

AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS
DE *Vitis spp.* A *Plasmopara viticola*

BRUNO DIAS AMARAL

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
JULHO – 2019

AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS
DE *Vitis* spp. A *Plasmopara viticola*

BRUNO DIAS AMARAL

“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

Orientador: Prof. Dr. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
JULHO – 2019

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

A485

Amaral, Bruno Dias.

AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE *Vitis* spp. A Plasmopara viticola / Bruno Dias Amaral. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

63 f. : il.

Bibliografia: 39 - 51.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2019.
Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. Melhoramento Genético. 2. Viticultura. 3. Míldio da videira. 4. Parâmetros genéticos. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

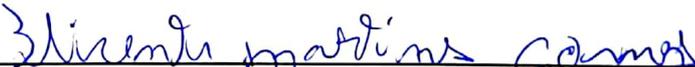
AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS
DE *Vitis* spp. A *Plasmopara viticola*

BRUNO DIAS AMARAL

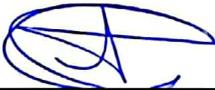
“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

Aprovada em 24 de julho de 2019.

Comissão Examinadora:



Prof. Vicente Gomes Martins (D.Sc., Produção Vegetal) - IFF



Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UENF



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



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

DEDICATÓRIA

A Deus, autor da vida. Aos meus pais, Clinimar Oliveira Amaral e Diwaney Dias Couto de Oliveira Amaral. Aos meus irmãos Matheus Dias Amaral e Amanda Dias Amaral, que sempre me deram apoio, força e incentivo para que eu pudesse alcançar meus sonhos e objetivos.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente A DEUS pelo dom da vida, pelo amor incondicional expresso nas incontáveis bênçãos que venho recebendo diariamente e por todo direcionamento nas tomadas de decisão;

Aos meus pais Clinimar e Diwaney, que não mediram esforços para apoiar minha formação acadêmica;

Aos meus irmãos Matheus e Amanda, pelo companheirismo e apoio durante toda a vida;

À Hanna, por todo apoio, carinho, atenção e compreensão;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro por tornar possível a obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas e concessão da bolsa de estudos;

A CAPES e FAPERJ pelo financiamento do trabalho através da bolsa e recursos financeiros para implantação e manutenção dos experimentos;

Ao professor Dr. Alexandre Pio Viana, pela orientação, paciência e ensinamentos que foram fundamentais para o desenvolvimento da pesquisa e formação acadêmica;

À professora Dr. Rosana Rodrigues, pelas sugestões no trabalho, pela orientação, por todo conhecimento passado e confiança no trabalho;

Ao professor Dr. Marcelo Vivas pela orientação, apoio, sugestões e conhecimentos transmitidos;

Ao Dr. Paulo Ricardo, pelo início dos trabalhos, pelo apoio e pelas sugestões dadas;

Aos professores do curso de Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, que foram fundamentais para minha formação acadêmica e profissional, especialmente os professores Alexandre, Amaral, Cláudio, Gonçalo, Gravina, Helaine, Messias, Marcelo, Rogério, Rosana e Telma, e os colaboradores Elba, Fernanda e Lorraine;

Ao secretário, Daniel, pela eficiência, comprometimento e agilidade que tanto auxiliam o funcionamento do programa;

Aos funcionários, ex-funcionários e bolsistas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Geraldo, José Manoel, Durval, Luzimara e Estênio, que tanto colaboraram com conhecimento técnico e apoio na condução dos experimentos;

Aos pós-doutorandos do laboratório que tanto ajudaram nos trabalhos Andressa, Daniele, Eileen, Natan e Rodrigo;

Aos colegas de laboratório Beatriz, Débora, Deurimar, Fernando, Flávia, Letícia, Luan, Mariana, Misael, Moisés e Ravena;

Aos colegas de P8, Caio, Fábio, Fernando, Jhean, Yure e todos outros que contribuíram de maneira direta e indireta com realização do mestrado;

Ao meu amigo de república Tiago, por todas as dicas, apoio e sugestões que tanto contribuíram;

E a todos, que mesmo não citados contribuíram e apoiaram minha formação acadêmica.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS	5
2.1. Geral.....	5
2.2. Específicos	5
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	6
3.1. A cultura da videira.....	6
3.2. Melhoramento da Videira visando resistência	8
3.3. Míldio da videira	11
3.4. Metodologia dos modelos mistos aplicado ao melhoramento de plantas...	13
4. MATERIAL E MÉTODOS	16
4.1. Localização.....	16
4.2. Populações avaliadas.....	16
4.3. Manejo e condução experimental.....	19
4.4. Avaliação da severidade, Estimativa da Área abaixo da Curva de Progresso da Doença e Severidade máxima.	19
4.5. Estimativa dos parâmetros genéticos e seleção clonal	20
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	22
5.1. Influência ambiental na severidade dos sintomas em híbridos interespecíficos de <i>Vitis</i> com base na AACPD e Smáx.....	22
5.2. Estimativa dos parâmetros genéticos.....	29

5.3. Seleção individual dos clones.....	31
6. CONCLUSÕES.....	38
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	39

RESUMO

AMARAL, Bruno Dias; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Julho de 2019; AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE *Vitis spp.* A *Plasmopara viticola*; Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana; Conselheiros: Prof^a Rosana Rodrigues, Prof Marcelo Vivas.

A uva é uma fruta apreciada mundialmente. Os frutos podem ser consumidos na forma *in natura* ou processada. A viticultura brasileira encontra-se em expansão, entretanto diversos fatores têm provocado à queda da produtividade dos pomares. Dentre eles, destacam-se os fitossanitários, que causam desde aumento dos custos de produção até mesmo a morte da planta. No Brasil, os fatores climáticos favorecem o desenvolvimento de doenças fúngicas, sendo que na cultura da videira, o Míldio (*Plasmopara viticola*) é a principal doença, considerada um problema grave para a cultura, pois pode afetar toda a produtividade. Neste sentido, o cruzamento interespecífico é uma técnica utilizada no melhoramento da videira que tem por finalidade a introdução de alelos que confirmam resistência a doenças. Os objetivos do presente trabalho foram estimar os parâmetros genéticos de variáveis relacionadas à resistência ao míldio em uma população composta por 63 híbridos interespecíficos e selecionar clones promissores ao programa de melhoramento da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Foram avaliados 5 cruzamentos entre 7 genótipos de *Vitis spp*, sendo elas: C166-043 (*Vitis romanetii*), 07355-075 (*V. vinifera*), 06354-047 (*V. vinifera/V. rotundifolia*), Cereza (*V. vinifera*), Nocera (*V. vinifera*), 07371-25

(*V. vinifera*) e A96-16 (*V. vinifera*). O experimento foi conduzido na Unidade Experimental da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, localizada na Escola Técnica Estadual Agrícola Antonio Sarlo em Campos dos Goytacazes – Rio de Janeiro, o delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados com três repetições e uma planta por parcela. As avaliações foram realizadas em duas épocas distintas (de abril/2018 a junho/2018 e de março/2019 a maio/2019), e consistiram na determinação da severidade da doença em três folhas completamente expandidas e na severidade máxima observada na folha antes da abscisão foliar, tendo como base uma escala diagramática específica. Os dados de severidade serviram de base para cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) e da severidade máxima ($Smáx$), e estas variáveis forneceram dados para estimativa dos parâmetros genéticos da população através da utilização do modelo 31 do pacote computacional Selegen-Reml/Blup. As estimativas dos parâmetros genéticos para duas variáveis indicam que hibridações são viáveis na transferência da resistência, o que foi evidenciado pela maior contribuição da variância decorrente dos efeitos de dominância que corresponde a 244165,9580 e 179,83, para AACPD e $Smáx$, respectivamente. A variância devido aos efeitos aditivos para a variável AACPD foi de 6887,03 e 5,58 para $Smáx$. As herdabilidades no sentido amplo foram consideradas altas, sendo de 0,52 para AACPD e 0,54 considerando $Smáx$. A variância ambiental para as duas variáveis foi considerada alta o que pode ser atribuído a elevada interação da doença com o clima. Entretanto, a correlação genotípica entre os híbridos nos diferentes ambientes foi de 0,81 para AACPD e superior para $Smáx$ (0,90). Portanto, maiores progressos podem ser obtidos a partir da hibridação dos genótipos promissores que foram selecionados com base nas características fenotípicas. Foram selecionados 15 híbridos com menores médias de AACPD e $Smáx$ para dar continuidade ao programa de melhoramento genético da videira a partir de hibridações com variedades do grupo de *Vitis vinifera*.

Palavras-chave: Míldio da videira; Melhoramento genético; Parâmetros genéticos; Viticultura; Severidade.

ABSTRACT

AMARAL, Bruno Dias; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; July of 2019; EVALUATION OF THE RESISTANCE OF *Vitis* spp. THE *Plasmopara viticola*; Prof. Advisor: Alexandre Pio Viana; Counselors: Prof^a. Rosana Rodrigues, Prof. Marcelo Vivas.

Grape is a fruit appreciated worldwide. The fruits can be eaten in fresh or processed form. Brazilian viticulture is expanding, however several factors have caused the fall in orchard productivity. Among them, we highlight the phytosanitary, which cause from increased production costs to the death of the plant. In Brazil, climatic factors favor the development of fungal diseases, and in the culture of the vine, downy mildew (*Plasmopara viticola*) is the main disease, considered a serious problem for the crop, as it can affect all productivity. In this sense, interspecific crossing is a technique used in grapevine breeding that aims to introduce alleles that confer disease resistance. The objectives of the present work were to estimate the genetic parameters of variables related to downy mildew resistance in a population of 63 interspecific hybrids and to select promising clones from the breeding program of the Fluminense North State University Darcy Ribeiro. Five crosses among 7 genotypes of *Vitis* spp were evaluated, namely: C166-043 (*Vitis romanetii*), 07355-075 (*V. vinifera*), 06354-047 (*V. vinifera* / *V. rotundifolia*), Cereza (*V. vinifera*) , Nocera (*V. vinifera*), 07371-25 (*V. vinifera*) and A96-16 (*V. vinifera*). The experiment was conducted at the Experimental Unit of the North Fluminense State University Darcy Ribeiro, located

at the Antonio Sarlo State Agricultural Technical School in Campos dos Goytacazes - Rio de Janeiro. The experimental design was randomized blocks with three replications and one plant per plot. The evaluations were carried out at two different times (from April / 2018 to June / 2018 and from March / 2019 to May / 2019), and consisted of determining the disease severity in three fully expanded leaves and the maximum severity observed in the leaf before leaf abscission, based on a specific diagrammatic scale. The severity data served as the basis for calculating the area under the disease progress curve (AUDPC) and the maximum severity ($Smáx$), and these variables provided data for estimation of population genetic parameters using the model 31 of the computational package Selegen-Reml / Blup. Estimates of genetic parameters for two variables indicate that hybridizations are viable in resistance gene transfer, which was evidenced by the greater contribution of variance due to dominance effects corresponding to 244165.9580 and 179.83, for AUDPC and $Smáx$, respectively. The variance due to additive effects for the AUDPC variable was 6887.03 and 5.58 for $Smáx$. Heritability in the broad sense was considered high, being 0.52 for AACPD and 0.54 considering $Smáx$. The environmental variance for both variables was considered high, which can be attributed to the high interaction of the disease with the climate. However, the genotypic correlation between hybrids in different environments was 0.81 for AUDPC and higher for $Smáx$ (0.90). Therefore, further progress can be made by hybridizing promising genotypes that have been selected based on phenotypic traits. Fifteen hybrids with lower AUCPD and $Smáx$ averages were selected to continue the grapevine breeding program from hybridizations with varieties of the *Vitis vinifera* group.

Keywords: Downy mildew; Plant breeding; Genetic parameters; Viticulture; Severity.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos maiores produtores de frutas do mundo e dentre elas, a viticultura possui grande participação no agronegócio brasileiro. No ano de 2017 as exportações brasileiras de uvas frescas representaram o 4º maior faturamento dentre as fruteiras. O Brasil destaca-se por ser o 16º maior produtor mundial de uvas, contribuindo aproximadamente com 1,7 milhões de toneladas, em uma área de 7,6 milhões de hectares, sendo a 18º maior superfície cultivada com a fruta do mundo (OIV, 2018; IBRAIVIN, 2018). Em relação à produção de vinhos, ocupou a 13º posição, ficando atrás de países como França, Itália, Espanha, Estados Unidos e Argentina (FAO, 2017; USDA, 2018). A finalidade da produção nacional é bem distribuída, sendo aproximadamente 50% dos frutos produzidos no país destinados ao consumo *in natura* e a outra parte ao processamento (Buffara et al., 2014; IBRAIVIN, 2018; IBGE, 2018).

O cultivo de videiras tem se desenvolvido de forma mais intensa em regiões de menor índice pluviométrico e/ou locais de maior luminosidade e temperatura elevada, uma vez que a incidência de doenças é menor, o que facilita o manejo e viabiliza a utilização de cultivares mais sensíveis à doenças e de qualidade superior (Camargo et al., 2011). Considerando os aspectos climáticos, a região Norte do Rio de Janeiro pode ser classificada como uma área promissora ao cultivo de videiras (Fachinello et al., 2011). Entretanto, os estados que se destacam no cultivo de uvas são Rio Grande do Sul, Pernambuco, São Paulo, Santa Catarina e Paraná, representando aproximadamente 57%, 23%, 8%, 4% e

3% da produção nacional, respectivamente (IBGE, 2018). Por outro lado, o estado do Rio de Janeiro contribui com apenas 0,01% da produção nacional da fruta.

A produtividade média dos pomares brasileiros de uva, na safra de 2018, foi de 19 toneladas por hectare (t/ha), enquanto que os pomares fluminenses foi 11,2 t/ha, sendo o Norte do estado o maior produtor (IBGE, 2018).

Com a crescente demanda por parte dos produtores e a expansão de novas áreas de cultivo no país, os programas de melhoramento da videira têm direcionado suas pesquisas para obtenção de cultivares para mesa, suco e vinho, que possuam características como elevada produtividade, diferentes ciclos de produção e alta resistência a doenças (EMBRAPA, 2014).

Vários fatores podem afetar a produtividade dos pomares de uva, dentre eles: o manejo, a cultivar e o clima, sendo que este possui relação direta com a incidência de doenças nas plantas e quando não controlada adequadamente provoca queda na produção, aumentando os custos (Teixeira et al., 2002). Dentre as doenças da videira, o míldio é a que possui maior relevância econômica, uma vez que as perdas podem atingir até 100% (Tavares et al., 2000; Naves et al., 2005; Kishino et al., 2007; Almança et al., 2015; Atak et al., 2017; Freitas, 2018).

O míldio da videira, conhecido também como mofo ou mufa, é a principal doença da viticultura nacional, e possui como agente causal o pseudo-fungo *Plasmopara viticola* (Berk. & M.A. Curtis) Berl. & de Toni. O patógeno é caracterizado taxonomicamente como pertencente a classe dos Oomycetos e pode lesionar caule, folhas e frutos, provocando elevadas perdas de produção, ocorrendo principalmente em regiões com umidade do ar elevada e temperaturas variando entre 20°C a 25°C, com água livre na folha (Alexopoulos et al., 1996; Naves et al., 2010; Gessler et al., 2011; Angelotti et al., 2017; Atak et al., 2017). O controle do míldio é realizado mediante a aplicação de fungicidas, podendo ser realizadas até 10 pulverizações anuais, o que corresponde a aproximadamente 30% dos custos de produção (Mendes, 2002; Pereira et al., 2009; Caffi et al., 2010).

Diante dos obstáculos gerados pela severidade das doenças da videira, os programas de melhoramento da cultura no Brasil, adotam estratégias baseadas em métodos clássicos como seleção massal, seleção clonal e hibridações, visando produtividade e resistência a doenças (EMBRAPA, 2014; Ritchel et al., 2018).

