,83	40,94
90	170	1	29,43	-0,20	28,91	3,47	32,58
91	175	4	33,75	2,55	31,66	6,06	35,17
92	85	15	28,75	-0,72	28,39	3,10	32,21
93	20	7	39,42	7,51	36,62	12,20	41,31
94	250	6	19,15	-4,96	24,15	0,63	29,74
95	20	9	37,91	6,38	35,49	10,21	39,32
96	170	17	26,28	-0,91	28,20	2,95	32,06
97	309	5	28,21	2,32	31,43	5,81	34,92
98	309	1	32,48	3,45	32,56	7,04	36,15
99	85	9	26,91	-2,07	27,04	2,03	31,14
100	104	16	27,71	1,03	30,14	4,64	33,76
101	85	17	27,30	-0,74	28,37	3,07	32,18
102	104	6	35,15	4,13	33,24	7,64	36,75
103	20	3	34,55	5,36	34,47	9,16	38,27
104	258	3	45,48	12,30	41,41	16,10	45,22
105	236	15	32,44	2,47	31,58	5,94	35,05
106	27	18	28,79	-1,97	27,14	2,17	31,28
107	237	6	27,29	-0,10	29,02	3,60	32,71
108	258	11	34,71	8,09	37,20	12,61	41,73
109	51	19	27,54	1,77	30,88	5,26	34,37
110	175	2	26,21	-0,78	28,34	3,04	32,15
111	309	11	30,99	3,03	32,14	6,62	35,73
112	260	10	48,28	11,67	40,78	15,41	44,52
113	308	2	30,71	1,08	30,19	4,69	33,80
114	88	13	28,83	2,09	31,21	5,55	34,66
115	241	12	26,69	-0,44	28,67	3,27	32,38
116	309	7	28,72	1,83	30,94	5,32	34,43

Tabela 5A, cont.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
117	258	16	43,37	11,67	40,78	15,22	44,33
118	27	16	25,35	-2,60	26,52	1,76	30,87
119	20	11	28,89	3,31	32,42	6,91	36,02
120	321	11	29,31	1,24	30,35	4,84	33,95
121	258	5	34,36	8,41	37,52	13,22	42,33
122	247	13	25,07	-2,39	26,72	1,87	30,98
123	151	8	26,87	-1,18	27,93	2,70	31,81
124	85	16	25,47	-2,01	27,10	2,10	31,22
125	237	1	26,02	-0,72	28,39	3,09	32,20
126	88	4	44,14	8,12	37,24	12,76	41,87
127	85	5	28,73	-0,09	29,02	3,62	32,73
128	51	8	24,71	0,25	29,36	3,99	33,10
129	170	12	28,41	0,06	29,17	3,76	32,87
130	321	3	33,02	2,47	31,58	5,96	35,07
131	258	17	25,34	4,55	33,66	8,17	37,29
132	175	8	28,98	0,49	29,60	4,18	33,29
133	236	5	23,59	-0,63	28,48	3,13	32,25
134	309	9	31,83	2,64	31,75	6,18	35,29
135	85	12	26,69	-0,94	28,17	2,89	32,01
136	237	8	30,85	1,30	30,41	4,91	34,02
137	51	9	41,93	7,00	36,11	11,12	40,23
138	20	4	36,56	6,37	35,48	10,15	39,26
139	51	23	31,45	3,02	32,13	6,59	35,71
140	104	12	19,37	-1,93	27,18	2,20	31,31
141	259	5	23,27	-2,46	26,65	1,83	30,94
142	85	1	22,51	-3,39	25,72	1,24	30,36
143	85	10	26,73	-2,15	26,96	1,96	31,07
144	310	14	28,70	-1,31	27,80	2,66	31,77
145	313	5	27,72	0,24	29,35	3,95	33,06
146	313	7	23,81	-2,12	26,99	1,99	31,10
147	27	17	26,15	-1,76	27,35	2,33	31,44
148	309	14	34,69	4,06	33,17	7,52	36,63
149	20	5	24,35	1,86	30,97	5,35	34,46
150	309	8	32,44	3,41	32,52	6,99	36,10

Tabela 6A. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável espessura média do pericarpo das 150 plantas F_{2:3} selecionadas.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	317	16	3,77	0,47	3,25	0,70	3,49
2	101	6	3,54	0,44	3,22	0,65	3,43
3	317	2	3,33	0,37	3,15	0,57	3,36
4	317	10	3,50	0,36	3,15	0,57	3,35
5	317	5	3,62	0,43	3,21	0,63	3,42
6	101	11	3,57	0,44	3,22	0,64	3,43
7	317	3	3,11	0,26	3,05	0,48	3,27
8	250	10	3,57	0,17	2,95	0,40	3,19
9	101	12	3,07	0,32	3,10	0,53	3,31
10	317	1	2,64	0,19	2,97	0,42	3,20
11	101	4	2,85	0,26	3,04	0,48	3,26
12	151	10	3,53	0,26	3,05	0,49	3,27
13	152	11	3,52	0,35	3,13	0,55	3,33
14	317	13	2,80	0,26	3,04	0,48	3,26
15	101	10	3,79	0,43	3,22	0,64	3,42
16	317	4	3,07	0,31	3,09	0,52	3,31
17	250	8	3,25	0,13	2,91	0,36	3,14
18	101	5	2,96	0,28	3,06	0,49	3,28
19	250	9	4,75	0,46	3,24	0,69	3,47
20	101	8	3,36	0,36	3,14	0,57	3,35
21	101	7	2,67	0,21	2,99	0,44	3,22
22	104	2	3,09	-0,02	2,76	0,26	3,04
23	317	7	3,09	0,31	3,09	0,52	3,30
24	20	1	3,50	0,50	3,28	0,75	3,53
25	151	3	3,36	0,21	3,00	0,44	3,23
26	317	14	3,39	0,36	3,14	0,56	3,35
27	37	10	3,55	0,20	2,98	0,43	3,21
28	317	12	2,31	0,13	2,92	0,37	3,15
29	151	9	3,45	0,25	3,04	0,47	3,25
30	317	11	2,63	0,21	3,00	0,44	3,22
31	104	14	2,20	-0,25	2,53	0,11	2,89
32	152	12	3,17	0,26	3,04	0,48	3,26
33	20	17	3,19	0,45	3,24	0,67	3,45
34	152	13	2,62	0,14	2,92	0,37	3,16
35	313	1	3,36	0,23	3,01	0,45	3,23
36	152	10	2,87	0,14	2,92	0,37	3,15
37	101	1	2,48	0,15	2,94	0,39	3,17
38	101	13	2,66	0,23	3,01	0,45	3,23
39	37	3	3,35	0,14	2,93	0,38	3,16
40	37	14	2,93	0,07	2,86	0,32	3,11
41	104	9	2,27	-0,25	2,53	0,11	2,90
42	151	12	3,23	0,24	3,03	0,46	3,24
43	151	6	2,56	0,10	2,88	0,35	3,13
44	37	15	2,49	-0,02	2,77	0,26	3,04
45	104	8	3,36	0,03	2,81	0,29	3,07
46	151	16	3,05	0,19	2,98	0,42	3,21
47	104	3	2,69	-0,17	2,62	0,16	2,94
48	258	6	3,32	0,53	3,31	0,81	3,59
49	151	4	2,60	0,09	2,88	0,34	3,12
50	85	6	2,96	0,01	2,80	0,28	3,06
51	104	5	2,63	-0,13	2,65	0,18	2,97
52	241	7	3,50	0,05	2,83	0,31	3,09
53	313	17	3,86	0,38	3,16	0,59	3,37
54	250	11	2,80	0,04	2,83	0,30	3,09
55	37	7	2,57	0,01	2,79	0,28	3,06
56	250	7	2,61	-0,02	2,77	0,26	3,05
57	27	1	3,22	0,03	2,81	0,29	3,07

Tabela 6A, cont.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	20	14	3,58	0,51	3,29	0,75	3,54
59	250	16	2,23	-0,10	2,68	0,20	2,98
60	51	22	2,97	0,13	2,92	0,37	3,15
61	37	16	2,52	0,00	2,78	0,27	3,05
62	101	9	3,09	0,28	3,06	0,49	3,28
63	250	13	2,56	-0,01	2,78	0,27	3,05
64	104	15	2,81	-0,09	2,69	0,20	2,99
65	152	16	2,45	0,08	2,86	0,33	3,12
66	170	3	3,15	-0,02	2,77	0,26	3,04
67	250	15	2,57	-0,03	2,75	0,24	3,03
68	237	15	3,02	0,29	3,07	0,50	3,28
69	151	7	2,96	0,17	2,95	0,40	3,18
70	27	7	2,68	-0,09	2,70	0,21	2,99
71	85	2	2,22	-0,19	2,60	0,15	2,93
72	309	4	4,42	0,77	3,55	0,98	3,77
73	313	6	2,55	0,08	2,86	0,33	3,11
74	237	7	3,00	0,29	3,07	0,50	3,29
75	250	14	2,56	-0,05	2,74	0,23	3,02
76	236	11	3,08	0,10	2,89	0,35	3,13
77	20	16	3,49	0,51	3,29	0,76	3,54
78	85	13	2,62	-0,07	2,71	0,22	3,00
79	313	10	3,42	0,22	3,00	0,45	3,23
80	20	10	3,59	0,49	3,27	0,73	3,51
81	236	4	3,44	0,18	2,97	0,42	3,20
82	170	4	3,17	0,05	2,83	0,31	3,09
83	151	5	2,72	0,11	2,89	0,35	3,13
84	250	5	2,19	-0,12	2,67	0,19	2,98
85	88	5	2,80	0,12	2,91	0,36	3,14
86	152	9	3,45	0,28	3,07	0,50	3,28
87	250	12	2,37	-0,06	2,72	0,23	3,01
88	85	3	2,25	-0,23	2,55	0,13	2,91
89	260	14	2,88	0,03	2,81	0,29	3,07
90	170	1	2,64	-0,10	2,68	0,20	2,99
91	175	4	3,32	0,19	2,97	0,42	3,20
92	85	15	2,91	-0,03	2,75	0,24	3,03
93	20	7	3,88	0,60	3,38	0,87	3,65
94	250	6	1,81	-0,18	2,60	0,16	2,94
95	20	9	4,14	0,63	3,41	0,91	3,70
96	170	17	2,44	-0,12	2,67	0,20	2,98
97	309	5	3,55	0,55	3,34	0,83	3,61
98	309	1	3,44	0,52	3,30	0,78	3,56
99	85	9	3,56	0,10	2,88	0,34	3,13
100	104	16	2,40	-0,18	2,60	0,15	2,93
101	85	17	2,90	-0,01	2,78	0,27	3,05
102	104	6	2,85	-0,05	2,73	0,23	3,01
103	20	3	3,52	0,46	3,24	0,69	3,47
104	258	3	3,39	0,47	3,25	0,70	3,48
105	236	15	2,69	-0,01	2,77	0,27	3,05
106	27	18	2,53	-0,15	2,64	0,17	2,96
107	237	6	2,78	0,26	3,04	0,48	3,26
108	258	11	3,36	0,53	3,31	0,79	3,58
109	51	19	2,90	0,18	2,96	0,41	3,20
110	175	2	2,74	0,04	2,83	0,30	3,08
111	309	11	3,33	0,52	3,30	0,77	3,56
112	260	10	3,63	0,18	2,97	0,42	3,20
113	308	2	2,99	0,00	2,78	0,27	3,06
114	88	13	2,95	0,18	2,96	0,41	3,20
115	241	12	2,58	-0,16	2,62	0,16	2,94
116	309	7	2,80	0,38	3,16	0,58	3,37

Tabela 6A, cont.

Ordem	Família F _{2:3}	Planta F ₃	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
117	258	16	3,80	0,62	3,40	0,89	3,67
118	27	16	2,67	-0,09	2,70	0,21	2,99
119	20	11	1,92	0,15	2,93	0,38	3,17
120	321	11	2,54	-0,22	2,57	0,13	2,92
121	258	5	2,81	0,38	3,16	0,59	3,37
122	247	13	2,86	-0,08	2,70	0,21	3,00
123	151	8	2,96	0,16	2,94	0,40	3,18
124	85	16	2,54	-0,11	2,67	0,20	2,98
125	237	1	3,50	0,39	3,18	0,60	3,38
126	88	4	4,30	0,49	3,27	0,73	3,52
127	85	5	3,23	0,05	2,83	0,31	3,09
128	51	8	2,85	0,15	2,93	0,38	3,16
129	170	12	2,83	-0,03	2,75	0,24	3,02
130	321	3	2,86	-0,20	2,58	0,14	2,92
131	258	17	2,54	0,34	3,12	0,54	3,32
132	175	8	2,88	0,07	2,85	0,32	3,10
133	236	5	2,52	-0,04	2,74	0,24	3,02
134	309	9	2,71	0,32	3,11	0,53	3,32
135	85	12	2,46	-0,12	2,66	0,19	2,97
136	237	8	3,23	0,33	3,11	0,54	3,32
137	51	9	4,01	0,40	3,18	0,61	3,40
138	20	4	3,19	0,44	3,22	0,65	3,43
139	51	23	2,41	0,07	2,86	0,32	3,11
140	104	12	1,74	-0,33	2,45	0,07	2,85
141	259	5	3,49	0,26	3,04	0,47	3,25
142	85	1	2,10	-0,23	2,56	0,13	2,91
143	85	10	2,69	-0,12	2,67	0,19	2,97
144	310	14	2,50	-0,45	2,33	0,02	2,81
145	313	5	3,07	0,17	2,95	0,40	3,18
146	313	7	2,48	0,03	2,82	0,29	3,08
147	27	17	2,28	-0,16	2,62	0,16	2,94
148	309	14	3,29	0,47	3,25	0,71	3,49
149	20	5	2,46	0,26	3,04	0,47	3,26
150	309	8	3,48	0,53	3,31	0,80	3,58

APENDICE B

Tabela 1B. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável período de incubação em frutos imaturos das 100 plantas F_{3:4} selecionadas.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	3175	5	8.00	2.31	5.76	2.33	5.78
2	25010	6	5.33	1.14	4.59	1.58	5.03
3	3173	8	6.67	1.31	4.75	1.75	5.20
4	3175	3	8.00	2.35	5.80	2.35	5.80
5	3175	10	7.67	2.28	5.73	2.32	5.76
6	3175	6	8.00	2.29	5.74	2.32	5.77
7	201	1	4.67	0.86	4.31	1.35	4.80
8	10415	5	7.33	0.98	4.43	1.46	4.91
9	377	1	7.50	1.36	4.81	1.79	5.24
10	884	8	5.00	0.39	3.84	1.02	4.47
11	25010	5	8.00	1.78	5.23	2.17	5.62
12	3214	9	6.67	2.07	5.52	2.23	5.68
13	10415	9	3.00	0.02	3.46	0.77	4.22
14	1042	10	6.67	1.44	4.88	1.84	5.29
15	377	7	7.00	1.20	4.65	1.63	5.08
16	3214	10	7.33	2.22	5.67	2.29	5.74
17	884	7	5.50	0.42	3.87	1.05	4.50
18	3371	6	6.50	0.73	4.18	1.28	4.73
19	3377	3	5.33	1.71	5.16	2.10	5.55
20	3213	7	6.33	1.28	4.73	1.73	5.18
21	3214	5	7.67	2.25	5.70	2.30	5.75
22	10415	1	2.50	-0.11	3.34	0.70	4.14
23	201	3	6.00	1.17	4.62	1.60	5.05
24	10415	6	6.33	0.73	4.18	1.27	4.72
25	25010	8	4.67	1.09	4.54	1.54	4.99
26	3175	4	2.67	1.13	4.58	1.58	5.03
27	2508	6	3.00	1.04	4.49	1.50	4.94
28	3214	7	7.33	2.17	5.62	2.26	5.71
29	3377	1	8.00	2.34	5.79	2.35	5.80
30	10415	10	4.67	0.40	3.85	1.03	4.48
31	3175	2	5.33	1.67	5.12	2.08	5.53
32	2377	1	1.00	-0.96	2.48	0.08	3.53
33	25010	1	5.67	1.28	4.73	1.74	5.19
34	31317	4	5.33	0.73	4.17	1.27	4.72
35	201	10	4.67	0.86	4.31	1.35	4.80
36	1704	4	4.67	0.97	4.42	1.46	4.91
37	3094	7	4.67	0.16	3.61	0.87	4.32
38	884	3	4.00	0.12	3.57	0.83	4.28
39	931	7	5.67	0.72	4.17	1.27	4.71
40	10415	3	1.00	-0.46	2.99	0.40	3.85
41	3377	6	5.33	1.65	5.10	2.04	5.49
42	31317	3	5.00	0.62	4.07	1.17	4.62
43	884	9	3.00	-0.11	3.34	0.69	4.14
44	1517	9	7.00	1.45	4.90	1.85	5.30
45	2377	9	4.00	-0.26	3.19	0.54	3.98
46	3174	6	3.33	0.24	3.69	0.93	4.38
47	3173	9	4.67	0.81	4.25	1.32	4.77
48	3175	7	5.67	1.76	5.21	2.13	5.57
49	25010	2	4.00	0.84	4.28	1.33	4.78
50	25010	7	5.67	1.24	4.69	1.67	5.12
51	3174	8	3.00	0.26	3.71	0.95	4.40
52	3213	8	3.00	0.58	4.03	1.14	4.59
53	2508	10	7.00	2.04	5.49	2.22	5.67