Diferentes estudos constataram que espécies de *Vitis* de origem americana (*V. riparia*, *V. cinerea*, *V. labrusca*, *V. rupestris*, *V. berlandieri*, *V. lincecumii* e *Muscadinia rotundifolia*) possuem maior resistência ao míldio do que as europeias (*V. vinifera*) (Kortekamp & Zyprian, 2003; Unger et al., 2007, Cadle-Davidson, 2008; Diez-Navajas et al., 2008; Camargo et al., 2010).

Por outro lado, cultivares europeias produzem frutos de qualidade superior, tanto para consumo *in natura* quanto para produção de vinhos e outros processados (Rizzon et al., 1994; Camargo et al., 2005; Maia & Ritschel, 2015). A existência de bancos de germoplasma com espécies resistentes e ampla variabilidade genética, possibilitam que os programas de melhoramento explorem os cruzamentos entre espécies visando o desenvolvimento de cultivares produtivas e resistentes a doenças (Oliveira et al., 2005).

Para se desenvolver genótipos resistentes ao míldio, com boa produtividade para as condições do Norte Fluminense, faz-se necessário, conhecer e explorar a variabilidade genética disponível, dentro de um programa de melhoramento, o que requer a caracterização e avaliação da diversidade de germoplasma ou de populações segregantes provenientes de cruzamentos interespecíficos.

As estimativas de parâmetros genéticos são fundamentais para compreender a ação dos genes envolvidos no controle de determinada característica, sendo caracterizada como uma importante ferramenta para melhoristas por permitirem prever o ganho genético com a seleção e planejar as estratégias que melhor se adequem ao melhoramento (Cruz et al, 2012; Viana & Resende, 2014; Santos et al., 2015).

Dentre os métodos que podem ser utilizados para a obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos, destaca-se a metodologia REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear não Viciada). Esse procedimento confere maior acurácia e precisão às estimativas, especialmente aquelas obtidas de ensaios desbalanceados, situação comum quando se dispõe de grande número de plantas. Na prática, os componentes de variância devem ser estimados com a maior precisão possível, visando à seleção baseada nos maiores valores genéticos individuais (Resende, 2002; Viana & Resende, 2014; Resende et al., 2016).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro possui um programa de melhoramento genético na cultura da videira. Os trabalhos iniciais

foram desenvolvidos com intuito de estimar os parâmetros genéticos e selecionar híbridos interespecíficos de *Vitis* spp. quanto a resistência ao nematoide *Pratylenchus brachyurus*. Atualmente, são desenvolvidos trabalhos em três linhas de pesquisa, sendo elas: resistência ao Míldio da Videira (*Plasmopara viticola*), estabelecimento e multiplicação *in vitro* e caracterização fisiológica de híbridos interespecíficos (Santos et al., 2018, Santos et al., 2019a, Santos et al., 2019b)

Neste sentido, os objetivos do presente trabalho foram estimar os parâmetros genéticos de uma população segregante de *Vitis* spp. e selecionar híbridos resistentes ao míldio da videira. Os dados de severidade do míldio serviram de base para determinação da Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD) e da severidade máxima ($S_{m\acute{a}x}$). Foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos a partir da AACPD e da $S_{m\acute{a}x}$ para direcionar futuros trabalhos de melhoramento da videira na Universidade Estadual do Norte Fluminense.

2. OBJETIVOS

2.1. Geral

Selecionar híbridos interespecíficos de *Vitis spp.* resistentes ao míldio da videira.

2.2. Específicos

- a. Determinar a resistência de híbridos interespecíficos de *Vitis spp.* ao míldio da videira;
- b. Estimar componentes de variância e os parâmetros genéticos de uma população segregante de videiras, via REML;
- c. Selecionar híbridos de *Vitis spp.* resistentes ao míldio com base nos valores genotípicos obtidos pela avaliação em duas épocas distintas pelo método BLUP.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. A cultura da videira

O centro de origem das videiras cultivadas nos dias de hoje é o território da atual Groelândia, e posteriormente se dispersou nas direções Américo-asiática e Euro-asiática. As videiras pertencem à família Vitaceae, compreendendo 19 gêneros e 1.126 espécies, sendo que o gênero *Vitis* foi o primeiro a ser cultivado, possui grande importância econômica e o único com frutos comestíveis (Reynier, 1995; Galet, 1998; Costa et al., 2017). Morfologicamente, o gênero caracteriza-se por apresentar plantas trepadeiras, perenes podendo ser monóicas ou dióicas. As inflorescências podem ser hermafroditas perfeitas, masculinas ou femininas, estando localizadas do lado oposto as folhas.

O gênero *Vitis* possui pouco mais de 70 espécies que se dividem em duas seções, sendo elas: a seção *Euvitis Planch*, que engloba as videiras verdadeiras ($2n=38$), tendo como representantes as espécies americanas (*Vitis labrusca*, *V. berlandieri*, *V. riparia*, *V. aestivalis*, dentre outras) e a espécie europeia (*Vitis vinifera*), a segunda é a seção *Muscadinia Planch* ($2n=40$) com apenas três espécies (*Vitis rotundifolia*, *V. munsoniana* e *V. popenoei*) (Galet, 1998; Peixoto et al., 2006).

Híbridos entre *Muscadinia* e *Euvitis*, normalmente não são viáveis, no entanto, tem-se obtido resultado satisfatório entre *Muscadinia rotundifolia* e várias espécies de *Vitis*, constituindo uma importante fonte de alelos de resistência a

doenças (Galet, 1998). Além disso, a qualidade de frutos de *M. rotundifolia* tem melhorado através de cruzamentos com *V. vinifera*. Do ponto de vista econômico, as espécies do gênero *Vitis* podem ser agrupadas em três grupos: o americano, o europeu e os híbridos.

As variedades da espécie *V. vinifera*, grupo europeu, são as mais plantadas mundialmente e caracterizam-se por apresentarem frutos de melhor qualidade com ampla diversidade morfológica e genética, entretanto possuem elevada exigência climática e por isso são recomendadas para regiões de clima seco, com baixa umidade relativa e maior índice de insolação (Camargo & Maia, 2008; Camargo et al., 2010; Neto & Sousa, 2018).

Já as espécies do grupo americano, *V. labrusca* são as mais plantadas no Brasil por serem consideradas de cultivo mais fácil, devido a sua maior rusticidade, resistência a pragas e doenças fúngicas além de suportar melhor as condições climáticas do país, que geralmente, possui alta umidade (Peixoto et al., 2006; Camargo et al., 2010; Neto & Sousa, 2018).

As videiras híbridas são oriundas do cruzamento de diferentes espécies sendo caracterizadas por possuírem maior resistência a pragas e doenças do que as *V. vinifera*, e por produzirem frutos com melhores características organolépticas do que as americanas (Peixoto et al., 2006; Regina et al., 2006; Leão et al., 2017).

As videiras do grupo europeu (*V. vinifera*) adquiriram grande importância econômica ao longo do tempo, especialmente devido à qualidade superior na produção de sucos, vinhos, passas e consumo *in natura*, enquanto que as videiras americanas têm importância, principalmente, no melhoramento genético visando resistência a doenças, como filoxera (*Daktulosphaira vitifoliae*), oídio (*Uncinula necator*) e míldio (*P. viticola*) (Alleweldt et al., 1990; Leão & Borges, 2009; Leão et al., 2017).

Os cruzamentos e mutações naturais tiveram importante papel na evolução das videiras cultivadas, porquanto foi grandemente beneficiado pela possibilidade de propagação vegetativa, viabilizando a exploração destas características ao longo do tempo, com variações perceptíveis em bagas, flores e folhas, aumentando ainda mais o número de cultivares plantadas (This et al., 2006; Ritschel et al., 2018).

Atualmente, as videiras da espécie *V. vinifera* são as mais cultivadas em todo o mundo, entretanto sua disseminação só foi possível graças às hibridações com diferentes espécies do gênero, como ocorrido na América do Norte, América Central e no Japão. Isso culminou numa série de híbridos com as mais diferentes características, tais como: resistência a baixa temperatura, a doenças, dentre outras diversas características morfológicas (Alleweldt & Possingham, 1988; Guerra et al., 2005; Nascimento, 2018).

3.2. Melhoramento da Videira visando resistência

Segundo dados arqueológicos, os primeiros relatos sobre a transição da vinha silvestre para a cultivada são datados entre 7000 e 5000 a.C., onde foram encontradas sementes de *Vitis vinifera* spp. *vinifera*, sendo assim, considera-se que os cultivos foram iniciados 6000 a.C. (Amaral, 2000). Acredita-se que os primeiros cultivos tiveram início no sul da Ásia Menor, região localizada entre o Mar Cáspio e o Mar Negro. Para os botânicos esta região é considerada o centro de origem da espécie *Vitis vinifera* (Winkler, 1965).

A viticultura possui enorme importância econômica para a civilização, onde a apreciação da fruta ocorria tanto *in natura* quanto processada, como no caso de vinhos. O início do cultivo pode estar relacionado à necessidade de maiores produções para atender a demanda crescente da população.

Com o aumento da demanda, houve a necessidade de selecionar cultivares cada vez mais produtivas, resistentes a doenças, e com padrões de qualidade que atendessem as exigências do mercado consumidor, e a partir disso, começaram a surgir programas de melhoramento de videiras, que está relacionado com os primeiros cultivos implantados (Pommer, 2003).

Em 1860, na França, ocorreu a morte de milhares de plantas devido a uma doença denominada filoxera, que é transmitida por um pulgão subterrâneo, este evento promoveu grandes mudanças no cultivo da uva (Giovannini, 2001). Na época, pesquisadores buscando contornar os problemas causados pelo pulgão, constataram que havia uma relação simbiótica dos mesmos com videiras de origem americana (*V. riparia* e *V. rupestris*), possibilitando a utilização desta espécie como fonte de resistência (Pommer, 2003).

Em meados do século 19, passaram a realizar a hibridação interespecífica para obtenção de porta-enxerto resistente ao patógeno, não provocando a depreciação da qualidade dos frutos (Leão & Borges, 2009). Posteriormente começaram a surgir novos híbridos interespecíficos de videira visando resistência a diferentes doenças, como míldio (*Plasmopara viticola*) e oídio (*Uncinula necator*) (Camargo et al., 2008).

Após o século 20, com o surgimento dos fungicidas e depreciação da qualidade de frutos decorrente das hibridações e conseqüentemente dos vinhos, as cultivares tradicionais voltaram a ser utilizadas nos plantios e melhoradas através da seleção clonal (Camargo et al., 2008).

No Brasil, as duas principais instituições que realizam melhoramento em videiras são a EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) pelo Centro Nacional de Pesquisa da Uva e Vinho, e o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC). Sendo que o IAC foi o pioneiro no melhoramento visando à produção de cultivares para mesa, para vinho e porta-enxertos (Leão & Borges, 2009).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro possui atualmente um programa de melhoramento da cultura da videira com ênfase na resistência a nematoide *Pratylenchus brachyurus* e ao fungo *Plasmopara viticola*.

Os primeiros trabalhos do referido programa, teve início com a introdução de germoplasma oriundo da Universidade da Califórnia em Davis, os trabalhos versaram com foco na avaliação da diversidade genética de diversos híbridos, avaliação para a resistência ao nematóide, estabelecimento desses híbridos *in vitro* e análises fisiológicas para relações hídricas, com vistas à utilização destes híbridos como novos porta-enxertos (Santos et al., 2018; Santos et al., 2019a; Santos et al., 2019b).

De maneira geral, os programas de melhoramento visam à obtenção de cultivares com resistência a doenças e de frutos com boas características organolépticas. As cultivares da espécie *V. vinifera* possuem maior importância econômica no cenário mundial e são caracterizadas como uvas finas para mesa por produzirem bagas grandes e de polpa firme, de qualidade superior. No Brasil é representada, principalmente, pela cultivar Itália.

Maior sensibilidade ao clima, baixa fertilidade das gemas e maior suscetibilidade a doenças fazem com que o cultivo de genótipos da espécie *Vitis*

vinifera seja restrito, em ambientes tropicais. Os programas de melhoramento trazem como proposta, o desenvolvimento de frutos com qualidade de *V. vinifera*, aliada à resistência presente em *V. labrusca* e outras espécies, possibilitando redução de custos de produção (Camargo, 1997).

As uvas do tipo *labrusca* ou também denominadas uvas comuns, são amplamente cultivadas no Brasil devido a maior facilidade no manejo e por possuírem dupla finalidade, tanto para mesa quanto para o processamento. Segundo dados do IBRAVIN (2018), cerca de 90% das uvas processadas nas indústrias gaúchas, principal estado produtor do Brasil, são da espécie *Vitis labrusca*. Dentre os fatores que promovem o maior cultivo das videiras comuns, destacam-se a alta produtividade e elevada resistência a doenças. Além disso, possuem excelente aceitação por parte do consumidor brasileiro, tanto para consumo *in natura* quanto para sucos e vinhos (Maia & Camargo, 2005).

A seleção de indivíduos com as melhores características já era realizada desde a implantação dos primeiros cultivos na Europa, através da seleção clonal, o que permitia a propagação de plantas idênticas à mãe. No Brasil, atualmente, além da seleção clonal, hibridações em videiras têm proporcionado a obtenção de cultivares que possuem simultaneamente várias características desejáveis, como adaptação a diferentes ambientes, produtividades, resistência a pragas e doenças, e qualidade de acordo com a preferência do mercado (Ritschel et al., 2008). As hibridações visam agrupar fenótipos desejáveis que são observados em dois ou mais indivíduos diferentes. Através do cruzamento entre os indivíduos é gerada uma população segregante na qual se pratica a seleção da progênie que possui todas ou a maioria das características desejáveis.

As instituições de melhoramento genético da videira no Brasil têm conseguido desenvolver cultivares visando atender a demanda do mercado interno e externo, dentre os últimos produtos lançados no mercado, destaca-se a cultivar Isis, lançada no ano de 2013. Esta cultivar caracteriza-se por possui frutos sem sementes, de coloração vermelha, sabor neutro agradável e é destinada para consumo *in natura*. A uva é vigorosa e fértil, com produtividade média de 25 t/ha/ciclo, com teor de açúcares variando de 16°Brix a 21°Brix. É originária do cruzamento entre 'CNPUV 681-29' ['Arkansas 1976' X 'CNPUV 147-3' ('Niágara Branca' X 'Vênus')] X 'BRS Linda', como destaque, a cultivar apresenta alto grau

de tolerância a doenças fúngicas, e como diferencial possui resistência ao míldio da videira (Ritschel et al., 2015).

Outra cultivar lançada em 2012 pela EMBRAPA foi a 'BRS Vitória', caracteriza-se por apresentar frutos formato esférico, coloração preto-azulada, com película grossa e resistente, de sabor aframboesado e agradável, sem sementes. Além disso, destaca-se por ser tolerante ao míldio e ser muito valorizada nos mercados internos e externos. A 'BRS Vitória' foi à primeira cultivar brasileira sem sementes e tolerante ao míldio, sendo originada do cruzamento entre 'CNPUV 681- 29' e 'BRS Linda', podendo atingir produções de até 30 t/há, ainda possui boa tolerância à rachadura de bagas (Leão & Lima, 2016).

As últimas duas cultivares lançadas pela EMBRAPA no ano de 2019 foram BRS Melodia e BRS Bibiana. A cultivar Melodia possui tolerância média ao míldio da videira, ao oídio e as podridões do cacho e alta tolerância à antracnose. É adaptada ao clima da Serra Gaúcha e se caracteriza por não ter sementes e por possuir coloração rosada, com sabor de mix de frutas vermelhas. Já a cultivar Bibiana apresenta cor branca e com características desejáveis para produção de vinhos. Seu diferencial é o alto conteúdo de açúcares, principalmente no final do ciclo, dentre os fatores fitossanitários, destacam-se a resistência mediana ao míldio e ao oídio, sendo altamente suscetível a podridão da uva madura (EMBRAPA, 2019).