Tabela 1B, cont.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
54	3213	9	5.00	1.02	4.47	1.49	4.94
55	25010	3	4.67	1.05	4.50	1.52	4.97
56	1704	9	6.00	1.27	4.72	1.72	5.17
57	3174	2	6.00	0.87	4.32	1.36	4.81
58	1704	2	6.00	1.20	4.65	1.64	5.09
59	10415	2	2.50	-0.16	3.28	0.65	4.09
60	201	7	5.00	0.89	4.34	1.40	4.84
61	3377	9	7.33	2.19	5.64	2.27	5.72
62	3175	1	4.33	1.50	4.94	1.89	5.34
63	31317	9	4.33	0.47	3.92	1.07	4.52
64	3371	5	6.33	0.71	4.15	1.23	4.68
65	884	1	2.67	-0.19	3.26	0.62	4.07
66	3133	1	4.67	0.87	4.32	1.36	4.81
67	2508	2	8.00	2.21	5.66	2.28	5.73
68	856	1	4.33	0.64	4.09	1.18	4.63
69	931	9	3.67	0.31	3.76	0.98	4.43
70	1704	3	4.00	0.79	4.24	1.31	4.76
71	31317	6	3.33	0.17	3.62	0.88	4.33
72	1704	6	4.67	0.89	4.34	1.39	4.84
73	2508	5	5.33	1.60	5.05	2.00	5.45
74	3214	6	4.33	1.45	4.90	1.87	5.31
75	2508	3	5.00	1.57	5.01	1.97	5.42
76	377	2	4.33	0.56	4.01	1.11	4.55
77	377	3	3.33	0.39	3.83	1.02	4.47
78	3173	7	5.67	0.99	4.44	1.47	4.92
79	3371	7	3.33	0.00	3.45	0.77	4.22
80	2508	1	6.67	1.96	5.41	2.20	5.65
81	3175	8	3.00	1.22	4.67	1.66	5.11
82	10113	9	6.50	1.22	4.67	1.65	5.10
83	23715	4	6.67	1.43	4.88	1.83	5.28
84	2508	7	5.00	1.52	4.97	1.95	5.40
85	2508	4	5.33	1.67	5.12	2.06	5.51
86	3097	9	3.00	-0.07	3.37	0.73	4.18
87	884	2	2.00	-0.41	3.04	0.44	3.88
88	26014	1	5.00	1.10	4.55	1.55	5.00
89	31317	8	4.67	0.58	4.03	1.13	4.58
90	3213	10	3.50	0.67	4.12	1.21	4.65
91	15110	8	3.33	0.07	3.51	0.79	4.24
92	3371	9	2.00	-0.26	3.19	0.53	3.98
93	15110	2	4.67	0.29	3.73	0.97	4.42
94	25010	4	3.00	0.68	4.13	1.21	4.66
95	3094	6	5.00	0.23	3.67	0.92	4.36
96	2508	9	4.00	1.34	4.79	1.77	5.22
97	15110	3	6.33	0.73	4.18	1.28	4.73
98	26014	3	4.67	1.02	4.47	1.48	4.93
99	1011	1	3.00	-0.16	3.29	0.65	4.10
100	931	5	5.67	0.72	4.17	1.26	4.71

Tabela 2B. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável período latente em frutos imaturos das 100 plantas F_{3:4} selecionadas.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	3175	5	8.00	1.40	7.13	1.65	7.38
2	25010	6	8.00	1.55	7.28	1.72	7.45
3	3173	8	8.00	0.91	6.64	1.33	7.05
4	3175	3	8.00	1.32	7.04	1.58	7.31
5	3175	10	8.00	1.36	7.09	1.61	7.34
6	3175	6	8.00	1.30	7.03	1.57	7.30
7	201	1	7.33	0.95	6.68	1.36	7.08
8	10415	5	8.00	1.96	7.69	1.96	7.69
9	377	1	8.00	0.88	6.61	1.32	7.04
10	884	8	8.00	1.77	7.50	1.86	7.58
11	25010	5	8.00	1.65	7.38	1.77	7.50
12	3214	9	7.33	1.06	6.78	1.44	7.17
13	10415	9	8.00	1.87	7.60	1.91	7.63
14	1042	10	7.33	1.02	6.75	1.42	7.15
15	377	7	7.33	0.66	6.39	1.11	6.84
16	3214	10	8.00	1.33	7.06	1.59	7.32
17	884	7	8.00	1.78	7.51	1.87	7.60
18	3371	6	8.00	1.46	7.19	1.68	7.41
19	3377	3	6.67	0.92	6.65	1.34	7.07
20	3213	7	7.00	0.77	6.50	1.23	6.96
21	3214	5	8.00	1.37	7.10	1.63	7.36
22	10415	1	8.00	1.95	7.67	1.95	7.68
23	201	3	7.33	0.88	6.61	1.31	7.04
24	10415	6	8.00	1.86	7.59	1.90	7.63
25	25010	8	7.33	1.40	7.13	1.65	7.38
26	3175	4	7.00	1.00	6.73	1.40	7.13
27	2508	6	7.33	1.58	7.31	1.74	7.47
28	3214	7	7.67	1.24	6.97	1.54	7.27
29	3377	1	8.00	1.44	7.17	1.67	7.40
30	10415	10	7.33	1.70	7.43	1.83	7.55
31	3175	2	6.33	0.71	6.44	1.19	6.92
32	2377	1	8.00	1.37	7.10	1.62	7.35
33	25010	1	8.00	1.64	7.36	1.76	7.49
34	31317	4	7.33	1.12	6.85	1.48	7.21
35	201	10	6.67	0.70	6.43	1.17	6.90
36	1704	4	7.33	1.01	6.74	1.41	7.14
37	3094	7	7.00	1.06	6.79	1.46	7.18
38	884	3	7.33	1.49	7.22	1.70	7.42
39	931	7	8.00	1.10	6.83	1.47	7.20
40	10415	3	8.00	1.88	7.60	1.93	7.66
41	3377	6	6.67	0.91	6.64	1.33	7.06
42	31317	3	7.00	0.99	6.72	1.40	7.12
43	884	9	8.00	1.71	7.44	1.84	7.57
44	1517	9	8.00	0.68	6.41	1.15	6.87
45	2377	9	8.00	1.30	7.03	1.56	7.29
46	3174	6	7.33	1.06	6.79	1.45	7.17
47	3173	9	7.33	0.63	6.35	1.09	6.82
48	3175	7	6.00	0.71	6.44	1.18	6.91
49	25010	2	7.33	1.30	7.03	1.57	7.30
50	25010	7	7.00	1.30	7.03	1.57	7.29
51	3174	8	7.33	1.13	6.86	1.49	7.22
52	3213	8	6.50	0.59	6.32	1.06	6.79
53	2508	10	8.00	1.86	7.59	1.89	7.62
54	3213	9	6.67	0.59	6.31	1.06	6.79
55	25010	3	7.33	1.34	7.07	1.59	7.32
56	1704	9	6.67	0.76	6.49	1.22	6.95
57	3174	2	7.33	1.03	6.76	1.43	7.16

Tabela 2B, cont.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	1704	2	6.50	0.66	6.39	1.12	6.84
59	10415	2	8.00	1.83	7.56	1.88	7.61
60	201	7	6.00	0.50	6.23	1.01	6.74
61	3377	9	8.00	1.37	7.10	1.64	7.36
62	3175	1	7.33	1.16	6.89	1.51	7.24
63	31317	9	7.00	0.99	6.71	1.39	7.12
64	3371	5	7.67	1.45	7.18	1.68	7.41
65	884	1	7.67	1.67	7.40	1.80	7.53
66	3133	1	7.33	0.98	6.71	1.38	7.11
67	2508	2	8.00	1.77	7.50	1.86	7.59
68	856	1	7.33	0.98	6.71	1.37	7.10
69	931	9	8.00	1.03	6.76	1.43	7.16
70	1704	3	7.33	0.98	6.71	1.38	7.10
71	31317	6	7.33	1.09	6.82	1.47	7.20
72	1704	6	7.33	0.97	6.70	1.36	7.09
73	2508	5	7.33	1.68	7.40	1.82	7.54
74	3214	6	6.67	0.82	6.55	1.28	7.01
75	2508	3	7.33	1.59	7.32	1.75	7.48
76	377	2	8.00	0.77	6.50	1.24	6.97
77	377	3	6.67	0.37	6.09	0.95	6.68
78	3173	7	7.33	0.70	6.42	1.16	6.89
79	3371	7	7.00	1.21	6.94	1.53	7.26
80	2508	1	7.33	1.66	7.39	1.79	7.52
81	3175	8	5.33	0.47	6.20	1.00	6.73
82	10113	9	7.50	0.77	6.50	1.24	6.96
83	23715	4	7.33	0.76	6.48	1.22	6.95
84	2508	7	7.33	1.66	7.39	1.79	7.51
85	2508	4	8.00	1.84	7.57	1.89	7.62
86	3097	9	7.33	0.70	6.43	1.18	6.91
87	884	2	8.00	1.67	7.40	1.81	7.54
88	26014	1	7.00	0.67	6.39	1.12	6.85
89	31317	8	6.67	0.94	6.66	1.34	7.07
90	3213	10	6.50	0.58	6.31	1.05	6.77
91	15110	8	7.33	0.31	6.04	0.91	6.64
92	3371	9	7.67	1.36	7.09	1.61	7.34
93	15110	2	7.33	0.21	5.94	0.86	6.59
94	25010	4	7.33	1.37	7.09	1.62	7.35
95	3094	6	7.67	1.21	6.94	1.53	7.26
96	2508	9	7.33	1.59	7.32	1.74	7.47
97	15110	3	7.33	0.25	5.98	0.89	6.61
98	26014	3	6.67	0.49	6.21	1.01	6.74
99	1011	1	7.33	0.68	6.41	1.14	6.87
100	931	5	6.67	0.67	6.40	1.13	6.86

Tabela 3B. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável área abaixo da curva de progresso da doença em frutos imaturos das 100 plantas F_{3:4} selecionadas.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	3175	5	0.00	-10.66	2.95	-0.16	12.45
2	25010	6	2.50	-8.98	4.63	0.27	12.88
3	3173	8	1.17	-8.81	4.81	0.37	12.98
4	3175	3	0.00	-10.75	2.86	-0.20	12.42
5	3175	10	0.17	-10.31	3.30	-0.05	12.56
6	3175	6	0.00	-10.38	3.23	-0.11	12.51
7	201	1	2.83	-8.73	4.88	0.45	13.06
8	10415	5	0.83	-9.89	3.72	0.03	12.65
9	377	1	0.25	-9.44	4.17	0.10	12.71
10	884	8	2.50	-8.57	5.04	0.53	13.15
11	25010	5	0.00	-10.79	2.83	-0.21	12.40
12	3214	9	1.33	-9.58	4.04	0.08	12.70
13	10415	9	3.50	-8.19	5.42	0.87	13.48
14	1042	10	1.67	-8.94	4.67	0.30	12.91
15	377	7	2.00	-8.48	5.14	0.62	13.23
16	3214	10	0.33	-10.01	3.61	0.00	12.61
17	884	7	3.75	-8.09	5.52	0.96	13.57
18	3371	6	1.00	-8.94	4.68	0.33	12.95
19	3377	3	3.17	-8.88	4.73	0.35	12.96
20	3213	7	3.50	-8.13	5.48	0.92	13.54
21	3214	5	0.17	-10.35	3.26	-0.07	12.54
22	10415	1	4.00	-8.29	5.32	0.79	13.40
23	201	3	1.83	-9.10	4.52	0.20	12.81
24	10415	6	1.83	-9.00	4.61	0.25	12.86
25	25010	8	3.00	-9.11	4.50	0.18	12.80
26	3175	4	5.17	-7.60	6.02	1.22	13.83
27	2508	6	3.50	-9.07	4.54	0.22	12.83
28	3214	7	0.83	-10.39	3.22	-0.12	12.49
29	3377	1	0.00	-11.07	2.55	-0.27	12.34
30	10415	10	4.17	-7.60	6.01	1.19	13.80
31	3175	2	3.83	-7.84	5.77	1.08	13.69
32	2377	1	3.50	-7.60	6.01	1.20	13.82
33	25010	1	2.33	-9.70	3.91	0.05	12.66
34	31317	4	3.00	-8.61	5.00	0.48	13.10
35	201	10	4.17	-7.33	6.29	1.40	14.01
36	1704	4	2.00	-9.37	4.24	0.13	12.75
37	3094	7	3.17	-7.42	6.19	1.32	13.94
38	884	3	5.50	-6.67	6.94	2.02	14.63
39	931	7	2.17	-7.28	6.34	1.45	14.06
40	10415	3	6.00	-6.82	6.79	1.89	14.50
41	3377	6	3.50	-8.31	5.31	0.75	13.36
42	31317	3	3.00	-8.61	5.01	0.50	13.11
43	884	9	4.50	-7.12	6.49	1.65	14.26
44	1517	9	0.50	-8.59	5.02	0.52	13.13
45	2377	9	2.50	-7.81	5.81	1.13	13.75
46	3174	6	4.17	-7.11	6.50	1.66	14.28
47	3173	9	3.00	-7.46	6.15	1.29	13.90
48	3175	7	4.33	-8.46	5.15	0.65	13.26
49	25010	2	3.50	-8.17	5.44	0.91	13.52
50	25010	7	4.50	-8.48	5.13	0.60	13.21
51	3174	8	4.50	-7.35	6.27	1.38	13.99
52	3213	8	5.50	-6.62	6.99	2.05	14.67
53	2508	10	0.50	-10.94	2.68	-0.23	12.38
54	3213	9	5.00	-6.70	6.91	1.98	14.59
55	25010	3	4.00	-8.43	5.18	0.68	13.30
56	1704	9	2.83	-8.70	4.91	0.47	13.08
57	3174	2	1.83	-8.34	5.27	0.74	13.35

Tabela 3B, cont.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	1704	2	2.00	-8.80	4.81	0.38	13.00
59	10415	2	6.00	-6.25	7.36	2.42	15.03
60	201	7	7.00	-6.29	7.32	2.36	14.97
61	3377	9	0.50	-10.35	3.26	-0.09	12.52
62	3175	1	3.33	-8.97	4.65	0.28	12.90
63	31317	9	4.00	-7.84	5.78	1.10	13.71
64	3371	5	2.17	-8.50	5.11	0.58	13.20
65	884	1	6.17	-6.51	7.10	2.13	14.74
66	3133	1	3.83	-8.25	5.37	0.84	13.45
67	2508	2	0.00	-11.01	2.60	-0.25	12.36
68	856	1	2.50	-8.94	4.68	0.32	12.93
69	931	9	2.83	-6.36	7.25	2.28	14.90
70	1704	3	2.50	-9.06	4.55	0.23	12.85
71	31317	6	4.17	-7.52	6.09	1.24	13.85
72	1704	6	2.33	-8.80	4.81	0.40	13.01
73	2508	5	1.33	-10.67	2.94	-0.18	12.43
74	3214	6	4.67	-7.32	6.29	1.41	14.03
75	2508	3	2.50	-10.05	3.56	-0.02	12.59
76	377	2	3.17	-6.84	6.78	1.87	14.48
77	377	3	6.17	-5.57	8.04	3.03	15.64
78	3173	7	2.83	-8.08	5.53	0.98	13.59
79	3371	7	7.50	-5.69	7.93	2.92	15.53
80	2508	1	1.00	-11.22	2.40	-0.29	12.33
81	3175	8	8.17	-5.82	7.79	2.74	15.35
82	10113	9	1.50	-8.30	5.32	0.77	13.38
83	23715	4	1.00	-9.18	4.43	0.17	12.78
84	2508	7	2.50	-10.40	3.21	-0.14	12.47
85	2508	4	2.33	-10.16	3.45	-0.04	12.58
86	3097	9	4.50	-6.63	6.99	2.04	14.65
87	884	2	4.33	-6.81	6.80	1.90	14.52
88	26014	1	3.00	-8.26	5.35	0.80	13.42
89	31317	8	4.00	-8.06	5.55	0.99	13.61
90	3213	10	5.00	-6.52	7.09	2.09	14.70
91	15110	8	4.17	-5.38	8.23	3.22	15.83
92	3371	9	6.17	-5.99	7.63	2.62	15.23
93	15110	2	2.83	-5.56	8.05	3.05	15.66
94	25010	4	3.50	-8.74	4.87	0.43	13.05
95	3094	6	3.83	-6.29	7.32	2.34	14.95
96	2508	9	3.50	-9.28	4.33	0.15	12.76
97	15110	3	1.50	-6.95	6.67	1.76	14.37
98	26014	3	4.83	-6.89	6.72	1.83	14.44
99	1011	1	4.50	-7.24	6.37	1.50	14.11
100	931	5	5.50	-4.80	8.82	3.77	16.38

Tabela 4B. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável comprimento médio do fruto das 100 plantas F_{3:4} selecionadas.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	3175	5	83.64	12.50	86.16	21.53	95.19
2	25010	6	102.29	19.68	93.33	27.49	101.14
3	3173	8	80.48	4.67	78.33	15.83	89.49
4	3175	3	87.40	14.55	88.21	23.51	97.17
5	3175	10	92.39	17.06	90.71	25.23	98.89
6	3175	6	96.46	20.02	93.67	27.75	101.41
7	201	1	93.04	17.72	91.38	26.13	99.79
8	10415	5	69.03	-0.85	72.81	11.26	84.92
9	377	1	102.89	29.70	103.36	34.48	108.13
10	884	8	62.04	-10.09	63.57	5.35	79.01
11	25010	5	74.54	3.22	76.88	14.85	88.51
12	3214	9	112.20	32.09	105.75	37.77	111.43
13	10415	9	78.57	4.40	78.06	15.58	89.24
14	1042	10	96.11	12.28	85.93	21.43	95.09
15	377	7	108.82	33.88	107.54	39.72	113.37
16	3214	10	70.35	6.81	80.47	17.75	91.41
17	884	7	61.32	-10.52	63.14	5.11	78.77
18	3371	6	70.01	-3.02	70.64	9.88	83.54
19	3377	3	72.45	-0.46	73.20	11.67	85.32
20	3213	7	134.34	50.84	124.50	50.84	124.50
21	3214	5	93.73	21.49	95.15	29.35	103.01
22	10415	1	88.87	9.99	83.65	19.68	93.34
23	201	3	80.23	10.89	84.55	20.18	93.83
24	10415	6	70.53	-0.11	73.55	11.97	85.63
25	25010	8	88.79	11.34	85.00	20.59	94.25
26	3175	4	96.35	19.17	92.82	27.31	100.96
27	2508	6	80.52	0.51	74.17	12.45	86.11
28	3214	7	100.77	25.30	98.96	31.20	104.86
29	3377	1	72.42	-1.32	72.34	10.95	84.61
30	10415	10	77.61	3.60	77.26	15.20	88.85
31	3175	2	99.41	21.27	94.92	28.82	102.48
32	2377	1	67.89	-6.99	66.66	7.36	81.02
33	25010	1	89.91	11.38	85.04	20.68	94.34
34	31317	4	64.33	-11.41	62.25	4.55	78.21
35	201	10	108.12	27.10	100.76	32.35	106.01
36	1704	4	106.12	30.28	103.94	35.01	108.67
37	3094	7	72.09	-2.21	71.45	10.25	83.91
38	884	3	71.14	-4.43	69.23	8.82	82.48
39	931	7	71.18	-1.82	71.84	10.64	84.29
40	10415	3	70.70	-0.05	73.61	12.03	85.68
41	3377	6	74.94	1.07	74.73	12.95	86.61
42	31317	3	64.32	-10.67	62.99	4.98	78.64
43	884	9	59.74	-11.52	62.14	4.46	78.12
44	1517	9	71.40	4.93	78.58	16.16	89.82
45	2377	9	75.61	-1.79	71.86	10.66	84.32
46	3174	6	93.29	14.95	88.60	23.76	97.42
47	3173	9	71.78	-0.59	73.07	11.48	85.14
48	3175	7	85.93	13.46	87.12	22.45	96.10
49	25010	2	82.81	7.50	81.15	18.00	91.66
50	25010	7	72.86	1.81	75.46	13.85	87.51
51	3174	8	79.73	6.58	80.24	17.43	91.08
52	3213	8	130.54	48.57	122.23	49.71	123.37
53	2508	10	70.81	-5.82	67.83	8.06	81.72
54	3213	9	104.85	33.14	106.80	39.17	112.83
55	25010	3	84.15	8.78	82.44	19.01	92.67
56	1704	9	105.66	30.49	104.14	35.65	109.30
57	3174	2	59.61	-5.73	67.92	8.21	81.86