3.3. Míldio da videira

O míldio da videira é uma doença causada pelo pseudofungo *P. viticola* (Berk & Curtis). Berl. & de Toni, que pertence ao Reino Chromista, Filo Oomycota, classe Peronospora e família Peronosporaceae. O míldio é um parasita obrigatório que possui a capacidade de infectar todos os órgãos verdes das plantas suscetíveis, como folhas, bagas, caules e gavinhas, sendo mais severo em regiões de clima quente e úmido (De Bem et al., 2016; Atak et al., 2017).

O pseudofungo *Plasmopara viticola* possui como centro de origem a região Norte Americana, e foi introduzida na Europa, mais precisamente na França, durante a importação de porta-enxertos resistente a filoxera (*Daktulosphaira vitifoliae*) no século XIX e, atualmente, encontra-se amplamente disseminada pelo mundo (Moreira et al., 2011; Schwander et al., 2011).

Em relação à reprodução do patógeno, sabe-se que esta pode ser de duas maneiras, a sexuada, entre indivíduos diploides, ocorrendo à formação de zoósporos, o que permite a sobrevivência em condições de clima temperado e/ou a fase assexuada, que é responsável pela ocorrência de vários ciclos da doença durante o desenvolvimento da cultura (Kennelly et al., 2007; Agrios, 2005).

As infecções das plantas ocorrem pelos estômatos, por onde zoósporos emitem tubo germinativo, produzindo micélio cenocítico intercelular, com haustórios que absorvem substâncias nutritivas das folhas. Com o estabelecimento da infecção, ocorre a frutificação constituída de esporângios, podendo ser policíclica, sendo esta a fase assexual da doença (Agrios, 2005). Em ambiente com condições ótimas, temperatura de 20°C a 25°C, umidade superior a 90% e água livre na folha, o patógeno tem desenvolvimento favorecido.

Os sinais da doença são observados quando o micélio atravessa os estômatos se projetando para o meio externo, podendo ser visualizado em microscópio, a formação de esporângios e esporangióforos, que compõem a estrutura observada na parte de baixo de folhas contaminadas. Os esporângios e zoósporos podem ser disseminados pelo vento e pela água dentro de uma mesma planta ou para plantas vizinhas. Já a disseminação a longa distância é feita pelo transporte de matéria vegetal contaminado e ao atingir folhas saudáveis, na presença de condições ambientais adequadas, o processo infeccioso é iniciado (Amorim & Kuniuki, 2005).

Os primeiros sintomas a serem observado são caracterizados pela mancha-de-óleo, de coloração clara, na parte adaxial das folhas, na parte abaxial, é possível observar estruturas esbranquiçadas que são os esporangióforos com esporângios que saem dos estômatos. As áreas lesionadas adquirem coloração amarronzada devido à morte celular e em condições mais severas de ataque acontece à queda prematura das folhas. No estágio inicial do florescimento, o míldio causa o escurecimento e a queda das folhas. Durante a pré-floração e em pequenas bagas, o fungo paralisa a passagem de fotossimilados e água para estas partes e provoca a seca dos mesmos. As épocas mais drásticas para a videira são no início da floração e na formação das bagas (AGRIOS, 2005).

Atualmente o controle do míldio é realizado preventivamente, se iniciando com a seleção de áreas adequadas. Diversas medidas devem ser tomadas para controle das doenças, dentre elas, medidas que aumentem a aeração no interior

da copa, como disposição espacial dos ramos por meio de podas (De Bem, 2014). No entanto, a principal forma de controle do míldio é mediante a aplicação de fungicidas e a utilização de cultivares resistentes (Kishino et al., 2007; Tessmann et al., 2007; Buonassisi et al., 2017; Sánchez-Mora et al., 2017).

Fontes de resistência ao míldio já foram identificadas em espécies silvestres americanas e asiáticas (Alleweldt & Possingham, 1988; Eibach et al., 2010; Wan et al., 2007; Jürges et al., 2009). As espécies americanas normalmente possuem alelos favoráveis para serem utilizados em programas de melhoramento genético da cultura visando desenvolvimento de híbridos resistentes à *P. viticola*, e o que se observa é que a herança desta característica é quantitativa. (Eibach et al., 1989; Moreira et al., 2011). Estudos revelaram que as cultivares *V. vinifera* são altamente suscetíveis, entretanto produzem frutos de qualidade superior, enquanto que as espécies americanas e da seção Muscadinia possuem diferentes graus de resistência ao míldio da videira (Jürges et al., 2009).

Portanto, espécies silvestres são fontes de resistência para muitas doenças e estresses ambientais (Moreira et al. 2011). E normalmente descendentes férteis têm sido gerados a partir de cruzamentos entre *V. vinifera* de diferentes espécies silvestres de *Vitis* originárias das América do Norte, América Central e Ásia ocidental (Alleweldt & Possingham, 1988; Moreira et al. 2011).

3.4. Metodologia dos modelos mistos aplicado ao melhoramento de plantas

A metodologia dos modelos mistos foi inicialmente proposta por Henderson (1949), sendo utilizada no melhoramento genético de animais. Denomina-se modelo misto quando se possui um ou mais efeitos fixos, além da média geral, e um ou mais efeitos aleatórios, além do erro experimental. Tal modelo permite adaptar, simultaneamente, os efeitos fixos e aleatórios. Assim, permite estimar os efeitos fixos e fazer previsões para os efeitos aleatórios (Candido, 2009). Existindo um modelo específico para cada situação, com suas estruturas de médias e variâncias, estimadores e preditores associados aos delineamentos experimentais e cruzamentos empregados no melhoramento genético.

As técnicas para estimativa dos parâmetros genéticos são fundamentais nos programas de melhoramento, pois direcionam as estratégias e permitem maiores

ganhos devido à predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção, viabilizando seleções com maior acurácia (Resende, 2000). A adoção de técnicas adequadas permite potencializar os ganhos que serão gerenciados eficientemente pelos programas de melhoramento. Portanto, é fundamental a aplicação de metodologias que aumente a acurácia das seleções (Laviola et al., 2010).

O sucesso do melhoramento depende da escolha adequada dos indivíduos que serão utilizados como genitores no programa (Cruz et al., 2012). Uma das formas de identificar indivíduos que possuem genes desejáveis e a forma com que esses genes são transmitidos para as gerações seguintes são por meio da estimativa dos parâmetros genéticos dos indivíduos. A seleção deve ser feita com base nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação. Dessa forma, torna-se necessária a obtenção da estimativa da variância genética aditiva para a predição de ganhos (Rocha et al., 2006).

A avaliação genotípica compreende a estimação de componentes de variância e a predição dos valores genotípicos. Para isso são necessárias experimentações de campo, o que comumente, pode estar associada à obtenção de dados desbalanceados (Farias Neto et al., 2009), em função disso e da necessidade de inferências em nível genético e não fenotípico, o procedimento ótimo de avaliação genotípica refere-se ao REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não-viciada). A predição de valores genéticos usando o BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos na população-base não selecionada. Entretanto, na prática, não se conhecem os verdadeiros valores dos componentes de variância, que são estimados com o procedimento REML, que itera nas equações de modelos mistos do procedimento BLUP (Rocha et al., 2006).

Estes procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento, conduzindo a estimações e predições de parâmetros genéticos e valores genéticos, respectivamente. O procedimento BLUP maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior ou, pelo menos, igual a qualquer outro método (Resende, 2002; Farias Neto et al., 2009).

As principais vantagens práticas da metodologia REML/BLUP na estimação simultânea de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos são: permiti comparar indivíduos ou variedades em diferentes épocas (gerações e anos) e

espaço (locais e blocos); não exige coletas de dados sob estruturas rígidas de experimentação; permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); pode ser aplicado a dados desbalanceados; permite utilizar simultaneamente grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais concisas (Resende, 2002).

Os procedimentos analíticos dos modelos mistos têm ganhado grande aplicação no melhoramento de plantas, em especial, de espécies florestais. Para essas espécies, têm-se o relato de trabalhos com o eucalipto, visando à estimação dos valores genéticos e seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos (Rocha et al., 2006); com seringueira tendo em vista a seleção simultânea para porte baixo e alta produção de látex (Costa et al., 2008); com pinhão-manso para seleção de indivíduos entre e dentro de famílias de meios-irmãos (Laviola et al., 2010).

Em fruteiras, citam-se estudos recentes com mamão de Oliveira et al., 2012, Vivas et al., 2014, Cardoso et al., 2017 e Moreira et al., 2018. Além deste, há relatos de trabalhos com cupuaçu (Alves et al., 2008), maracujá (Santos et al., 2015) e uva (Santos et al., 2018).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Localização

O experimento foi conduzido na Unidade Experimental da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, localizada na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, Norte do Estado do Rio de Janeiro, de latitude 21°45' S e longitude 41°20' W, altitude de 25 metros. O Clima é classificado como Tropical úmido (Aw), segundo classificação Köppen, com precipitação média anual de 1023 mm e temperatura média de 23° C.

4.2. Populações avaliadas

Os genitores selecionados para compor os cruzamentos avaliados são oriundos do Banco de Germoplasma da University of Califórnia, Davis – EUA. Foram selecionados 7 genótipos de *Vitis* spp. para constituir 5 cruzamentos, sendo eles: C166-043 (*Vitis romanetii*), 07355-075 (*V. vinifera*), 06354-047 (*V. vinifera/V. rotundifolia*), Cereza (*V. vinifera*), Nocera (*V. vinifera*), 07371-25 (*V. vinifera*) e A96-16 (*V. vinifera*). (Tabela 1), que originaram 63 híbridos para avaliação (Tabela 2). A severidade do míldio foi avaliada também na cultivar comercial BRS Vitória, sendo caracterizada como resistente ao míldio da videira e, portanto, utilizada com referência.

Tabela 1. Identificação dos cruzamentos em espécies de *Vitis* spp. utilizados na avaliação para resistência ao míldio da videira *P. viticola*, provenientes do Banco de Germoplasma da University of Califórnia, Davis – EUA.

Cruzamentos	Identificação dos cruzamentos	Número de híbridos avaliados
<i>Vitis romanetti</i> C166-043 x 07355-075	CH1	5
06354-047 x Cereza	CH2	10
06354-047 x Nocera	CH3	45
A96-19 x 07371-25	CH4	1
<i>Vitis romanetti</i> C166-043 x Nocera	CH5	2
Total		63

^aGenitores procedentes do Banco de Germoplasma da University of Califórnia, Davis – EUA. CH1 CH2 CH3 CH4 e CH5: híbrido do cruzamento 1, 2, 3, 4 e 5, respectivamente.

Tabela 2. Identificação dos genitores e cruzamentos em espécies de *Vitis* spp. utilizados na caracterização morfológica e avaliação para resistência ao *P. viticola*, provenientes do Banco de Germoplasma da University of Califórnia, Davis – EUA.

Genitores ^a	Características
07355-075 (<i>V. vinifera</i>)	- Apresenta bagas grandes, sendo <i>V. vinifera pura</i> , pertencente ao um importante background de uvas de mesa.
<i>Vitis romanetti</i> C166-043 (<i>V. romanetii</i>)	- Fonte de resistência ao míldio de origem de <i>V. romanetii</i> que tem um alelo de resistência já bem caracterizado (herança monogênica).
Nocera (<i>V. vinifera</i>)	- Tem origem em populações de uvas de mesa. Nocera pode estar identificada de forma incorreta, mas tem bagas grandes e com boa qualidade de sabor.
Cereza (<i>V. vinifera</i>)	- É um genótipo com bagas grandes; é <i>V. vinifera</i> pertencente a uma casta uvas de mesa de alta qualidade.
06354-047 (<i>V. vinifera</i> x <i>V. rotundifolia</i>)	- Apresenta bagas grandes, pertencente a um importante background de uvas de mesa. É originado do cruzamento entre el-78 x Chenin Blanc. el-78 é uma geração avançada de <i>V. vinifera/ V. rotundifolia</i> de Olmo (Texas).
A96-19	- Tem naturalmente bagas grandes (sem a aplicação da GA3); é uma seleção de uvas de mesa sem sementes.
07371-25	- É um F2-35 (planta com flores feminina, pura <i>V. vinifera</i> , sendo de origem da Ruby Cabernet (cruzamento entre Carignane x Cabernet Sauvignon) x U0502-26 (A81-138 x Chardonnay). A81-138 é uma variedade de mesa Vinífera que foi cruzada com um acesso de <i>V. arizonica</i> que é fonte de resistência a Pierce Disease - F8909-17.

4.3. Manejo e condução experimental

Os híbridos foram clonados por meio de mini-estacas lenhosas e colocados para enraizar em vasos com capacidade para 1,9 litros, contendo solo e areia na proporção (2:1), sendo mantidos em casa de vegetação na Unidade de Apoio a Pesquisa da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – Campos dos Goytacazes. Depois de aclimatadas, as plantas foram plantadas diretamente no solo previamente corrigido, seguindo as recomendações propostas por Ribeiro et al. (1999) e conduzidas no sistema de espaldeira, no espaçamento de 0,60 m entre plantas e 2,00 metros entre linhas. Por serem híbridos oriundos de regiões com baixa incidência solar, o cultivo foi realizado sob Tela de Sombreamento de 70%. Cada planta foi irrigada por meio de um gotejador conforme a necessidade da cultura. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com três repetições e uma planta por parcela. Foram realizadas podas precedendo as avaliações com o objetivo de padronizar o material a ser analisado.

4.4. Avaliação da severidade, Estimativa da Área abaixo da Curva de Progresso da Doença e Severidade máxima.

As avaliações da severidade do míldio da videira foram realizadas em duas épocas distintas, sendo elas: abril/2018 a junho/2018 e de março/2019 a maio/2019. Para isso, foram selecionadas, aleatoriamente, três folhas completamente expandidas, sem sintomas iniciais do patógeno. A ocorrência da doença foi espontânea e a severidade da mesma, determinada pela porcentagem da área foliar lesionada, tendo como referência a escala diagramática proposta por Buffara et al., (2014), com intervalo entre avaliações de um dia (Figura 1).

Os dados de severidade forneceram informações para o cálculo da Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD) proposta por Shaner & Finney (1977), conforme a equação abaixo:

$$AACPD = \sum_{i=1}^{n-1} \left[\frac{(y_i + y_{i+1})}{2} \right] * (t_{i+1} - t_1)$$

Em que y_i e y_{i+1} são as porcentagens da área foliar lesionada observadas nas avaliações i e $i+1$; t_i e t_{i+1} correspondem ao tempo nos dias i e $(i+1)$ e n equivale ao número final de avaliações.

Os valores referentes às estimativas de severidade máxima foram obtidos mediante as observações da área foliar lesionada antes da abscisão foliar.