Tabela 4B, cont.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	1704	2	91.43	21.75	95.41	29.47	103.13
59	10415	2	77.66	3.64	77.30	15.30	88.96
60	201	7	105.85	26.02	99.67	31.43	105.08
61	3377	9	72.60	-0.63	73.03	11.42	85.08
62	3175	1	58.49	-3.59	70.06	9.43	83.09
63	31317	9	60.69	-13.10	60.55	4.01	77.66
64	3371	5	96.03	12.71	86.37	21.90	95.56
65	884	1	87.75	4.67	78.33	15.87	89.53
66	3133	1	64.07	-11.64	62.02	4.40	78.06
67	2508	2	63.04	-10.47	63.19	5.15	78.81
68	856	1	76.09	3.42	77.07	15.06	88.71
69	931	9	62.92	-6.81	66.84	7.48	81.13
70	1704	3	111.51	34.25	107.91	40.99	114.64
71	31317	6	63.28	-11.25	62.41	4.63	78.29
72	1704	6	97.84	26.11	99.76	31.53	105.19
73	2508	5	63.04	-9.80	63.86	5.53	79.18
74	3214	6	108.59	30.23	103.89	34.83	108.49
75	2508	3	57.46	-13.33	60.33	3.94	77.60
76	377	2	109.67	34.12	107.78	40.30	113.96
77	377	3	130.51	47.07	120.73	48.83	122.49
78	3173	7	82.51	5.88	79.54	16.69	90.34
79	3371	7	73.33	-1.28	72.38	11.03	84.69
80	2508	1	53.27	-16.68	56.98	2.73	76.39
81	3175	8	84.09	12.36	86.02	21.48	95.14
82	10113	9	72.02	-4.08	69.58	9.06	82.72
83	23715	4	68.17	-4.81	68.85	8.59	82.24
84	2508	7	55.82	-14.52	59.13	3.64	77.30
85	2508	4	61.37	-11.74	61.92	4.33	77.99
86	3097	9	91.77	17.95	91.61	26.38	100.04
87	884	2	60.22	-11.45	62.21	4.51	78.16
88	26014	1	63.82	-10.49	63.17	5.13	78.79
89	31317	8	63.24	-11.52	62.13	4.44	78.10
90	3213	10	117.24	40.33	113.99	46.71	120.36
91	15110	8	100.62	20.80	94.46	28.52	102.18
92	3371	9	58.95	-9.94	63.72	5.39	79.05
93	15110	2	95.60	17.53	91.19	25.82	99.48
94	25010	4	57.42	-7.97	65.69	6.76	80.42
95	3094	6	76.43	0.64	74.30	12.51	86.17
96	2508	9	68.57	-6.94	66.72	7.41	81.06
97	15110	3	70.67	3.08	76.74	14.65	88.30
98	26014	3	73.31	-3.96	69.69	9.16	82.82
99	1011	1	79.81	1.72	75.38	13.76	87.41
100	931	5	85.34	7.06	80.72	17.84	91.50

Tabela 5B. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável diâmetro médio do fruto das 100 plantas F_{3:4} selecionadas.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	3175	5	40.94	5.81	39.95	11.07	45.20
2	25010	6	43.06	5.92	40.05	11.11	45.24
3	3173	8	46.04	8.32	42.46	13.02	47.15
4	3175	3	38.01	3.81	37.94	9.07	43.20
5	3175	10	36.61	2.96	37.10	8.25	42.39
6	3175	6	39.34	4.91	39.04	10.13	44.27
7	201	1	43.07	7.49	41.62	12.22	46.35
8	10415	5	37.97	3.89	38.02	9.29	43.43
9	377	1	37.42	3.40	37.54	8.60	42.73
10	884	8	42.92	7.88	42.02	12.75	46.88
11	25010	5	34.64	-0.20	33.93	5.21	39.34
12	3214	9	38.01	2.95	37.08	8.21	42.34
13	10415	9	40.35	5.95	40.08	11.23	45.36
14	1042	10	38.69	1.90	36.03	7.10	41.23
15	377	7	37.96	4.03	38.17	9.35	43.49
16	3214	10	38.27	2.92	37.06	8.14	42.27
17	884	7	45.87	10.17	44.30	14.55	48.68
18	3371	6	36.80	2.38	36.51	7.46	41.59
19	3377	3	38.00	2.78	36.91	7.96	42.09
20	3213	7	40.64	5.61	39.75	10.87	45.00
21	3214	5	37.36	2.10	36.24	7.27	41.40
22	10415	1	37.31	3.72	37.85	8.93	43.06
23	201	3	34.95	1.56	35.69	6.82	40.95
24	10415	6	35.26	2.21	36.34	7.38	41.51
25	25010	8	36.55	1.46	35.59	6.77	40.90
26	3175	4	44.59	8.31	42.44	12.97	47.10
27	2508	6	35.89	0.14	34.28	5.51	39.65
28	3214	7	34.66	0.75	34.88	6.02	40.16
29	3377	1	33.56	-0.09	34.04	5.25	39.38
30	10415	10	39.46	5.12	39.25	10.49	44.62
31	3175	2	41.05	6.41	40.54	11.62	45.75
32	2377	1	44.16	7.13	41.26	12.13	46.26
33	25010	1	32.31	-1.54	32.59	4.00	38.13
34	31317	4	36.53	1.06	35.19	6.34	40.47
35	201	10	41.93	6.58	40.72	11.80	45.93
36	1704	4	34.16	-0.72	33.42	4.55	38.68
37	3094	7	38.50	4.13	38.26	9.44	43.57
38	884	3	50.86	13.18	47.31	17.34	51.47
39	931	7	38.69	6.59	40.72	11.84	45.98
40	10415	3	43.11	7.54	41.67	12.36	46.49
41	3377	6	35.09	0.91	35.04	6.17	40.30
42	31317	3	34.37	-0.34	33.79	5.01	39.14
43	884	9	40.04	5.94	40.07	11.19	45.32
44	1517	9	33.66	-0.42	33.71	4.92	39.05
45	2377	9	37.75	2.74	36.87	7.83	41.96
46	3174	6	40.43	4.51	38.64	9.75	43.88
47	3173	9	36.06	1.40	35.54	6.64	40.78
48	3175	7	31.22	-0.46	33.67	4.89	39.03
49	25010	2	33.34	-0.60	33.54	4.72	38.85
50	25010	7	32.20	-1.37	32.76	4.15	38.28
51	3174	8	37.12	2.29	36.42	7.42	41.55
52	3213	8	41.58	6.05	40.19	11.31	45.45
53	2508	10	31.40	-3.04	31.10	2.81	36.94
54	3213	9	38.88	4.23	38.36	9.50	43.63
55	25010	3	32.72	-1.50	32.64	4.02	38.16
56	1704	9	32.81	-1.21	32.93	4.24	38.37
57	3174	2	33.47	-0.07	34.06	5.27	39.41

Tabela 5B, cont.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	1704	2	32.46	-1.33	32.81	4.16	38.29
59	10415	2	41.11	6.61	40.74	11.89	46.02
60	201	7	42.73	7.50	41.63	12.27	46.40
61	3377	9	30.75	-1.96	32.17	3.70	37.84
62	3175	1	31.90	-0.23	33.90	5.14	39.27
63	31317	9	34.40	0.02	34.16	5.43	39.56
64	3371	5	31.34	-1.67	32.47	3.93	38.07
65	884	1	40.96	6.48	40.61	11.66	45.80
66	3133	1	37.98	2.07	36.20	7.25	41.38
67	2508	2	30.33	-3.46	30.68	2.52	36.66
68	856	1	34.49	-1.01	33.13	4.34	38.47
69	931	9	41.98	8.75	42.88	13.40	47.54
70	1704	3	30.95	-2.85	31.28	2.99	37.13
71	31317	6	34.57	-0.03	34.10	5.33	39.46
72	1704	6	31.58	-2.24	31.89	3.48	37.61
73	2508	5	30.33	-3.97	30.16	2.10	36.24
74	3214	6	35.93	1.32	35.45	6.56	40.69
75	2508	3	30.63	-3.71	30.42	2.36	36.49
76	377	2	35.77	2.47	36.61	7.64	41.77
77	377	3	42.96	7.05	41.18	12.08	46.21
78	3173	7	31.89	-1.37	32.76	4.14	38.27
79	3371	7	42.57	6.74	40.87	11.94	46.07
80	2508	1	29.58	-4.21	29.93	1.97	36.11
81	3175	8	39.06	4.82	38.95	10.07	44.20
82	10113	9	33.81	-1.39	32.75	4.09	38.22
83	23715	4	33.58	-2.49	31.64	3.26	37.40
84	2508	7	29.23	-4.20	29.93	1.98	36.11
85	2508	4	30.27	-4.08	30.05	2.04	36.18
86	3097	9	35.57	1.32	35.45	6.54	40.67
87	884	2	34.84	2.42	36.55	7.54	41.67
88	26014	1	31.54	-1.90	32.23	3.74	37.87
89	31317	8	31.26	-2.25	31.89	3.47	37.60
90	3213	10	33.61	0.33	34.46	5.78	39.91
91	15110	8	38.39	3.64	37.78	8.85	42.98
92	3371	9	39.86	4.69	38.82	9.90	44.04
93	15110	2	37.04	2.89	37.03	8.09	42.23
94	25010	4	28.15	-4.81	29.32	1.67	35.80
95	3094	6	35.07	1.41	35.54	6.66	40.79
96	2508	9	27.60	-5.49	28.64	1.43	35.56
97	15110	3	32.31	-0.89	33.25	4.43	38.57
98	26014	3	35.02	0.30	34.43	5.72	39.85
99	1011	1	33.98	-1.19	32.95	4.27	38.41
100	931	5	48.58	12.98	47.11	16.86	50.99

Tabela 6B. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável espessura média do pericarpo das 100 plantas F_{3:4} selecionadas.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	3175	5	3.67	0.35	3.33	0.64	3.62
2	25010	6	4.28	0.81	3.79	1.07	4.05
3	3173	8	4.17	0.72	3.70	0.95	3.93
4	3175	3	3.32	0.25	3.23	0.56	3.54
5	3175	10	3.62	0.35	3.33	0.63	3.61
6	3175	6	2.63	-0.07	2.91	0.34	3.33
7	201	1	3.61	0.27	3.26	0.58	3.56
8	10415	5	3.46	0.48	3.46	0.73	3.72
9	377	1	3.18	0.14	3.13	0.49	3.47
10	884	8	4.59	1.01	3.99	1.21	4.19
11	25010	5	3.92	0.64	3.62	0.87	3.86
12	3214	9	2.84	-0.24	2.74	0.24	3.22
13	10415	9	3.74	0.61	3.59	0.84	3.82
14	1042	10	3.94	0.39	3.37	0.66	3.64
15	377	7	3.13	0.16	3.14	0.49	3.47
16	3214	10	3.03	-0.16	2.83	0.29	3.27
17	884	7	3.81	0.68	3.66	0.91	3.89
18	3371	6	3.84	0.61	3.60	0.84	3.82
19	3377	3	3.64	0.41	3.39	0.68	3.66
20	3213	7	3.17	0.19	3.18	0.52	3.50
21	3214	5	2.59	-0.36	2.62	0.17	3.15
22	10415	1	3.54	0.51	3.49	0.75	3.73
23	201	3	3.17	0.14	3.12	0.48	3.46
24	10415	6	2.92	0.27	3.25	0.57	3.55
25	25010	8	2.52	0.08	3.06	0.43	3.41
26	3175	4	3.14	0.11	3.09	0.46	3.44
27	2508	6	3.87	0.50	3.48	0.74	3.72
28	3214	7	2.10	-0.54	2.44	0.10	3.08
29	3377	1	2.79	0.00	2.98	0.39	3.37
30	10415	10	3.56	0.54	3.52	0.78	3.76
31	3175	2	2.88	0.00	2.98	0.39	3.37
32	2377	1	4.11	0.63	3.61	0.86	3.84
33	25010	1	3.56	0.48	3.46	0.73	3.71
34	31317	4	3.79	0.60	3.58	0.83	3.81
35	201	10	2.89	0.00	2.98	0.39	3.37
36	1704	4	3.26	-0.05	2.93	0.36	3.34
37	3094	7	3.65	0.62	3.60	0.84	3.82
38	884	3	4.37	0.93	3.91	1.17	4.15
39	931	7	3.13	0.33	3.31	0.61	3.59
40	10415	3	3.86	0.69	3.67	0.92	3.90
41	3377	6	3.34	0.25	3.23	0.56	3.54
42	31317	3	3.66	0.60	3.58	0.83	3.81
43	884	9	3.96	0.73	3.71	0.97	3.95
44	1517	9	3.08	0.13	3.11	0.48	3.46
45	2377	9	3.13	0.23	3.22	0.55	3.53
46	3174	6	3.30	0.22	3.20	0.54	3.52
47	3173	9	4.34	0.77	3.75	1.01	3.99
48	3175	7	2.85	0.03	3.01	0.40	3.38
49	25010	2	3.65	0.51	3.49	0.75	3.73
50	25010	7	3.59	0.53	3.51	0.77	3.75
51	3174	8	3.34	0.25	3.23	0.56	3.54
52	3213	8	3.01	0.13	3.11	0.48	3.46
53	2508	10	3.29	0.26	3.24	0.57	3.55
54	3213	9	3.39	0.27	3.25	0.58	3.56
55	25010	3	3.40	0.47	3.45	0.72	3.70
56	1704	9	2.95	-0.16	2.82	0.29	3.27
57	3174	2	3.36	0.21	3.19	0.53	3.52

Tabela 6B, cont.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	1704	2	2.83	-0.24	2.74	0.24	3.22
59	10415	2	4.10	0.73	3.71	0.98	3.96
60	201	7	3.51	0.27	3.25	0.57	3.55
61	3377	9	2.26	-0.21	2.77	0.26	3.24
62	3175	1	1.79	-0.45	2.53	0.13	3.11
63	31317	9	3.78	0.62	3.60	0.85	3.83
64	3371	5	2.64	0.10	3.08	0.45	3.43
65	884	1	2.78	0.21	3.19	0.53	3.51
66	3133	1	2.61	-0.18	2.80	0.27	3.25
67	2508	2	3.21	0.19	3.17	0.51	3.49
68	856	1	2.71	-0.43	2.55	0.14	3.12
69	931	9	3.14	0.32	3.30	0.60	3.58
70	1704	3	2.49	-0.32	2.66	0.19	3.17
71	31317	6	3.62	0.55	3.54	0.79	3.77
72	1704	6	2.64	-0.29	2.69	0.21	3.19
73	2508	5	3.21	0.21	3.19	0.53	3.51
74	3214	6	2.64	-0.33	2.65	0.19	3.17
75	2508	3	3.36	0.31	3.29	0.60	3.58
76	377	2	2.59	-0.11	2.87	0.31	3.29
77	377	3	3.64	0.39	3.37	0.66	3.64
78	3173	7	3.03	0.23	3.21	0.55	3.53
79	3371	7	3.92	0.66	3.64	0.89	3.87
80	2508	1	2.75	0.00	2.98	0.39	3.37
81	3175	8	3.59	0.35	3.33	0.63	3.61
82	10113	9	3.14	0.03	3.01	0.40	3.38
83	23715	4	3.07	-0.32	2.66	0.19	3.17
84	2508	7	2.84	0.07	3.05	0.43	3.41
85	2508	4	3.01	0.10	3.09	0.46	3.44
86	3097	9	3.43	0.12	3.10	0.47	3.45
87	884	2	3.04	0.31	3.29	0.60	3.58
88	26014	1	3.07	0.20	3.18	0.52	3.50
89	31317	8	3.82	0.65	3.63	0.88	3.86
90	3213	10	3.01	0.12	3.10	0.47	3.45
91	15110	8	3.98	0.80	3.78	1.06	4.04
92	3371	9	3.62	0.52	3.50	0.76	3.74
93	15110	2	3.90	0.72	3.70	0.96	3.94
94	25010	4	3.85	0.60	3.58	0.83	3.81
95	3094	6	3.58	0.57	3.56	0.80	3.78
96	2508	9	3.44	0.31	3.29	0.60	3.58
97	15110	3	3.39	0.57	3.55	0.80	3.78
98	26014	3	3.06	0.24	3.23	0.56	3.54
99	1011	1	3.41	0.29	3.27	0.58	3.56
100	931	5	3.47	0.45	3.43	0.71	3.69