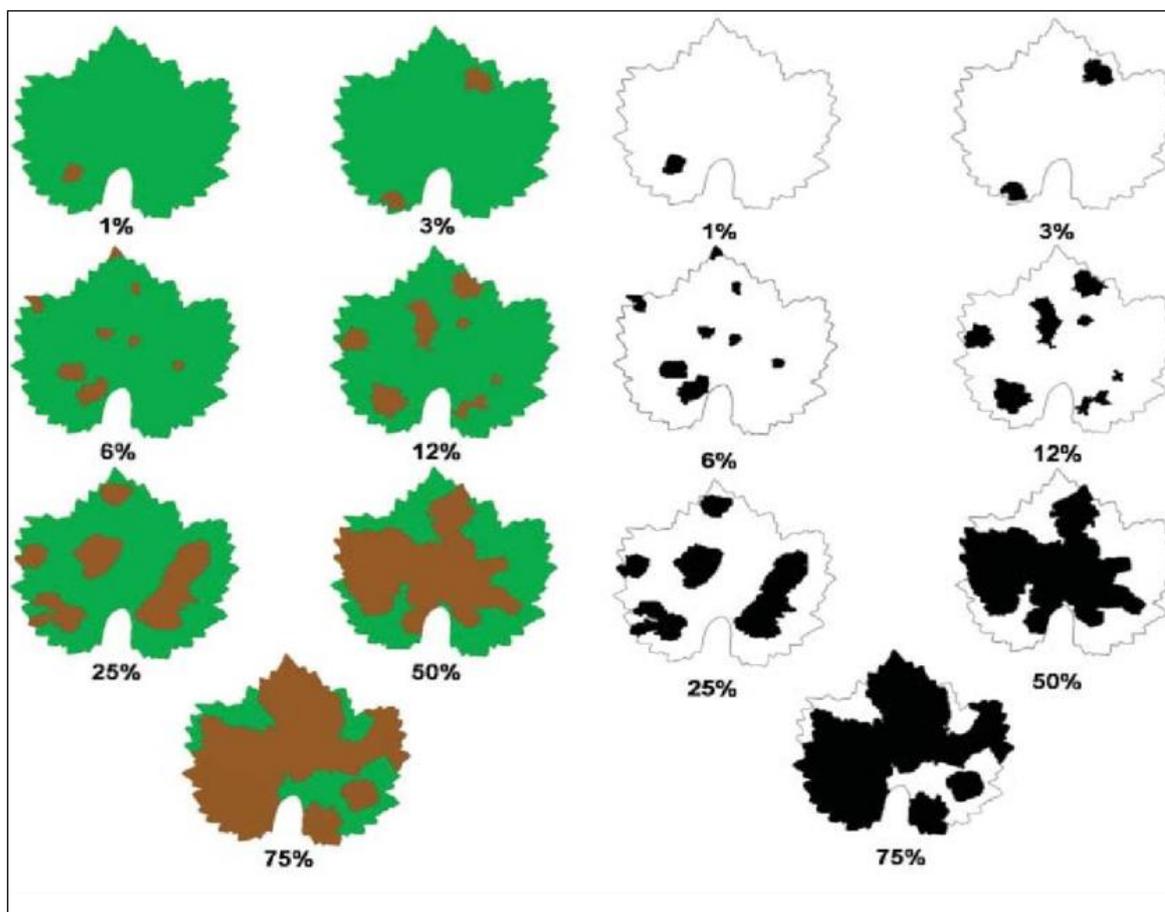


Figura 1. Escala diagramática para quantificação da severidade do míldio em videira, proposta por Buffara et al., (2014).

4.5. Estimativa dos parâmetros genéticos e seleção clonal

Para escolha do valor representativo de um clone, estimou-se o valor das respectivas variâncias das características por meio do procedimento RELM – Máxima Verossimilhança Restrita, aplicada ao modelo linear misto, na forma matricial, utilizado na avaliação de clones aparentados, no delineamento experimental em blocos ao acaso, com uma planta por parcela, como proposto por Viana e Resende (2014) é:

$$y = Xr + Za + Zd + Wi + e$$

Onde, em que y = o vetor de dados, r = o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a = o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios); d = o vetor dos efeitos genéticos de dominância (assumidos como aleatórios); i = vetor dos efeitos da interação genótipo x época (aleatórios); e e = o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

- σ_a^2 : variância genética aditiva;
- σ_d^2 : variância genética de dominância;
- σ_{int}^2 : variância da interação genótipo x época;
- σ_e^2 : variância residual;
- σ_f^2 : variância fenotípica individual;
- \hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito;
- \hat{h}_d^2 : herdabilidade individual dos efeitos de dominância;
- \hat{h}_g^2 : herdabilidade individual no sentido amplo;
- c_{2int} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x época;
- rg_{loc} : correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes;
- \bar{x} : média geral do experimento.

Os clones foram ranqueados com base nos valores genotípicos (u+g) estimados pelos BLUP – Melhor Predição Linear não viciada e escolhidos os vinte melhores (menores valores) para cada variável, sendo que dentre eles, apenas os que foram selecionados para ambas as variáveis serão utilizados nos trabalhos de melhoramento das videira da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Severidade dos sintomas em híbridos interespecíficos de *Vitis* com base na AACPD e Smáx

Durante o período das avaliações do experimento no campo, as temperaturas médias diárias variaram de 19,5 a 24,8°C e de 22,9 a 29,2°C na primeira (19/04 a 18/06 de 2018) e segunda (09/03 a 08/05 de 2019) época, respectivamente (Figura 2 e 3). O ponto de orvalho durante as avaliações oscilou entre 13,2 e 21,1°C na primeira e de 18,4 a 23,4°C na segunda (Figura 2 e 3). A pluviosidade total durante os períodos das avaliações foi de 52,2 mm e 124,8 mm, para os anos de 2018 e 2019, respectivamente (Figura 4 e 5). Sabe-se que a chuva favorece a disseminação do inóculo do patógeno, além de promover o aumento da umidade relativa do ar (Lafon & Clerjeau, 1988).

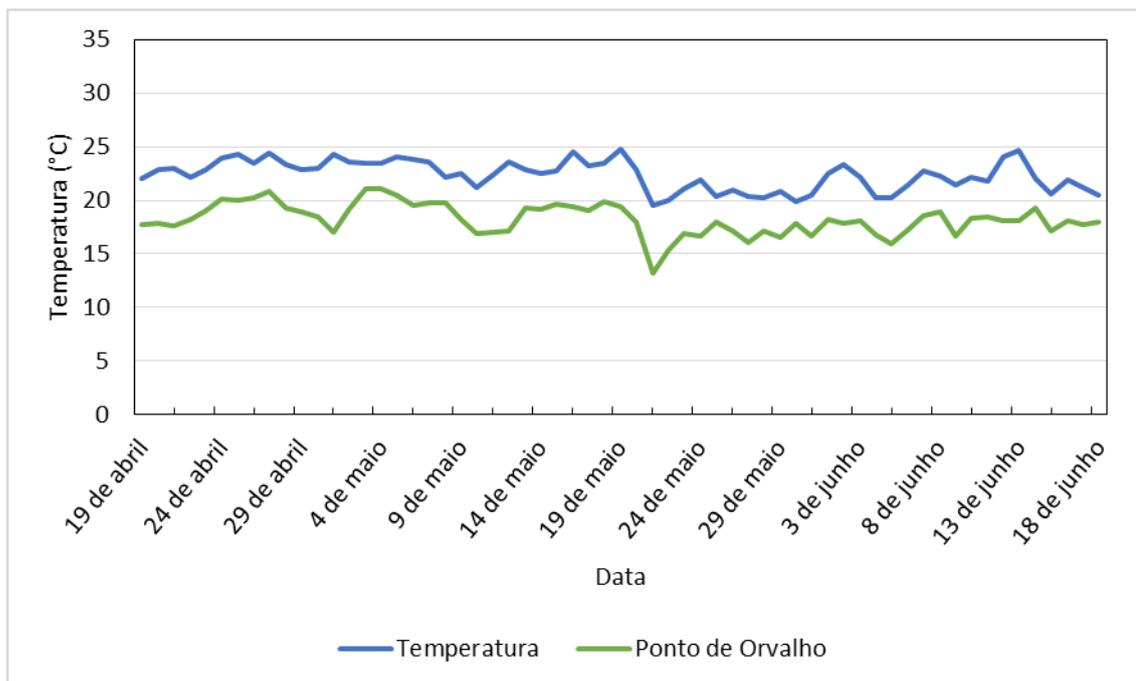


Figura 2. Dados climáticos relativos ao experimento de campo: Temperatura média e Ponto de Orvalho fornecido pelo Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), registradas na Estação Automática de Campos-RJ, no período de 19 de abril a 18 de junho de 2018.

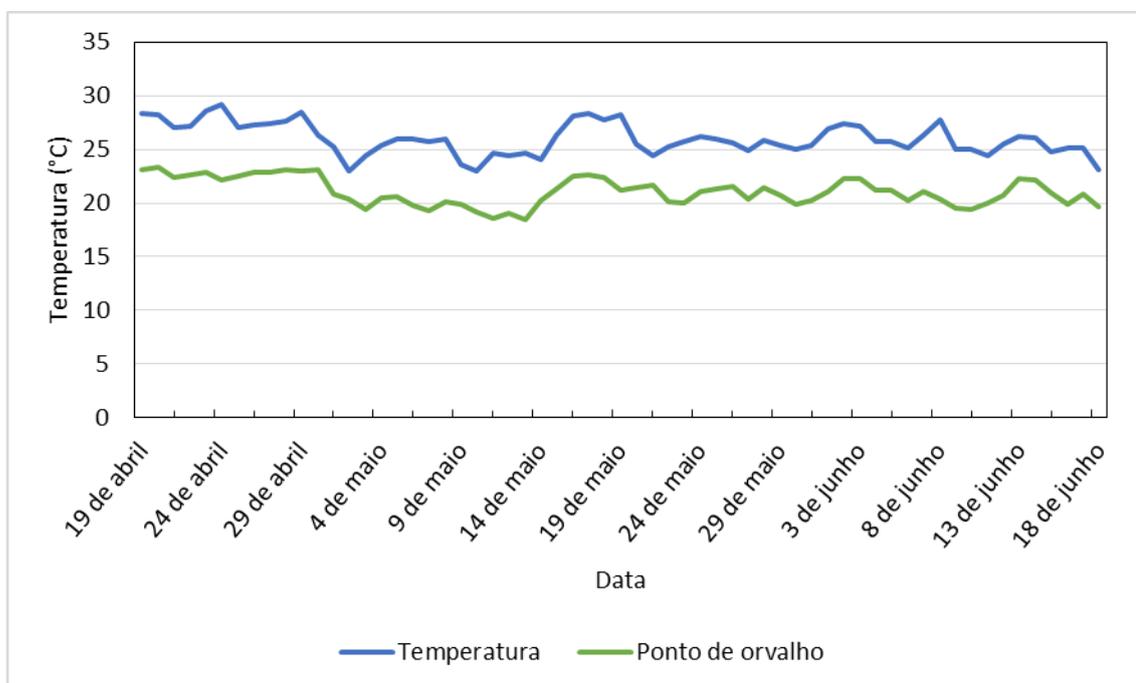


Figura 3. Dados climáticos relativos ao experimento de campo: Temperatura média fornecida pelo Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), registradas na Estação Automática de Campos-RJ, no período de 09 de março a 08 de maio de 2019.

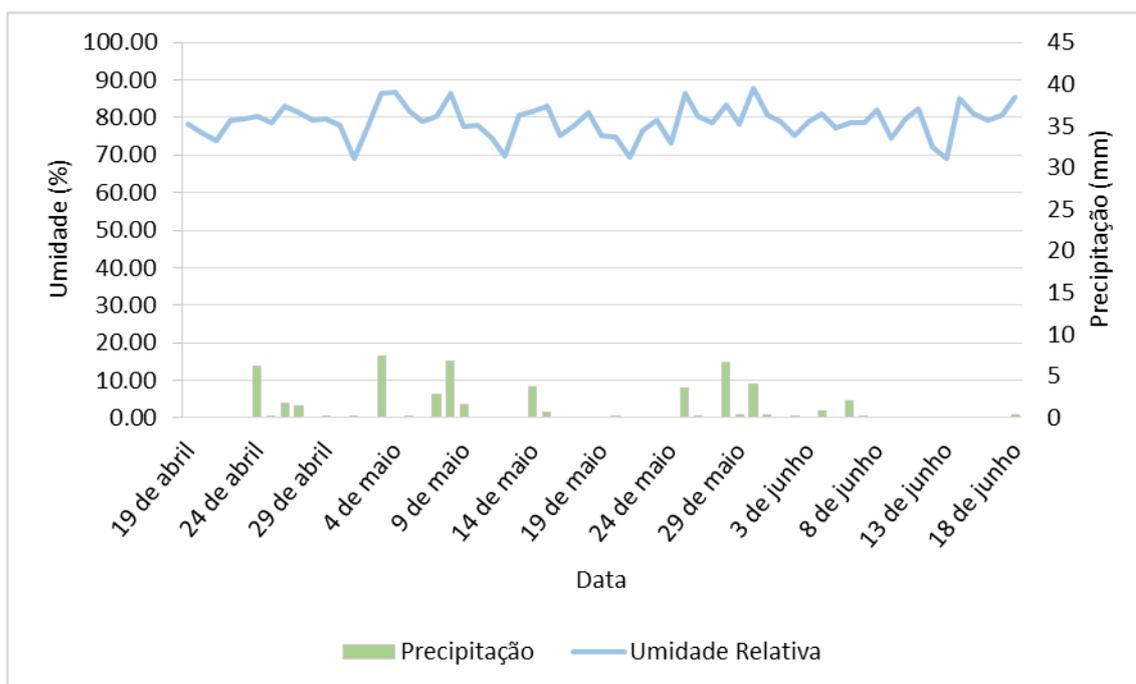


Figura 4. Dados climáticos relativos ao experimento de campo: Pluviosidade média e umidade relativa fornecida pelo Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), registradas na Estação Automática de Campos-RJ, no período de 19 de abril a 18 de junho de 2018.

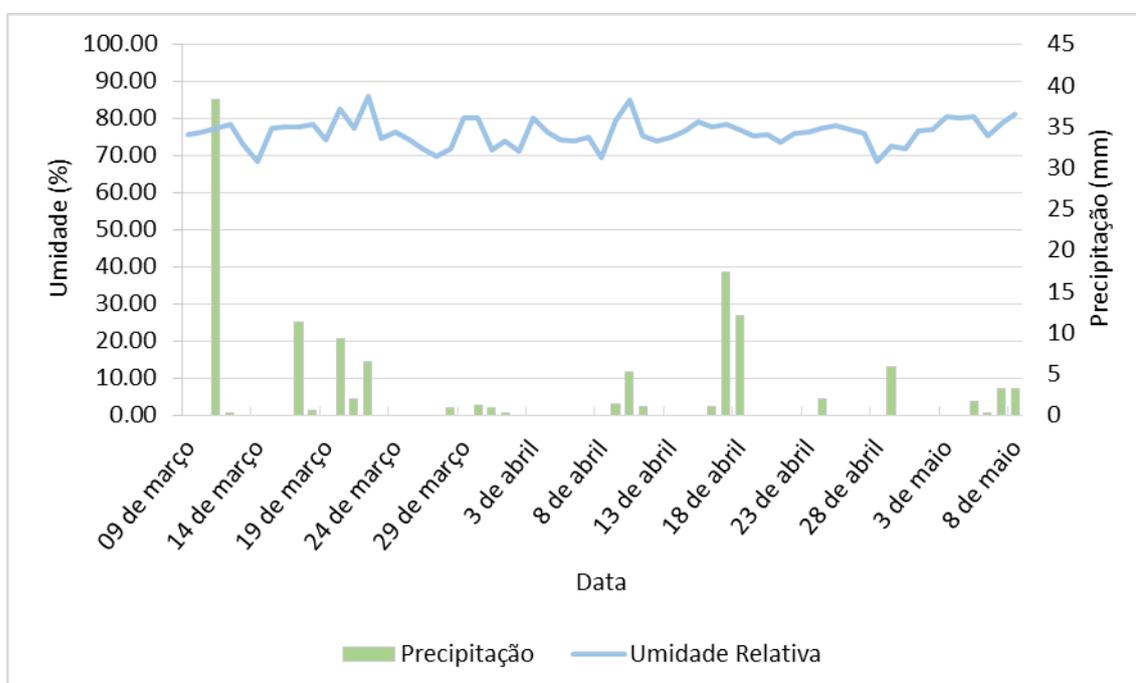


Figura 5. Dados climáticos relativos ao experimento de campo: Pluviosidade média e umidade relativa fornecida pelo Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), registradas na Estação Automática de Campos-RJ, no período de 09 de março a 08 de maio de 2019.

A umidade do ar é outro fator climático que possui grande influência sobre o patógeno sendo determinante na severidade e na incidência do mesmo, quando elevada, verifica-se maior esporulação do fungo e a severidade está relacionada ao período de molhamento foliar (Genta et al., 2010). Angelloti et al. (2008) verificaram que períodos longos de molhamento foliar e/ou umidade do ar acima de 70% em associação com temperaturas noturnas próximas a 20°C são favoráveis à ocorrência do míldio. Condições que propiciem a presença de água na folha como chuvas, orvalho, gutação, nevoeiros, bagas feridas ou irrigação são favoráveis ao desenvolvimento do míldio (Almança et al., 2015). No período em que as avaliações foram realizadas, verificou-se que no primeiro ano a umidade relativa média diária do ar variou entre 69,08 e 87,96%, no segundo ano este valor oscilou de 68,21 a 85,88% (Figura 4 e 5).

Após a instalação do experimento no campo, os primeiros sintomas do míldio da videira foram constatados aos 15 dias, sendo possível observar os sintomas em 16,85% das plantas. Os valores para AACPD e Smáx variaram, respectivamente, de 0 a 3068,00 e 0 a 86,67 na primeira avaliação e de 0 a 3146,67 e 0 a 80,56 para segunda avaliação (Figura 6 e 7).

Foram observadas diferenças na severidade dos sintomas do míldio entre os 63 genótipos de *Vitis* spp. avaliados em condições de ocorrência natural. Os sintomas observados foram desde plantas assintomáticas até plantas severamente lesionadas, sendo possível constatar áreas foliares cloróticas, necróticas e sinais do patógeno na face abaxial das folhas.

De maneira geral, observou-se que nas avaliações realizadas no ano de 2019, as estimativas da área abaixo da curva de progresso da doença e da severidade máxima foram maiores que no ano anterior (Figura 6 e 7). Almança et al. (2015) verificaram que a fonte de inóculo inicial do patógeno influencia a severidade dos sintomas em videiras. As condições ambientais também podem ter sido favoráveis à maior severidade dos sintomas, como constatado por Lima (2008).

Pode-se observar que os híbridos provenientes do cruzamento CH3, tiveram os maiores valores médios tanto para AACPD quanto para Smáx, nas duas épocas de avaliação, indicando maior suscetibilidade dos mesmos (Figura 7 e 8). Em contrapartida, os menores valores foram observados para os híbridos CH1.3 e CH3.27 para AACPD e Smáx, respectivamente, nas duas épocas de

avaliação sugerindo moderada resistência ao míldio. Por sua vez, o híbrido CH5.2 não manifestou sintomas da doença nas avaliações, indicando imunidade ao fungo.

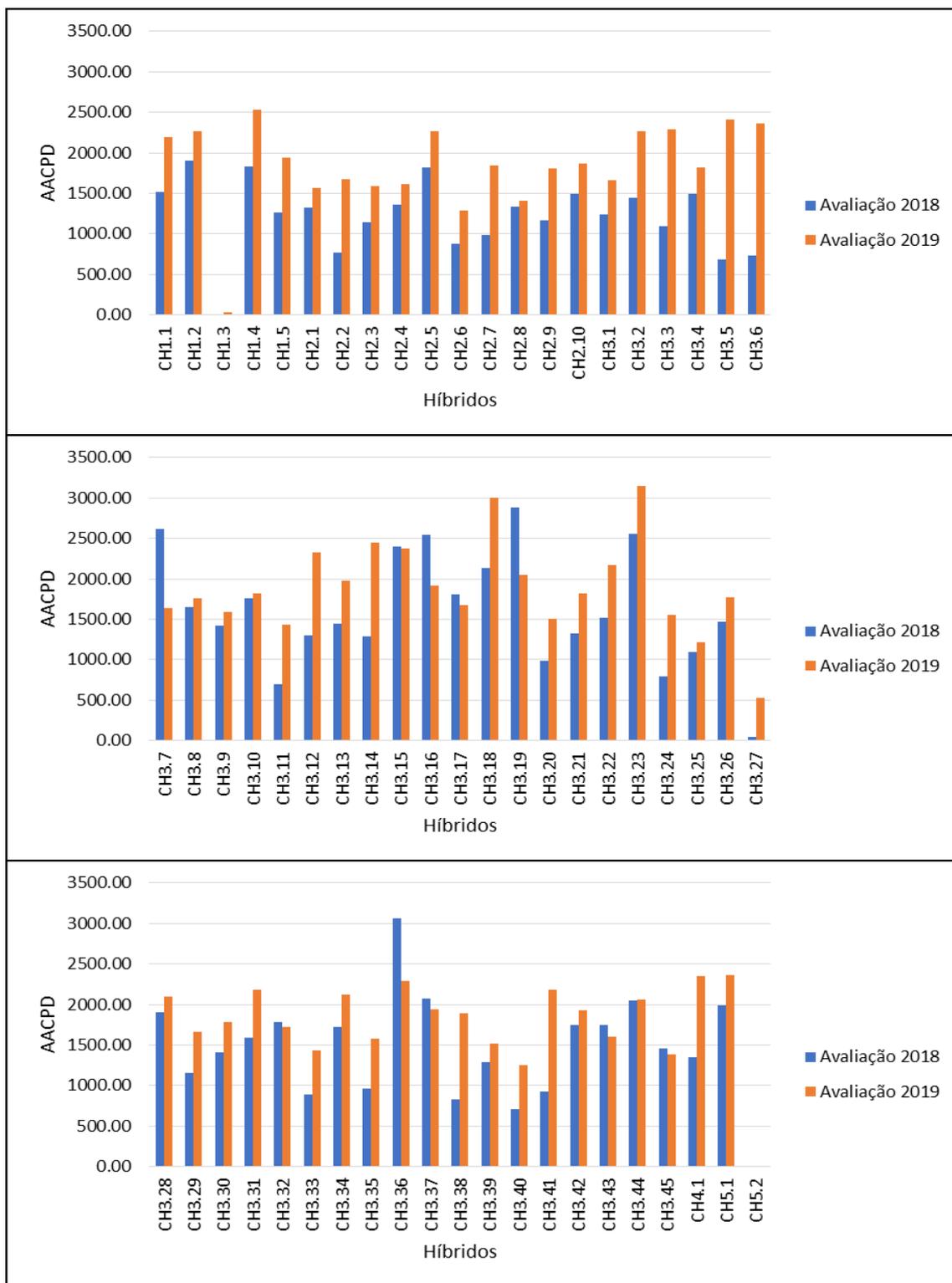


Figura 6. Área abaixo da curva de progresso da doença em híbridos interespecíficos de *Vitis* spp. oriundos dos cruzamentos entre *Vitis romanetti* C166-043 x 07355-075 (CH1), 06354-047 x Cereza (CH2), 06354-047 x Nocera (CH3), A96-19 x 07371-25 (CH4) e *V. romanetti* C166-043 x Nocera (CH5) com base na porcentagem da área foliar lesionada observada nas duas épocas de avaliação em Campos dos Goytacazes-RJ.

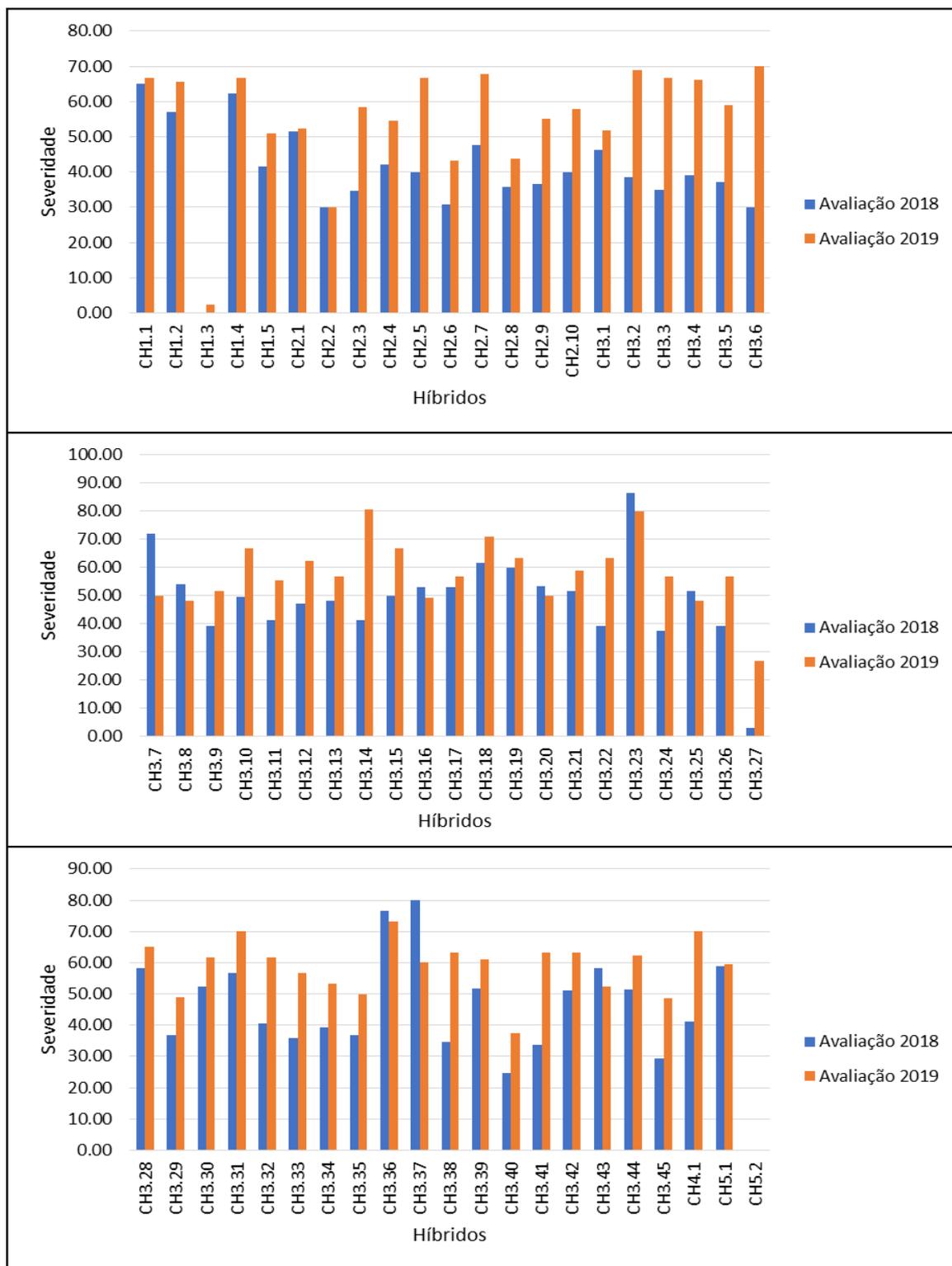


Figura 7. Severidade máxima dos sintomas causados pelo fungo *Plasmopara viticola* em híbridos interespecíficos de *Vitis spp.* oriundos dos cruzamentos entre *Vitis rotundifolia* C166-043 x 07355-075 (CH1), 06354-047 x Cereza (CH2), 06354-047 x Nocera (CH3), A96-19 x 07371-25 (CH4) e *V. rotundifolia* C166-043 x Nocera (CH5) com base na porcentagem da área foliar lesionada observada nas duas épocas de avaliação em Campos dos Goytacazes-RJ.

A estimativa da severidade com base em escalas diagramáticas é amplamente utilizada em programas de melhoramento genético visando à seleção de genótipos resistentes a doenças. Diversos autores têm utilizado com sucesso a escala diagramática proposta por Buffara et al. (2014) visando estimativa da severidade do míldio em videiras (Allebrandt et al., 2017; Angelotti, et al., 2017; De Bem et al., 2015; De Bem et al., 2018)

5.2. Estimativa dos parâmetros genéticos

Ao particionar a variância fenotípica verificou-se que a maior proporção da contribuição genética foi decorrente dos efeitos de dominância sendo de 244165,96 para AACPD e de 179,83 Smáx (Tabela 3). Por sua vez, a variância aditiva teve menor contribuição para os efeitos genotípicos totais tanto para AACPD (6887,06) quanto para Smáx (5,58) (Tabela 3). Conseqüentemente a magnitude dos valores para herdabilidade individual dos efeitos de dominância (50,34 e 52,83%) foram maiores quando comparados a herdabilidade relacionada aos efeitos aditivos (1,4 e 1,6%) para as variáveis AACPD e Smáx, respectivamente (Tabela 3). Isso pode ser explicado pela elevada heterozigose encontrada na videira decorrente da estrutura genética dos genótipos envolvidos nos cruzamentos realizados. Esses resultados corroboram com Santos et al. (2018) que avaliaram essa mesma população de híbridos interespecíficos de *Vitis* spp., para a resistência ao nematoide das lesões radiculares e verificaram maior contribuição da variância de dominância em relação a variância aditiva.

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para a variável: Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD) e Severidade Máxima de 63 clones de uma população de cruzamento interespecíficos de *Vitis* spp. para resistência ao fungo *P. viticola*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2019.

Componentes de Variância (REML Individual)	Características	
	AACPD	Smáx
σ_a^2	6887,0627	5,5790
σ_d^2	244165,9580	179,8272
σ_{int}^2	59087,8554	21,3314
σ_e^2	174834,9305	133,6643
σ_f^2	484975,8066	340,4021
\hat{h}_a^2	0,01420	0,01639
\hat{h}_g^2	0,517661±0,1175	0,544669±0,1205
\hat{h}_d^2	0,50346	0,5283
c_{int}^2	0,12184	0,0627
r_{gloc}	0,8094	0,8968
\bar{x}	1588,7960	48,9624

^aEstimativas das variâncias genética aditiva (σ_a^2), variância genética de dominância (σ_d^2), variância da interação genótipo x época (σ_{int}^2), variância residual (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_f^2), herdabilidade individual no sentido restrito (\hat{h}_a^2), herdabilidade individual dos efeitos de dominância (\hat{h}_d^2), herdabilidade individual no sentido amplo (\hat{h}_g^2), coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x época (c_{int}^2), correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes (r_{gloc}) e média geral do experimento.

Observou-se também tanto para AACPD (174834,93) quanto para Smáx (133,66), altas estimativas para variância ambiental atuando sobre a variância fenotípica nas épocas avaliadas, o que indica que a doença foi altamente influenciada pelos fatores climáticos (Tabela 3). Além disso, a resistência de videiras ao fungo *Plasmopara viticola* é caracterizada como poligênica sendo altamente influenciada pelo ambiente (Toffolatti et al., 2012). Altas estimativas de variância ambiental foram encontradas por Gomes et al. (2017) que avaliaram uma população de 917 híbridos interespecíficos de *Psidium* spp. para a resistência ao nematoide *Meloidogyne enterolobii*. Embora os autores tenham avaliado uma população estruturada em progênies de irmãos completos, as estimativas para a variância ambiental foram altas, semelhante a este trabalho, indicando doenças de caráter poligênico são em grande parte influenciadas pelo ambiente. Contrariando os resultados obtidos nesse estudo, Santos et al. (2015)

utilizaram AACPD para avaliar a resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* e encontraram baixa variância ambiental associada a característica, o que resultou em altos valores de herdabilidade. Contudo os autores utilizaram modelagem mista diferente e progênies de irmãos completos obtidas de cruzamento interespecífico de *Passiflora* spp.

Apesar da alta influência ambiental sobre características fenotípicas, observou-se que a seleção não foi prejudicada pela interação genótipo x ambiente, uma vez que a magnitude dos valores para variância de interação foi baixa, o que proporcionou menores estimativas de c_{int}^2 para AACPD (12,18%) e $Smáx$ (6,27%) (Tabela 3). Por conseguinte, ocorreu uma alta correlação genotípica (r_{gloc}), sendo de aproximadamente 80,95% ao considerar a seleção com base na AACPD e 89,68% para $Smáx$, o que indica que a maioria dos genótipos teve resposta semelhante em relação à severidade dos sintomas nas duas épocas avaliadas (Tabela 3).