Tabela 7B. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável massa média do fruto das 100 plantas F_{3:4} selecionadas.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	3175	5	22.80	4.36	28.45	12.42	36.51
2	25010	6	43.38	6.39	30.48	14.30	38.39
3	3173	8	48.75	10.67	34.76	19.89	43.98
4	3175	3	32.09	7.14	31.22	15.29	39.38
5	3175	10	28.92	6.50	30.59	14.53	38.62
6	3175	6	32.67	7.53	31.62	15.92	40.01
7	201	1	45.50	11.93	36.02	21.62	45.71
8	10415	5	21.71	2.69	26.78	10.87	34.96
9	377	1	27.00	7.44	31.53	15.74	39.83
10	884	8	32.00	7.72	31.80	16.22	40.31
11	25010	5	31.43	2.51	26.60	10.69	34.78
12	3214	9	40.71	5.93	30.02	14.07	38.15
13	10415	9	32.20	6.00	30.09	14.11	38.20
14	1042	10	35.24	2.60	26.68	10.81	34.90
15	377	7	22.71	6.49	30.58	14.48	38.57
16	3214	10	20.57	-0.58	23.51	7.52	31.61
17	884	7	35.82	9.15	33.24	17.99	42.08
18	3371	6	29.24	2.40	26.49	10.63	34.72
19	3377	3	23.19	-1.22	22.87	7.02	31.11
20	3213	7	38.75	9.63	33.72	18.40	42.49
21	3214	5	26.20	1.27	25.35	9.44	33.53
22	10415	1	29.62	5.00	29.09	12.99	37.08
23	201	3	22.40	4.10	28.18	12.27	36.36
24	10415	6	19.80	1.87	25.96	9.93	34.02
25	25010	8	19.33	-1.59	22.50	6.58	30.67
26	3175	4	43.14	10.19	34.27	19.49	43.58
27	2508	6	26.65	-2.59	21.50	5.65	29.74
28	3214	7	21.18	-0.30	23.79	7.84	31.93
29	3377	1	17.94	-2.98	21.11	5.31	29.40
30	10415	10	38.83	8.55	32.64	17.23	41.32
31	3175	2	32.09	7.66	31.75	16.16	40.25
32	2377	1	37.00	3.30	27.39	11.49	35.58
33	25010	1	21.06	-1.37	22.72	6.77	30.86
34	31317	4	24.80	-2.45	21.64	5.78	29.87
35	201	10	51.00	14.22	38.31	23.19	47.28
36	1704	4	27.08	0.54	24.62	8.88	32.97
37	3094	7	34.09	9.98	34.07	19.10	43.19
38	884	3	48.64	12.98	37.06	22.01	46.10
39	931	7	25.64	7.63	31.72	15.98	40.07
40	10415	3	33.64	6.36	30.45	14.25	38.34
41	3377	6	22.38	-1.29	22.80	6.86	30.95
42	31317	3	18.38	-3.93	20.15	4.39	28.48
43	884	9	31.80	7.40	31.49	15.68	39.77
44	1517	9	15.74	-2.48	21.61	5.72	29.81
45	2377	9	34.42	2.54	26.63	10.78	34.87
46	3174	6	32.00	7.94	32.03	16.48	40.57
47	3173	9	26.25	2.80	26.89	11.03	35.12
48	3175	7	32.09	7.65	31.74	16.10	40.19
49	25010	2	23.88	0.11	24.20	8.37	32.46
50	25010	7	25.48	0.63	24.72	8.98	33.07
51	3174	8	27.92	6.73	30.82	14.73	38.82
52	3213	8	36.00	8.56	32.65	17.38	41.47
53	2508	10	21.50	-4.10	19.98	4.18	28.27
54	3213	9	37.71	8.90	32.99	17.68	41.77
55	25010	3	21.67	-1.17	22.92	7.04	31.13
56	1704	9	24.43	0.46	24.55	8.78	32.87
57	3174	2	21.93	4.86	28.95	12.84	36.93

Tabela 7B, cont.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	1704	2	27.40	1.87	25.96	9.90	33.99
59	10415	2	36.92	8.00	32.09	16.61	40.70
60	201	7	42.33	11.36	35.45	21.00	45.09
61	3377	9	17.71	-2.94	21.15	5.37	29.46
62	3175	1	32.09	7.15	31.23	15.40	39.49
63	31317	9	22.88	-2.28	21.81	5.94	30.03
64	3371	5	20.07	-0.53	23.56	7.60	31.69
65	884	1	39.77	9.98	34.07	19.20	43.28
66	3133	1	25.00	-3.13	20.96	5.10	29.19
67	2508	2	16.05	-5.86	18.23	2.86	26.95
68	856	1	18.77	-5.71	18.38	2.95	27.03
69	931	9	29.75	8.63	32.72	17.53	41.62
70	1704	3	21.11	-0.79	23.30	7.44	31.53
71	31317	6	22.73	-2.26	21.83	5.99	30.08
72	1704	6	23.00	0.05	24.14	8.30	32.39
73	2508	5	13.26	-6.96	17.13	2.07	26.16
74	3214	6	21.33	-0.55	23.54	7.58	31.67
75	2508	3	16.56	-6.21	17.88	2.53	26.62
76	377	2	32.57	9.84	33.93	18.74	42.83
77	377	3	38.43	11.30	35.39	20.88	44.97
78	3173	7	28.88	4.08	28.17	12.20	36.29
79	3371	7	30.18	3.03	27.12	11.26	35.35
80	2508	1	14.41	-6.93	17.16	2.12	26.21
81	3175	8	24.53	4.95	29.04	12.92	37.01
82	10113	9	18.86	-7.36	16.72	1.82	25.91
83	23715	4	12.48	-11.05	13.04	0.62	24.71
84	2508	7	24.25	-3.10	20.99	5.21	29.30
85	2508	4	16.41	-6.96	17.13	2.09	26.18
86	3097	9	29.18	4.60	28.69	12.65	36.74
87	884	2	27.75	6.43	30.52	14.34	38.43
88	26014	1	17.71	-3.79	20.30	4.45	28.54
89	31317	8	21.15	-2.62	21.47	5.62	29.71
90	3213	10	30.57	6.79	30.88	14.88	38.97
91	15110	8	38.50	9.76	33.85	18.65	42.74
92	3371	9	30.40	2.72	26.81	10.91	34.99
93	15110	2	35.40	8.87	32.96	17.60	41.69
94	25010	4	17.50	-3.27	20.82	5.02	29.11
95	3094	6	32.36	9.09	33.18	17.91	42.00
96	2508	9	17.41	-5.80	18.29	2.89	26.98
97	15110	3	20.78	3.39	27.48	11.70	35.79
98	26014	3	21.06	-2.67	21.42	5.58	29.67
99	1011	1	13.61	-8.80	15.29	1.25	25.34
100	931	5	43.83	13.65	37.74	22.38	46.47

Tabela 8B. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável massa fresca total das 100 plantas F_{3:4} selecionadas.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	3175	5	205.20	-135.63	338.15	164.22	638.00
2	25010	6	520.50	48.77	522.55	252.28	726.06
3	3173	8	292.50	-158.31	315.47	152.31	626.10
4	3175	3	541.08	63.74	537.52	265.12	738.90
5	3175	10	549.42	77.75	551.53	273.40	747.18
6	3175	6	457.33	-1.80	471.98	227.25	701.04
7	201	1	546.00	34.80	508.58	245.36	719.14
8	10415	5	955.43	423.07	896.86	583.79	1057.57
9	377	1	648.00	218.42	692.20	399.55	873.33
10	884	8	576.00	131.49	605.27	318.54	792.33
11	25010	5	942.86	345.02	818.80	502.41	976.19
12	3214	9	692.14	160.76	634.54	347.44	821.22
13	10415	9	386.40	37.68	511.46	246.76	720.54
14	1042	10	845.65	257.24	731.03	428.88	902.66
15	377	7	817.71	353.16	826.94	511.34	985.13
16	3214	10	534.86	76.92	550.70	272.41	746.20
17	884	7	465.64	57.02	530.80	259.34	733.12
18	3371	6	613.94	76.38	550.16	271.92	745.70
19	3377	3	672.52	107.32	581.10	293.75	767.53
20	3213	7	503.75	0.74	474.52	228.19	701.97
21	3214	5	288.20	-74.26	399.52	192.49	666.27
22	10415	1	592.31	161.75	635.53	348.85	822.63
23	201	3	268.80	-126.97	346.81	169.01	642.79
24	10415	6	910.80	367.68	841.46	525.59	999.37
25	25010	8	328.67	-45.78	428.00	204.51	678.29
26	3175	4	302.00	-87.16	386.62	185.00	658.78
27	2508	6	1279.38	545.65	1019.43	657.70	1131.48
28	3214	7	487.18	49.36	523.14	253.21	726.99
29	3377	1	466.47	-39.04	434.74	209.63	683.42
30	10415	10	233.00	-43.69	430.09	207.29	681.07
31	3175	2	541.08	64.27	538.05	265.61	739.39
32	2377	1	1221.00	490.66	964.44	623.70	1097.49
33	25010	1	610.61	103.38	577.16	290.63	764.41
34	31317	4	421.60	-44.24	429.54	206.36	680.14
35	201	10	306.00	-94.56	379.22	181.28	655.06
36	1704	4	1001.85	367.03	840.81	523.94	997.72
37	3094	7	477.27	59.65	533.43	261.26	735.04
38	884	3	583.64	120.72	594.50	308.05	781.83
39	931	7	743.64	218.95	692.73	400.45	874.23
40	10415	3	1076.36	485.38	959.16	616.03	1089.81
41	3377	6	693.63	108.64	582.43	294.80	768.58
42	31317	3	771.75	177.47	651.26	363.47	837.25
43	884	9	763.20	227.47	701.25	406.81	880.59
44	1517	9	834.05	260.09	733.87	431.91	905.70
45	2377	9	826.00	246.02	719.80	420.09	893.87
46	3174	6	640.00	111.66	585.45	300.73	774.51
47	3173	9	498.75	-50.19	423.59	201.74	675.52
48	3175	7	541.08	75.28	549.06	269.49	743.27
49	25010	2	597.06	110.25	584.03	298.00	771.78
50	25010	7	713.33	195.40	669.18	384.44	858.22
51	3174	8	558.33	87.36	561.15	280.42	754.20
52	3213	8	576.00	50.90	524.68	254.61	728.39
53	2508	10	602.00	134.55	608.33	322.80	796.58
54	3213	9	377.14	-99.29	374.49	179.42	653.20
55	25010	3	498.33	46.77	520.55	249.98	723.76
56	1704	9	513.00	46.01	519.79	249.07	722.85
57	3174	2	657.86	135.72	609.50	325.30	799.08