As estimativas de herdabilidade individual no sentido amplo (h_g^2), leva em consideração os efeitos genotípicos totais, ou seja, capta efeitos oriundos das variâncias genéticas aditivas e de dominância. No presente trabalho, constatou-se que aproximadamente 51,77% e 54,00% do valor fenotípico foram oriundos de causas genéticas para as variáveis AACPD e $Smáx$, respectivamente (Tabela 3).

Os parâmetros genéticos estimados são fundamentais no direcionamento das técnicas que serão adotadas nos programas de melhoramento, entretanto, é necessário que as estimativas de variância sejam adequadas e precisas.

5.3. Seleção individual dos clones

Houve grandes diferenças dos valores genotípicos entre os híbridos avaliados, que variaram de 339,51 a 2544,06 e 81,32 e 777,89 para AACPD e $Smáx$, respectivamente (Tabela 4 e 5).

Os menores valores genotípicos para AACPD foram observados nos híbridos CH1.3 do cruzamento entre *Vitis rotundifolia* C166-043 x 07355-075, CH2.6, CH2.3, CH2.7, CH2.2, CH2.1, CH2.4, CH2.9, CH2.8 provenientes do cruzamento entre 06354-047 x Cereza, CH3.27, CH3.11, CH3.40, CH3.35, CH3.33, CH3.38, CH3.39, CH3.29, CH3.45 e CH3.25 obtidos do cruzamento

entre 06354-047 x Nocera e CH5.2 oriundo do cruzamento entre *V. romanetii* C166-043 x Nocera (Tabela 4).

Tabela 4. Ordenamento dos 63 híbridos interespecíficos de *Vitis* spp. para resistência ao fungo *P. viticola*, em que (a) são os efeitos aditivos preditos, (d) efeitos de dominância preditos, (g) efeitos genotípicos preditos, (u+g) e média ou valores genotípicos para a característica área abaixo da curva de progresso da doença na seleção de híbridos. UENF, Campos dos Goytacazes, 2019.

Ordem	Híbrido	a	d	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	CH5.2	-25,0884	-1224,1968	-1249,2852	339,5109	98,0353	1686,8314
2	CH1.3	-26,9814	-1173,2256	-1200,2069	388,5891	119,7663	1708,5624
3	CH3.27	-11,8657	-609,3725	-621,2382	967,5579	141,4052	1730,2013
4	CH3.11	-7,0607	-354,0263	-361,0870	1227,7091	154,1159	1742,9120
5	CH3.40	-6,0820	-302,0174	-308,0994	1280,6967	162,8482	1751,6443
6	CH2.6	-3,0980	-286,5388	-289,6368	1299,1593	170,9680	1759,7640
7	CH3.35	-4,1834	-201,1241	-205,3075	1383,4886	179,0488	1767,8448
8	CH2.3	-1,1811	-184,6771	-185,8582	1402,9379	185,9123	1774,7083
9	CH3.33	-3,6985	-175,3575	-179,0560	1409,7401	192,6717	1781,4678
10	CH2.7	-0,3842	-142,3246	-142,7088	1446,0873	199,5556	1788,3516
11	CH3.38	-2,9941	-137,9270	-140,9212	1447,8749	206,0134	1794,8095
12	CH2.2	-0,0564	-124,9060	-124,9623	1463,8337	212,6852	1801,4813
13	CH2.1	0,0237	-120,6499	-120,6262	1468,1698	219,3058	1808,1018
14	CH3.39	-2,2998	-101,0277	-103,3275	1485,4686	226,1044	1814,9005
15	CH3.29	-2,1898	-95,1813	-97,3711	1491,4250	232,8275	1821,6236
16	CH3.45	-2,0707	-88,8545	-90,9252	1497,8708	239,7066	1828,5027
17	CH2.4	0,5971	-90,1820	-89,5850	1499,2111	246,7414	1835,5374
18	CH2.9	0,6166	-89,1441	-88,5275	1500,2685	254,0528	1842,8489
19	CH3.25	-1,9886	-84,4903	-86,4789	1502,3172	261,6657	1850,4618
20	CH2.8	0,6726	-86,1689	-85,4963	1503,2997	269,5781	1858,3741
21	CH3.24	-1,7833	-73,5825	-75,3658	1513,4302	277,8356	1866,6317
22	CH3.1	-1,6180	-64,7955	-66,4135	1522,3826	286,2452	1875,0412
23	CH3.20	-0,9271	-28,0809	-29,0080	1559,7881	294,8466	1883,6427
24	CH3.9	-0,8498	-23,9762	-24,8260	1563,9701	302,9430	1891,7390
25	CH3.5	-0,2901	5,7662	5,4761	1594,2721	311,3473	1900,1434
26	CH3.21	0,0389	23,2495	23,2884	1612,0845	319,3965	1908,1926
27	CH2.10	3,2363	50,0678	53,3041	1642,1002	327,3995	1916,1955
28	CH3.4	1,2359	86,8623	88,0982	1676,8942	335,0132	1923,8093
29	CH1.5	-3,0490	98,5649	95,5159	1684,3120	342,0679	1930,8640
30	CH3.43	1,4346	97,4189	98,8535	1687,6496	349,3195	1938,1155
31	CH3.41	1,4768	99,6615	101,1383	1689,9343	356,9094	1945,7054
32	CH3.3	1,7468	114,0137	115,7606	1704,5567	364,9022	1953,6983
33	CH3.8	1,9119	122,7859	124,6978	1713,4939	372,9390	1961,7351
34	CH3.13	1,9490	124,7571	126,7061	1715,5022	381,2137	1970,0098

Tabela 4. Cont.

Ordem	Híbrido	a	d	g	u+g	Ganho	Nova Média
35	CH3.30	2,1228	133,9907	136,1134	1724,9095	389,9899	1978,7859
36	CH3.17	2,4540	151,5950	154,0490	1742,8451	399,0569	1987,8529
37	CH3.26	2,4820	153,0784	155,5604	1744,3564	408,1312	1996,9273
38	CH3.6	2,4826	153,1109	155,5935	1744,3896	417,8455	2006,6416
39	CH3.10	3,1437	188,2441	191,3878	1780,1839	428,3356	2017,1317
40	CH1.1	-1,1162	201,2741	200,1578	1788,9539	438,2084	2027,0045
41	CH3.12	3,4353	203,7388	207,1741	1795,9701	448,5584	2037,3545
42	CH3.22	3,9118	229,0622	232,9740	1821,7701	459,5305	2048,3265
43	CH3.2	4,0890	238,4790	242,5680	1831,3640	470,3189	2059,1149
44	CH3.32	4,1515	241,7971	245,9486	1834,7447	481,7064	2070,5025
45	CH3.14	4,2096	244,8867	249,0963	1837,8923	494,1147	2082,9108
46	CH4.1	8,1405	288,3958	296,5362	1885,3323	507,7268	2096,5229
47	CH3.42	5,3042	303,0550	308,3592	1897,1552	520,1498	2108,9459
48	CH3.28	6,0764	344,0920	350,1684	1938,9645	533,3867	2122,1828
49	CH3.31	6,3407	358,1335	364,4742	1953,2703	545,6013	2134,3973
50	CH3.34	6,4343	363,1112	369,5455	1958,3415	558,5389	2147,3350
51	CH1.2	2,1349	374,0440	376,1789	1964,9750	573,0769	2161,8730
52	CH2.5	9,2237	368,2481	377,4719	1966,2679	589,4851	2178,2811
53	CH3.44	6,8320	384,2455	391,0775	1979,8736	608,7590	2197,5551
54	CH5.1	5,4845	400,4790	405,9635	1994,7596	630,5271	2219,3232
55	CH3.43	7,6917	429,9304	437,6221	2026,4182	655,4786	2244,2747
56	CH3.7	7,8889	440,4114	448,3003	2037,0964	682,7107	2271,5068
57	CH1.4	3,4783	445,4345	448,9129	2037,7089	716,1979	2304,9940
58	CH3.16	10,4557	576,8106	587,2663	2176,0623	760,7454	2349,5415
59	CH3.15	12,0380	660,8953	672,9333	2261,7293	795,4412	2384,2373
60	CH3.19	12,8403	703,5311	716,3714	2305,1675	826,0682	2414,8643
61	CH3.18	14,0612	768,4094	782,4705	2371,2666	862,6338	2451,4299
62	CH3.36	15,3114	834,8504	850,1619	2438,9580	902,7155	2491,5116
63	CH3.23	17,2528	938,0163	955,2691	2544,0652	955,2691	2544,0652

Para a variável Severidade máxima, se destacaram os seguintes genótipos: CH1.3 e CH1.5 do cruzamento C166-043 x 07355-075, CH2.2, CH2.6, CH2.8, CH2.9, CH2.3, CH2.4 e CH2.10, oriundos de 06354-047 x Cereza; CH3.27, CH3.40, CH3.45, CH3.29, CH3.35, CH3.9, CH3.5, CH3.11 e CH3.38 provenientes de 06354-047 x Nocera e o híbrido CH5.2 obtido de C166-043 x Nocera (Tabela 5).

Tabela 5. Ordenamento dos 63 híbridos interespecíficos de *Vitis* spp. para resistência ao fungo *P. viticola*, em que (a) são os efeitos aditivos preditos, (d) efeitos de dominância preditos, (g) efeitos genotípicos preditos, (u+g) e média ou valores genotípicos para a característica severidade máxima na seleção de híbridos. UENF, Campos dos Goytacazes, 2019.

Ordem	Híbrido	a	d	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	CH5.2	-0,9352	-39,8953	-40,8305	8,1319	3,6634	52,6258
2	CH1.3	-0,9897	-37,6026	-38,5923	10,3701	4,3811	53,3435
3	CH3.27	-0,3045	-14,6957	-15,0002	33,9622	5,0856	54,0480
4	CH3.40	-0,1936	-9,3381	-9,5317	39,4307	5,4203	54,3827
5	CH2.2	-0,0129	-7,4697	-7,4826	41,4798	5,6737	54,6362
6	CH3.45	-0,1412	-6,8055	-6,9467	42,0157	5,9006	54,8630
7	CH2.6	0,0066	-6,5275	-6,5209	42,4415	6,1260	55,0884
8	CH2.8	0,0481	-4,5202	-4,4720	44,4904	6,3518	55,3142
9	CH3.29	-0,0798	-3,8396	-3,9194	45,0430	6,5486	55,5110
10	CH3.35	-0,0707	-3,4009	-3,4716	45,4908	6,7425	55,7049
11	CH2.9	0,0856	-2,7113	-2,6258	46,3367	6,9352	55,8976
12	CH2.3	0,0965	-2,1843	-2,0878	46,8746	7,1190	56,0815
13	CH3.9	-0,0367	-1,7539	-1,7906	47,1718	7,2996	56,2620
14	CH2.4	0,1264	-0,7363	-0,6099	48,3526	7,4814	56,4438
15	CH2.10	0,1356	-0,2949	-0,1593	48,8031	7,6465	56,6089
16	CH3.5	0,0065	0,3331	0,3397	49,3021	7,8091	56,7715
17	CH1.5	-0,1979	0,654	0,4561	49,4185	7,9680	56,9305
18	CH3.11	0,0111	0,5532	0,5642	49,5267	8,1313	57,0938
19	CH3.1	0,0225	1,1026	1,1250	50,0875	8,2995	57,2619
20	CH3.38	0,0225	1,1026	1,1250	50,0875	8,4626	57,4250
21	CH3.34	0,038	1,8526	1,8906	50,8530	8,6332	57,5956
22	CH3.33	0,0381	1,8563	1,8944	50,8568	8,7937	57,7562
23	CH2.1	0,1851	2,0965	2,2815	51,2440	8,9620	57,9244
24	CH3.3	0,052	2,5282	2,5802	51,5426	9,1290	58,0914
25	CH3.22	0,0588	2,8576	2,9164	51,8788	9,2969	58,2594
26	CH3.8	0,0588	2,8576	2,9164	51,8788	9,4649	58,4273
27	CH3.26	0,0636	3,0901	3,1536	52,1161	9,6418	58,6043
28	CH3.41	0,0732	3,5557	3,6289	52,5914	9,8221	58,7845
29	CH3.13	0,0792	3,8458	3,9250	52,8874	9,9990	58,9614
30	CH3.4	0,0815	3,9564	4,0380	53,0004	10,1777	59,1401
31	CH3.2	0,0997	4,8339	4,9336	53,8960	10,3637	59,3261
32	CH3.32	0,1116	5,4091	5,5207	54,4831	10,5334	59,4958
33	CH3.16	0,1116	5,4091	5,5207	54,4831	10,6951	59,6575
34	CH3.24	0,1139	5,5198	5,6336	54,5960	10,8676	59,8300
35	CH3.12	0,1156	5,6034	5,7190	54,6814	11,0481	60,0105
36	CH3.17	0,1174	5,6904	5,8078	54,7702	11,2384	60,2008
37	CH3.21	0,1247	6,0408	6,1655	55,1279	11,4395	60,4019
38	CH3.43	0,1247	6,0435	6,1682	55,1306	11,6424	60,6048
39	CH5.1	0,0328	6,8784	6,9112	55,8736	11,8613	60,8238
40	CH2.7	0,281	6,7304	7,0113	55,9738	12,0676	61,0300
41	CH3.39	0,1428	6,9196	7,0625	56,0249	12,2874	61,2499

Tabela 5. Cont.

Ordem	Híbrido	a	d	g	u+g	Ganho	Nova Média
42	CH3.44	0,1497	7,2504	7,4000	56,3625	12,5249	61,4874
43	CH2.5	0,2898	7,1576	7,4474	56,4098	12,7690	61,7314
44	CH3.25	0,1517	7,3470	7,4987	56,4611	13,0351	61,9975
45	CH3.66	0,1517	7,3470	7,4987	56,4611	13,3265	62,2889
46	CH4.1	0,2456	7,9129	8,1585	57,1209	13,6502	62,6126
47	CH3.10	0,1701	8,2372	8,4073	57,3697	13,9733	62,9357
48	CH3.20	0,1733	8,3907	8,5640	57,5264	14,3211	63,2835
49	CH1.2	-0,0076	9,8509	9,8433	58,8057	14,7049	63,6674
50	CH3.30	0,2044	9,8932	10,0976	59,0600	15,0522	64,0146
51	CH3.42	0,2076	10,0472	10,2547	59,2171	15,4333	64,3957
52	CH3.778	0,2178	10,5430	10,7608	59,7232	15,8649	64,8273
53	CH3.14	0,2179	10,5443	10,7621	59,7246	16,3289	65,2913
54	CH3.28	0,2292	11,0924	11,3216	60,2840	16,8856	65,8480
55	CH1.4	0,0447	12,3780	12,4227	61,3851	17,5038	66,4662
56	CH3.15	0,2598	12,5717	12,8315	61,7939	18,1389	67,1013
57	CH1.1	0,0674	13,4729	13,5403	62,5027	18,8971	67,8595
58	CH3.19	0,303	14,6590	14,9620	63,9245	19,7899	68,7523
59	CH3.18	0,3065	14,8251	15,1315	64,0939	20,7555	69,7179
60	CH3.31	0,3247	15,7058	16,0305	64,9929	22,1615	71,1239
61	CH3.37	0,4111	19,8837	20,2949	69,2573	24,2052	73,1676
62	CH3.36	0,476	23,0179	23,4939	72,4563	26,1603	75,1227
63	CH3.23	0,5841	28,2426	28,8267	77,7891	28,8267	77,7891

Os 63 híbridos avaliados foram ranqueados de acordo com os menores valores genéticos sendo selecionados os 20 melhores, para cada variável o que corresponde a 31,76% dos genótipos. Posteriormente os ganhos foram preditos e as novas médias estimadas. O progresso dos programas de melhoramento genético é grandemente influenciado pela seleção dos melhores genótipos que constituirão as próximas gerações (Cruz e Carneiro, 2006). Sendo assim, dentre as estimativas obtidas pelo BLUP para seleção de genótipos, observa-se que os valores genotípicos são grande importância para os pesquisadores.

Os valores genotípicos aditivos variaram de -26,98 a 17,25, já os efeitos dominantes preditos estavam entre -1224,20 a 938,02, o que demonstra maior contribuição dos efeitos de dominância. (Tabela 4). O híbrido CH5.2 apresentou menor valor genotípico e ganho inferior ao demais. Santos et al. (2018) também verificaram que a maior contribuição para o ganho foi proveniente dos efeitos de dominância, visando a seleção de híbridos resistentes ao nematoide das lesões radiculares nessa mesma população avaliada.

O míldio da videira é uma importante doença que acomete pomares de uva. Os alelos que conferem resistência à doença presente em determinadas espécies de videira permitem a exploração de cruzamentos interespecíficos. Portanto, as estimativas de variâncias, parâmetros genéticos e predição dos ganhos direcionam os melhoristas quanto às estratégias a serem adotadas dentro dos programas. A obtenção de genótipos resistentes é o melhor resultado possível para o melhoramento genético, pois reduz custos e minimiza o uso de agrotóxicos.

Dos 20 melhores genótipos ranqueados para AACPD e Sm_{ax}, apenas 15 foram selecionados para ambas as variáveis o que representa 23,81% do total avaliado. Portanto, de acordo com os parâmetros estimados, levando-se em consideração a alta variância de dominância, recomenda-se que os genótipos resistentes sejam selecionados e cruzados com genótipos de *Vitis vinifera* para a obtenção de híbridos resistentes, explorando os efeitos de dominância para a incorporação de genes de resistência em novos genótipos. Obviamente que devido às características de qualidade tanto para uvas de mesa como para produção de vinhos estarem presentes em genótipos do grupo *V. vinifera*, recomenda-se um programa de retrocruzamentos como forma de recuperação do genoma de interesse.

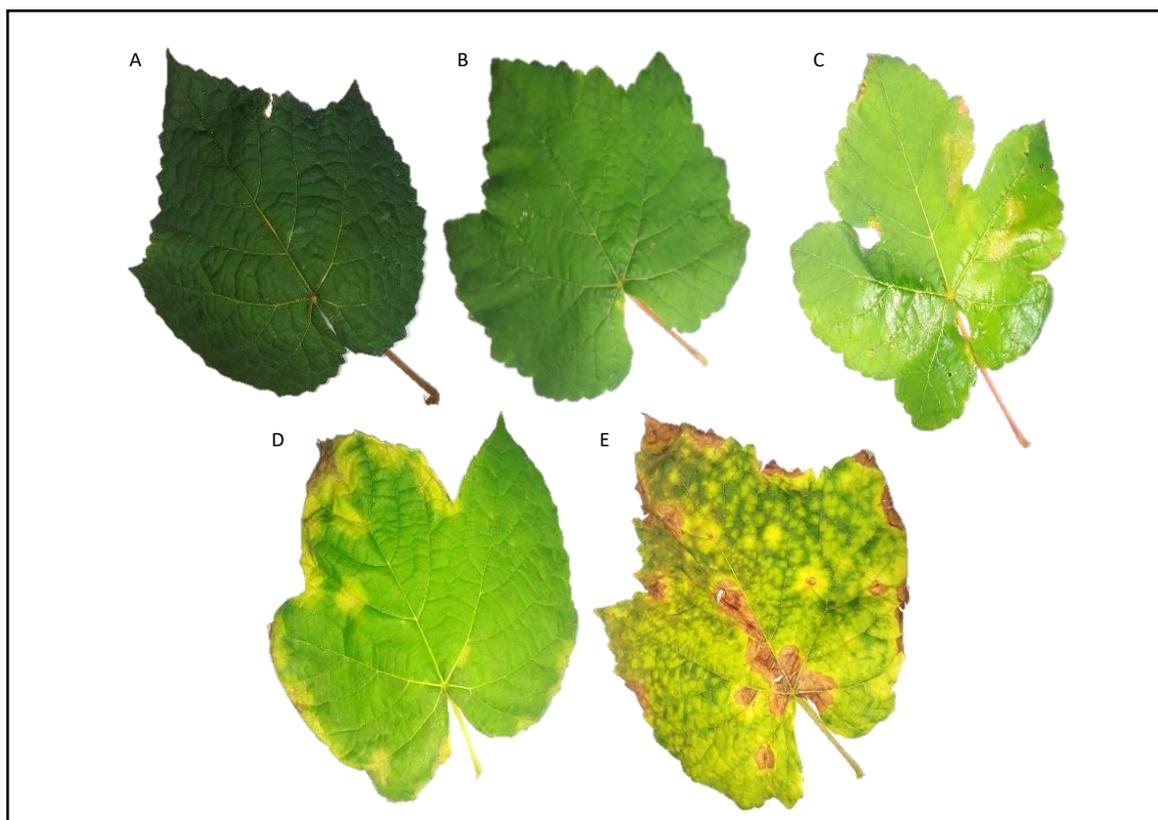


Figura 8. Diferentes níveis de severidade das lesões provocadas por *Plasmopara viticola* em híbridos interespecíficos de *Vitis* spp. e na cv. 'Vitória'. (A) *Vitis romanetii* C166-043 x Nocera; (B) *Vitis romanetii* C166-043 x 07355-075; (C) Cultivar Vitória; (D) 06354-047 x Cereza; (E) 06354-047 x Nocera. Campos dos Goytacazes, Abril de 2019.

6. CONCLUSÕES

A maior parte dos ganhos genéticos obtidos é advinda das variâncias de dominância, o que justifica a obtenção de híbridos. Assim, os genótipos mais resistentes para ambas as variáveis poderão ser cruzados com genótipos de *Vitis vinífera* dando continuidade ao programa de melhoramento da videira da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

Os híbridos CH1.3 e CH3.27 tiveram os menores valores para AACPD e Smáx, nas duas épocas de avaliação, sugerindo moderada resistência ao míldio, enquanto que o híbrido CH5.2 não manifestou sintomas da doença nas avaliações, o que indica imunidade ao fungo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agrios, G.N. (2005). Plant Pathology. 5th ed. Elsevier Academic Press. San Diego
- Alexopoulos, C. J., Mims, C. W., AND Blackwell, M. (1996) Introductory Mycology, 4th ed. Wiley, New York.
- Alleweldt, G. & Possingham, J.V. (1988). Progress in grapevine breeding. Theoretical and Applied Genetics. v.75, p.669-673.
- Alleweldt, G.; Spiegel-Roy, P.; Reisch, B. (1990) Grapes (*Vitis*). Acta Horticulturae, 20 Leuven, v.290, p.291-337.
- Allebrandt, R., Würz, D. A., Canossa, A. T., de Bem, B. P., Bonin, B. F., Rufato, L. (2017). Suscetibilidade de videiras destinadas à elaboração de suco de uva à antracnose (*Elsinoeampelina*) e míldio (*Plasmopora viticola*) em Iages/SC. *Revista da Jornada de Pós-Graduação e Pesquisa-Congrega Urcamp*, 2596-2606.
- Almança, M.A.K.; Lerin, S.; Cavalcanti, F.R. (2015) Doenças da videira. Informe Agropecuário. Belo Horizonte. v.36, n.289, p.7-12.
- Alves, F.M., Resende, M.D.V. (2008) Avaliação genética de indivíduos e progênies de cupuaçuzeiro no estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 30, p. 696-701.

- Amaral, J.D. (2000) O grande livro do vinho. Círculo de leitores. Lisboa. p.439 2ª edição.
- Amorim, L.; Kuniyuki, H. (2005) Doenças da videira. In: Kimati, H. et al. Manual de Fitopatologia. Doenças das plantas cultivadas. Agronômica Ceres, São Paulo. 4ed. v. 2. p.639-651.
- Angelotti, F., Santos, T. D. C., Fatinansi, J. C., & Tessmann, D. J. (2008). Análise da favorabilidade das condições climáticas à ocorrência de míldio da videira no vale do são francisco no período de 2003 a 2007. In: *Embrapa Semiárido- Artigo em anais de congresso (ALICE)*. In: Congresso brasileiro de fruticultura, 20.; annual meeting of the interamerican society for tropical horticulture, 54., 2008, Vitória. Frutas para todos: estratégias, tecnologias e visão sustentável: anais. Vitória: INCAPER: Sociedade Brasileira de Fruticultura, 2008.
- Angelotti, F.; Hamada, E.; Magalhães, E.E.; Ghini, R.; Garrido, L. da R.; Pedro Júnior, M.J. (2017) Climate change and the occurrence of downy mildew in Brazilian grapevines. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v.52, n.6, p.426-434.
- Atak, A.; Akkurt, M.; Polat, Z.; Çelik, H.; Kahraman, K.A.; Akgül, D.S.; Özer, N.; Söylemezoğlu, G.; Şire, G.G.; Eibach, R. (2017) Susceptibility to downy mildew (*Plasmopara viticola*) and powdery mildew (*Erysiphe necator*) of different *Vitis* cultivars and genotypes. *Ciência e Técnica Vitivinícola*, Oeiras, v.32, n.1, p.23-32.
- Buffara, C. R.S.; Angelotti, F.; Vieira, R. A.; Bogo, A.; Tesmann, D. J.; De Bem, B. P. (2014) Elaboration and validation of a diagrammatic scale to assess downy mildew severity in grapevine. *Ciência Rural*, v.44, n.8, p.1384-1391.
- Buonassisi, D.; Colombo, M.; Migliaro, D.; Dolzani, C., Peressotti, E.; Mizzotti, C.; Velasco, R.; Masiero, S.; Perazzolli, M.; Vezzulli, S. (2017) Breeding for grapevine downy mildew resistance: a review of “omics” approaches. *Euphytica*, Dordrecht, v.213, n.103, p.1-21.

- Cadle-Davidson, L. (2008) Variation within and between *Vitis* spp. for foliar resistance to the downy mildew pathogen *Plasmopara viticola*. *Plant Disease* v. 92, p.1577–1584.
- Caffi, T., Rossi., V., Bugiani, R. (2010) Evaluation of a warning system for controlling primary infections of grapevine downy mildew. *Plant Disease Journal*, 94:709-716.
- Camargo, U.A. (1997) O melhoramento genético da videira na EMBRAPA uva e vinho, in: Simpósio Brasileiro de Melhoramento de Fruteiras, Jaboticabal, SP.
- Camargo, U. A., Maia, J. D. G., & Nachtigal, J. C. (2005). BRS Violeta: Nova cultivar de uva para suco e vinho de mesa. *Comunicado Técnico*, v. 63.
- Camargo, U. A.; Maia, J. D. G. (2008) Cultivares de uvas rústicas para regiões tropicais e subtropicais. In: *Uvas rústicas de mesa, cultivo e processamento em regiões tropicais*, Jales, p.63.
- Camargo, U.A.; Maia, J.D.G.; Ritschel, P.S. (2010) *Novas Cultivares Brasileiras de Uva*; Embrapa Uva e Vinho: Bento Gonçalves, Brazil, 64p.
- Camargo, U, A., Tonietto, J., Hoffmann, A. (2011) Progressos na viticultura brasileira, *Revista Brasileira de Fruticultura*, Volume Especial: 144-149.
- Candido, L.S. (2009) Modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, com e sem efeitos de competição com parcelas vizinhas. Tese (Doutorado em Agronomia) – UNESP, Jaboticabal. 93p.
- Cardoso, D. L., Vivas, M., Pinto, F. O., Viana, A. P., Amaral Júnior, A. T. D., & Pereira, M. G. (2017). Diallelmixed-modelanalysis of papaya fruit deformities. *Ciência Rural*,47(5).
- Carvalho, F.D; Silva, S; Kurek, A; Marchioro, V. (2001) Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção. Pelotas: Ed. UFPel.
- Costa, S., Nascimento, M. R., Ribeiro, C. dos S., Martins, G. K. M., Lima, R. S. R. de(2017) Melhoramento e caracterização de recursos genéticos da videira: uma revisão de literatura.XXI Encontro Latino Americano de Iniciação

Científica, XVII Encontro Latino Americano de Pós-Graduação e VII Encontro de Iniciação à Docência – Universidade do Vale do Paraíba.

Costa, A. F. da; Tardin, F. D.; Costa, H.; Rossi, D. A.; Campos, W. F.; Oliveira, A. R. de; Viana, A.P; Rodrigues, R.; Pereira, M. G. (2017). Comportamento de cultivares de videira em relação ao míldio. Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em periódico indexado (ALICE).

Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2006) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 585p.

Cruz, C. D; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV. 480 p.

De Bem, B. P. (2014) Intensidade de míldio da videira em folha e podridão cinzenta em cacho em variedades viníferas sob diferentes sistemas de sustentação. 162 p. - Dissertação (mestrado) – Universidade do Estado de Santa Catarina, Centro de Ciências Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Lages.

De Bem, B. P., Bogo, A., Everhart, S., Casa, R. T., Gonçalves, M. J., Marcon Filho, J. L., & da Cunha, I. C. (2015). Effect of Y-trellis and vertical shoot positioning training systems on downy mildew and botrytis bunchrot of grape in highlands of southern Brazil. *Scientia Horticulturae*, 185, 162-166.

De Bem, B.P.; Bogo, A.; Everhart, S.E.; Casa, R.T.; Gonçalves, M.J.; Marcon, J.L.F.; Rufato, L.; Silva, F.N. da; Allebrandt, R.; Cunha, I.C. da (2016) Effect of four training systems on the temporal dynamics of downy mildew in two grapevine cultivars in southern Brazil. *Tropical Plant Pathology*, Brasília, DF, v.41, p.370-379.

De Bem, B.P.; Wurz, D.A.; Allebrandt, R.; Bonin, B.F.; Outemane, M.; Brighenti, A.F.; Bogo, A; Rufato, L. (2018) Intensidade de míldio da videira em variedades resistentes piwi e a relação com a densidade estomática das folhas. In: Congresso Paulista de Fitopatologia, 41, Botucatu: UNESP.

- Diez-Navajas, A.M.; Wiedemann-Merdinoglu, S.; Greif, C.; Merdinoglu, D. (2008). Nonhost versus host resistance to the grapevine downy mildew, *Plasmopara viticola*, studied at the tissue level. *Phytopathology* 98, 776–780.
- Eibach, R.; Diehl, H. & Alleweldt, G. (1989) Untersuchungen zur Verebung von Resistenzeigenschaften bei Reben gegen *oidium tuckeri*, *Plasmopara viticola*, und *Botrytis cinerea*. *Vitis*. v. 28 p.209-228.
- Eibach, R.; Töpfer, R.; Hausmann, L. (2010) Use of genetic diversity for grapevine resistance breeding. *Mitteilungen Klosterneuburg*. v.60. p.332-337.
- EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (2014) Uvas do Brasil, programa de melhoramento genético. Disponível em: <http://www.cnpuv.embrapa.br/pesquisa/pmu/index.php?opcao=opt_02>. Acesso em: 15 de fevereiro de 2019.
- EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Cultivares de Uva e Porta-enxertos de Alta Sanidade. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/uva-e-vinho/cultivares-e-porta-enxertos>>
- Acesso em: 20 de março de 2019
- Fachinello, J. C.; Pasa, M. da S.; Schmitz, J.D.; Betemps, D.L. (2011) Situação e perspectivas da fruticultura de clima temperado no Brasil. *Rev. Bras. Frutic.*, Jaboticabal - SP, Volume Especial, E. 109-120.
- Farias Neto, J.T., Lins, P.M.P., Resende, M.D.V., Muller, A.A. (2009) Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 31, n. 1, p.190–196.
- FAO. Food and Agriculture Organization. Disponível em: <www.fao.org/faostat/en/> Acesso em: 15 fevereiro de 2019
- Freitas, C.A. (2018) Tecnologia contra o míldio da videira. *Agropecuária Catarinense*, Florianópolis, v.31, n.3, set/dez.
- Galet, P. *Grape varieties and rootstocks varieties*. Paris: O enoplurimédia, 1998. 315 p.