Tabela 8B, cont.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	1704	2	438.40	6.72	480.50	230.02	703.80
59	10415	2	1329.23	647.15	1120.94	727.65	1201.43
60	201	7	762.00	199.06	672.84	390.58	864.36
61	3377	9	407.43	-69.46	404.32	195.30	669.08
62	3175	1	541.08	48.76	522.54	251.82	725.60
63	31317	9	457.50	-30.66	443.13	212.42	686.20
64	3371	5	762.81	198.25	672.03	387.91	861.69
65	884	1	517.00	63.25	537.03	264.15	737.93
66	3133	1	625.00	37.89	511.67	247.22	721.00
67	2508	2	609.90	131.42	605.21	317.95	791.73
68	856	1	638.15	42.57	516.35	248.61	722.39
69	931	9	357.00	-46.88	426.90	204.04	677.83
70	1704	3	696.67	170.87	644.65	357.51	831.29
71	31317	6	295.45	-138.37	335.41	162.79	636.57
72	1704	6	598.00	95.82	569.60	285.49	759.27
73	2508	5	503.91	78.11	551.89	273.90	747.68
74	3214	6	661.33	136.73	610.51	325.93	799.71
75	2508	3	596.25	122.19	595.97	310.34	784.12
76	377	2	944.57	423.04	896.82	581.39	1055.17
77	377	3	922.29	408.30	882.08	563.49	1037.27
78	3173	7	346.50	-127.98	345.81	168.53	642.31
79	3371	7	754.41	189.63	663.41	376.86	850.64
80	2508	1	634.12	131.36	605.14	317.35	791.13
81	3175	8	760.53	219.31	693.09	401.35	875.13
82	10113	9	565.71	151.13	624.92	339.82	813.60
83	23715	4	483.61	10.33	484.11	232.31	706.09
84	2508	7	145.50	-153.69	320.09	155.17	628.95
85	2508	4	607.14	130.69	604.47	316.17	789.95
86	3097	9	557.11	71.59	545.38	268.05	741.83
87	884	2	971.25	368.41	842.19	527.27	1001.05
88	26014	1	407.43	-58.22	415.56	197.16	670.94
89	31317	8	550.00	51.72	525.50	255.55	729.33
90	3213	10	275.14	-147.88	325.90	157.56	631.34
91	15110	8	462.00	14.48	488.26	236.01	709.79
92	3371	9	334.40	-97.48	376.30	179.89	653.67
93	15110	2	637.20	111.09	584.87	299.63	773.41
94	25010	4	297.50	-79.74	394.05	190.14	663.92
95	3094	6	517.71	61.76	535.54	263.18	736.96
96	2508	9	661.55	156.08	629.86	345.34	819.12
97	15110	3	748.00	181.21	654.99	368.08	841.87
98	26014	3	589.65	72.95	546.73	268.53	742.31
99	1011	1	1333.89	577.59	1051.37	675.31	1149.10
100	931	5	701.33	195.23	669.01	383.59	857.37

Tabela 9B. Valor fenotípico individual e predição do efeito genético aditivo, valor genético aditivo, ganho genético e nova média para variável número total de frutos por planta das 100 plantas F_{3:4} selecionadas.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
1	3175	5	9.00	-9.91	11.92	6.58	28.41
2	25010	6	12.00	-6.70	15.14	8.77	30.60
3	3173	8	6.00	-13.11	8.72	5.18	27.01
4	3175	3	17.00	-4.54	17.29	10.22	32.06
5	3175	10	19.00	-3.63	18.20	10.80	32.64
6	3175	6	14.00	-7.58	14.25	8.05	29.88
7	201	1	12.00	-8.73	13.10	7.24	29.08
8	10415	5	44.00	17.36	39.19	27.18	49.01
9	377	1	24.00	1.83	23.66	14.73	36.56
10	884	8	18.00	-1.73	20.10	12.10	33.93
11	25010	5	30.00	6.89	28.72	18.78	40.62
12	3214	9	17.00	-3.00	18.83	11.29	33.12
13	10415	9	12.00	-5.27	16.56	9.74	31.57
14	1042	10	24.00	2.55	24.38	15.34	37.17
15	377	7	36.00	10.78	32.61	21.83	43.66
16	3214	10	26.00	3.08	24.91	15.69	37.52
17	884	7	13.00	-6.50	15.33	8.95	30.79
18	3371	6	21.00	-1.88	19.96	11.95	33.79
19	3377	3	29.00	4.28	26.11	16.68	38.51
20	3213	7	13.00	-9.00	12.83	7.10	28.93
21	3214	5	11.00	-6.66	15.17	8.80	30.63
22	10415	1	20.00	-0.29	21.55	13.10	34.93
23	201	3	12.00	-7.86	13.97	7.92	29.75
24	10415	6	46.00	17.61	39.44	27.42	49.25
25	25010	8	17.00	-1.19	20.64	12.49	34.32
26	3175	4	7.00	-11.00	10.83	6.07	27.90
27	2508	6	48.00	20.94	42.78	31.06	52.90
28	3214	7	23.00	1.25	23.09	14.23	36.06
29	3377	1	26.00	1.33	23.16	14.30	36.13
30	10415	10	6.00	-9.58	12.26	6.80	28.63
31	3175	2	17.00	-4.72	17.12	10.01	31.84
32	2377	1	33.00	8.07	29.90	19.52	41.35
33	25010	1	29.00	5.16	26.99	17.53	39.36
34	31317	4	17.00	-3.05	18.78	11.26	33.09
35	201	10	6.00	-12.48	9.35	5.45	27.29
36	1704	4	37.00	11.52	33.35	22.47	44.30
37	3094	7	14.00	-6.64	15.19	8.87	30.71
38	884	3	12.00	-6.97	14.87	8.51	30.34
39	931	7	29.00	3.31	25.14	15.98	37.81
40	10415	3	32.00	8.89	30.72	20.29	42.12
41	3377	6	31.00	4.70	26.53	17.10	38.93
42	31317	3	42.00	13.79	35.62	24.00	45.83
43	884	9	24.00	1.01	22.85	13.91	35.75
44	1517	9	53.00	22.47	44.30	33.85	55.68
45	2377	9	24.00	2.39	24.22	15.17	37.00
46	3174	6	20.00	-3.09	18.74	11.23	33.06
47	3173	9	19.00	-5.52	16.31	9.60	31.43
48	3175	7	17.00	-4.76	17.07	9.92	31.76
49	25010	2	25.00	3.09	24.92	15.76	37.59
50	25010	7	28.00	5.12	26.95	17.41	39.24
51	3174	8	20.00	-1.04	20.79	12.73	34.56
52	3213	8	16.00	-5.62	16.21	9.55	31.38
53	2508	10	28.00	7.59	29.43	19.26	41.09
54	3213	9	10.00	-11.17	10.66	6.04	27.87
55	25010	3	23.00	1.88	23.71	14.76	36.59
56	1704	9	21.00	-0.33	21.50	13.07	34.90
57	3174	2	30.00	4.62	26.45	16.98	38.81

Tabela 9B, cont.

Ordem	Família F _{3:4}	Planta F ₄	Fen	a	u + a	Ganho	Nova Média
58	1704	2	16.00	-3.65	18.19	10.78	32.61
59	10415	2	36.00	11.48	33.31	22.41	44.24
60	201	7	18.00	-3.93	17.90	10.53	32.36
61	3377	9	23.00	-0.20	21.63	13.25	35.08
62	3175	1	17.00	-5.41	16.42	9.65	31.49
63	31317	9	20.00	-1.75	20.08	12.07	33.90
64	3371	5	38.00	11.02	32.85	22.04	43.87
65	884	1	13.00	-7.15	14.69	8.41	30.24
66	3133	1	25.00	0.47	22.30	13.66	35.49
67	2508	2	38.00	14.81	36.65	25.26	47.09
68	856	1	34.00	6.94	28.77	18.83	40.66
69	931	9	12.00	-8.55	13.28	7.42	29.25
70	1704	3	33.00	8.29	30.12	19.65	41.48
71	31317	6	13.00	-7.24	14.59	8.33	30.16
72	1704	6	26.00	2.48	24.32	15.24	37.07
73	2508	5	38.00	15.16	36.99	25.83	47.66
74	3214	6	31.00	6.05	27.88	18.27	40.10
75	2508	3	36.00	13.60	35.44	23.77	45.60
76	377	2	29.00	5.98	27.82	18.10	39.94
77	377	3	24.00	2.70	24.53	15.41	37.24
78	3173	7	12.00	-10.26	11.57	6.43	28.27
79	3371	7	25.00	1.63	23.46	14.56	36.39
80	2508	1	44.00	18.27	40.10	28.15	49.98
81	3175	8	31.00	6.23	28.06	18.44	40.27
82	10113	9	30.00	14.85	36.68	25.33	47.16
83	23715	4	37.00	15.15	36.98	25.75	47.59
84	2508	7	6.00	-7.38	14.46	8.23	30.06
85	2508	4	37.00	14.75	36.59	25.19	47.03
86	3097	9	19.00	-2.85	18.98	11.37	33.21
87	884	2	35.00	8.77	30.60	20.15	41.98
88	26014	1	23.00	0.38	22.21	13.60	35.43
89	31317	8	26.00	3.80	25.63	16.38	38.21
90	3213	10	9.00	-12.02	9.81	5.53	27.36
91	15110	8	12.00	-7.12	14.71	8.46	30.29
92	3371	9	11.00	-8.15	13.68	7.69	29.52
93	15110	2	18.00	-4.23	17.61	10.33	32.17
94	25010	4	17.00	-1.81	20.02	12.04	33.87
95	3094	6	16.00	-6.00	15.83	9.33	31.16
96	2508	9	38.00	14.67	36.50	24.99	46.83
97	15110	3	36.00	8.40	30.24	19.87	41.71
98	26014	3	28.00	4.71	26.54	17.18	39.01
99	1011	1	98.00	57.10	78.93	66.85	88.68
100	931	5	16.00	-5.30	16.54	9.68	31.51