- Genta, W., Tessmann, D. J., Roberto, S. R., Vida, J. B., Scapin, C. R., da Silva Ricce, W., & Clovis, L. R. (2011). Manejo de míldio no cultivo protegido de videira de mesa 'BRS Clara'. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 45(12), 1388-1395.
- Gessler, C., Pertot, I.; Perazzolli, M. (2011) *Plasmopara viticola*: a review of knowledge on downy mildew of grapevine and effective disease management. *Phytopathology Mediterranean Journal*. Vol. 50, No. 1 April.
- Giovannini, E. (2001) Fitossanidade: pragas. In: Giovannini, E. *Uva agroecológica*. Porto Alegre: Renascença. 136 p.
- Gomes, V.M.; Ribeiro, R.M.; Viana, A.P.; Souza, R.M. de; Santos, E.A.; Rodrigues, D.L.; Almeida, O.F. (2017). Inheritance of resistance to *Meloidogyne enterolobii* and individual selection in segregating populations of *Psidium* spp. *European Journal of Plant Pathology*, 148:699-708.
- Guerra, C. C., Hickel, E. R., Kuhn, G. B., Nachtigal, J. C., Maia, J. D. G., Fráguas, J. C., Botton, M. (2005). *Sistema de produção de uvas rústicas para processamento em regiões tropicais do Brasil*. Embrapa Uva e Vinho.
- Henderson, C.R. (1949) Estimation of changes in herd environment. *Journal of Dairy Science*, v.32, p.1-16.
- IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br>> Acesso em: 15 de fevereiro de 2019
- IBRAVIN. Instituto Brasileiro do Vinho. Disponível em: <<https://ibravin.org.br/>> Acesso em: 15 de maio de 2019.
- Jürges, G.; Kassemeyer, H.H.; Durrenberger, M.; Duggelin, M.; Nick, P. (2009) The mode of interaction between *Vitis* and *Plasmopara viticola* Berk. & Curt. Ex de Bary dependson the host species. *Plant Biology*. v.11. p.886-898.
- Kalil Filho, A. N., Resende, M. D. V., Kalil, G. P. C. (2000) Componentes de variância e predição de valores genéticos em seringueira pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 35: 1883-1887.

- Kennelly, M.M.; Gadoury, D.M.; Wilcox, W.F.; Magarey, P.A.; Seem, R.C. (2007) Primary infection, lesion productivity, and survival of sporangia in the grapevine downy mildew pathogen *Plasmopara viticola*. *Phytopathology*. v.97. p. 512-522.
- Kishino, A.Y.; Carvalho, S.L.C.; Roberto, S.R. (2007) *Viticultura tropical: o sistema de produção do Paraná*. Londrina: IAPAR, 366p.
- Kortekamp A.; Zyprian, E.; (2003) Characterization of *Plasmopara*-resistance in grapevine using in vitro plants. *Journal of Plant Physiology*. v. 160, p. 1393–1400.
- Lafon, R.; Clerjeau, M. Downy mildew. (1988). In: Pearson, R.C.; Goheen, A.C. (Ed.). *Compendium of grape diseases*. Saint Paul: American Phytopathological Society. p.11-13.
- Laviola, B.G., Rosado, T.B., Bohering, L.L., Kobayashi, A.K. (2010) Genetic parameters and variability in physicnut accessions during early development stages. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, n. 45, v. 10, p.1117–1123.
- Leão, P.C. de S.; Borges, R.M.E. (2009) *Melhoramento genético da videira*. Petrolina: Embrapa Semiárido. 61p. (Embrapa Semiárido. Documentos, 224).
- Leão, P.C. de S.; Lima, M.A.C. de. (2016) Uva de mesa sem sementes 'BRS Vitória': comportamento agrônomico e qualidade dos frutos no Submédio do Vale do São Francisco. *Comunicado Técnico 168*. (EMBRAPA). Petrolina - PE.
- Leão, P. D. S.; Moraes, D. S. de; de Souza, E. R.; Sales, W. D. S. (2017). Banco de germoplasma de videira no Semiárido: 15 anos de caracterização de uvas para processamento. In: *Embrapa Semiárido-Resumo em anais de congresso (ALICE)*. Revista RG News, Brasília, DF, v. 3, n. 2, p. 44.
- Leão, P. D. S.; Sales, W. D. S.; Moraes, D. S. de, Silva, E. R. de; Ishikawa, F. (2017). Avaliação de híbridos para o desenvolvimento de novas cultivares de uvas sem sementes no Semiárido brasileiro. In: *Embrapa Semiárido-Resumo em anais de congresso (ALICE)*. In: Congresso brasileiro de melhoramento de plantas, 9., 2017, Foz do Iguaçu. *Melhoramento de plantas: projetando o futuro*. Foz do Iguaçu: SBMP.

- Lima, M. F. (2008). Doenças que comprometem a produção e a comercialização da uva. In *Embrapa Semiárido-Artigo em anais de congresso (ALICE)*. In: Simpósio internacional de vitivinicultura, 1.; feira nacional da agricultura irrigada-fenagri, 2008, Petrolina. Minicursos. Petrolina: Prefeitura Municipal: ValeXport: Embrapa Semi-Árido.
- Nascimento, J. (2018). Desempenho agrônômico e qualidade de uvas BRS Isis e BRS vitória no Submédio do Vale do São Francisco sob diferentes porta-enxertos. *Embrapa Semiárido-Tese/dissertação (ALICE)*.
- Naves, R.L.; Tessmann, D.J.; Garrido, L.R.; Sônego, O.R. (2005) Doenças e seu controle. Embrapa Uva e Vinho. Sistemas de produção. Disponível em: <<https://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Uva/MesaNorteParana/doencas.htm>>. Acesso em: 15 de fevereiro de 2019.
- Naves, R. L.; Santana, A. P. S.; Papa, M. F. S.; Teixeira, E. C. Z.; Boliani, A. C. (2010) Inibição da germinação in vitro de esporangiósporos de *Plasmopara viticola* por extrato de folhas de melão-de-são caetano. In: congresso brasileiro de fitopatologia, 43., Brasília. Anais.Brásilia: Sociedade Brasileira de Fitopatologia. p.11.
- Maia, J.D.G.; Ritschel, P. S. (2015) Novas cultivares de videira para elaboração de suco e para mesa. In: Embrapa Uva e Vinho-Artigo em anais de congresso (ALICE). In.: Encontro nacional sobre fruticultura de clima temperado, 14, Fraiburgo, SC. Anais. (v. 2-Resumos). Caçador: Epagri, v. 2 (trabalhos), p. 81-90.
- Mendes, C.S. Flutuação de inoculo no ar, desenvolvimento e validação de um sistema de previsão do míldio da videira. 2002. 123f. Dissertação (Mestrado) – Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, 2002.
- Moreira, F.M.; Madini, A.; Marino, R.; Zulini, L.; Stefanini, M.; Velasco, R.; Kozma, P.; Grando, M.S. (2011) Genetic linkage maps of two interspecific grape crosses (*Vitis* spp.) used to localize quantitative trait loci for downy mildew resistance. *Tree Genetics & Genomes*. v. 7. P.153-167.

- Moreira, S. O., Kuhlcamp, K. T., Barros, F. L. D. S., Zucoloto, M., & Moitinho, A. C. R. (2018). Intrapopulation recurrent selection by mixed models in papaya of the formosa group. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40(3).
- Neto, J. B.; Sousa, I. F. (2018) Potencial climático para cultivo da videira no alto sertão sergipano, *Revista Brasileira de Agricultura Irrigada* v.12, n.5, p.2932-2943.
- Oliveira, P.R.D.; Scotton, D.C.; Nishimura, D.S.; Figueira, A. (2005) Análise da diversidade genética por AFLP e identificação de marcadores associados à resistência a doenças em videira. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.27, n.3, p.454-457.
- Oliveira, E.J., FraifeFilho, G. DE A., Freitas, J.P.X. de, Dantas, J.L.L. (2012) Resende, M.D.V. Plant selection in F2 segregating populations of papaya from comercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 12, p.191–198.
- OIV. Organização Internacional da Vinha e do Vinho. Disponível em: < <http://oiv.int> > Acesso em: 15 de fevereiro de 2019.
- Peixoto, A. M.; Alves, S. B.; Rossi, L. S.; Faion, M.; Macedo, D.; Garcia, M.O. (2006) *Enciclopédia agrícola brasileira: S-Z*. 6.ed. São Paulo: Universidade de São Paulo; FAPESP, 632p.
- Pommer, C. V.; Terra, M. M., Pires, E. J. P. (2003) Cultivares, melhoramento e fisiologia. In: Pommer, C. V. (Ed.). *Uva: tecnologia de produção, pós-colheita, mercado*. Porto Alegre: Cinco Continentes. p. 109-319.
- Pereira D.F., Neves W.S., ZambolimL. (2009). Resistência de fungos a fungicidas inibidores de Quinona. *Revista Tropic*, 3, 24- 34.
- Regina, M. de A.; Souza, C.M. de; Amorim, D.A. de; Fávero, A.C.; Pereira, G.E. (2006) Avaliação de híbridos de videira destinados à elaboração de vinhos brancos em Caldas, Minas Gerais. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.28, p.262-266.
- Resende, M.D.V. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na 37 experimentação em melhoramento de plantas perenes. (Documentos, 47). Colombo: 38 Embrapa Florestas, p.1-101. 2000.

- Resende, M.D.V. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 975p.
- Resende, M.D.V. (2007) SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. 1.ed. Colombo: Embrapa Florestas, 359p.
- Resende, M. D. V., Ramalho, M. A. P., Carneiro, P. C. S., Carneiro, J. E. S., Batista, L. G., Gois, I. B. (2016) Selection index with parents, populations, progênies and generations effects in autogamous plant breeding. *Crop Science*, 56: 530-546.
- Reynier, A. (1995) Manual de Viticultura. Mundi-Prensa. 5ta Ed. Bilbao, España. 407 p.
- Ribeiro, A.C.; Guimarães, P.T.G. & Alvarez V., V.H., eds (1999) Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais – 5a. aproximação. Viçosa, MG, Universidade Federal de Viçosa, 359p.
- Ritschel, P. S.; Camargo, U. A.; Mello, L. M. R.; Leão, P. C. de S.; Soares, J. M. (2008) Uva. In: Albuquerque, A. C. S.; Silva, A. G. da (Ed.). Agricultura tropical: quatro décadas de inovações tecnológicas, institucionais e políticas. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica. v. 1, p. 537-543.
- Ritschel, P. S.; Maia, J. D. G.; Camargo, U. A.; Souza, R. T. de; Fajardo, T. V. M.; Naves, R. de L.; Girardi, C. L. (2013) 'BRS Isis' Nova cultivar de uva de mesa, sem sementes e tolerante ao míldio. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho. 20 p. (Embrapa Uva e Vinho. Comunicado Técnico, 143).
- Ritschel, P. S.; Maia, J. D. G.; Camargo, U. A.; Souza, R. T. de; Fajardo, T. V. M.; Naves, R. de L.; Girardi, C. L. 'BRS Isis': a novel red seedless table grape cultivar tolerance to downy mildew. XV Congresso Latino-Americano de Viticultura e Enologia. Bento Gonçalves-RS. 2015
- Ritschel, P. S.; Maia, J. D. G.; Souza, R. T. de. (2018). Novas cultivares brasileiras de uvas para mesa e para elaboração de sucos. In: Embrapa Uva e Vinho-Resumo em anais de congresso (ALICE). Synergismuss cyentifica UTFPR, v. 13, n. 1, p. 34-37.

- Rizzon, L.A.; Zanuz, M.C.; Manfredini, S. (1994) Como elaborar vinho de qualidade na pequena propriedade. Bento Gonçalves: EMBRAPA CNPUV. 86p. (EMBRAPA-CNPUV. Documentos, 12).
- Rocha, M. das G. DE B., Pires, I.E., Xavier, A., Cruz, C.D., Rocha, R.B. (2006) Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E (QM). *Ciência Florestal*, v. 16, n. 4, p.369–379.
- Santos, R. S.; Barreto, P. A. B.; Scoriza, R. N. (2014) Efeito da sazonalidade na comunidade de fungos micorrízicos arbusculares em um fragmento de mata de cipó em Vitória da Conquista, Bahia. In: *Revista Brasileira de Biociências*, v. 12, n. 1, p. 46-51.
- Santos, E. A., Viana, A. P., Freitas, J. C. O., Rodrigues, D. L., Tavares, R. F., Paiva, C. L, Souza, M. M. (2015), Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from na interspecific *Passiflora* spp, crossing. *Euphytica*204: 1-11.
- Santos, P. R. D.; Viana, A. P.; Gomes, V. M.; Preisigke, S. D. C.; Almeida, O. F. D., Santos, E. A., Rodrigues, D.L.; Rodrigues, R.; Walker, M. A. (2019 a). Resistance to *Pratylenchus brachyurus* in *Vitis* species population through multivariate approaches and mixed models. *Scientia Agricola*, 76(5), 424-433.
- Santos, P. R. dos; Viana, A. P.; Santos, E. A.; Walter, F. H. B.; Riaz, S.; Walker, A. M. (2019 b) Molecular genetic diversity in segregates of *Vitis*: implications for the breeding of grapevine aiming at resistance to *Pratylenchus brachyurus*. *Euphytica*, v. 215, p. 78.
- Santos, P. R. dos; Viana, A. P.; Gomes, V. M.; Preisigke, S. da C.; Santos, E. A.; Cavalcante, N. R.; Almeida, O.F. de; Walker, M. A. (2018). Clonal selection in interspecific *Vitis* spp. Hybrids resistant to the root-lesion nematode *Pratylenchus brachyurus* by REML/BLUP. *Fruits*, 73(3).
- Sánchez-Mora, F.D.; Saifert, L.; Zanghelini, J.; Assumpção, W.T.; Guginski-Piva, C.A.; Giacometti, R.; Novak, E.I.; Klabunde, G.H.; Eibach, R.; Dal Vesco, L.; Nodari, R.O.; Welter, L.J. (2017) Behavior of grape breeding lines with distinct

resistance alleles to downy mildew (*Plasmopara viticola*). *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, MG, v.17, p.141-149.

Schwander, F.; Eibach, R.; Fechter, I.; Hausmann, L.; Zyprian, E. & Töpfer, R. (2011) Rpv10: a new locus from the Asian *Vitis* gene pool for pyramiding downy mildew resistance loci in grapevine. *Theor Appl Genet*. v. 124. p. 163–176.

Tavares, S. C. C. de H.; Lima, F. M.; Melo, N.F. (2000) Principais doenças da videira e alternativas de controle. In: LEÃO, P. C; SOARES, J. M. (Ed.). *A viticultura no semi-árido brasileiro*. Petrolina: Embrapa Semi-Árido. p. 293-346.

Teixeira, A.H.C.; Souza, R. A.; Ribeiro, P. H. B.; Reis, V. C. S.; Santos, M. G. L. (2002) Aptidão agroclimática da cultura da videira no Estado da Bahia, Brasil. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*. v.6, n.1, p. 107-111.

Tessmann, D. J.; Vida, J. B.; Genta, W.; Kishino, A. Y. (2007) Doenças e seu manejo. In: Kishino, A. Y.; Carvalho, S. L. C.; Roberto, S. R. (Org.). *Viticultura tropical: o sistema de produção do Paraná*. Londrina: Instituto Agrônomo do Paraná, IAPAR. p. 25-293

This, P.; Lacombe, T.; Thomas, M. R. (2006) Historical origins and genetic diversity of winegrapes. *Trends in Genetics*, Amsterdam. v.2, n.9, p.511-519.

Unger, S.; Buche, C.; Boso, S.; Kassemeyer, H.H. (2007) The course of colonization of two different *Vitis* genotypes by *Plasmopara viticola* indicates compatible and incompatible host-pathogen interactions. *Phytopathology*. v. 97. p.780–786.

USDA. United States Department of Agriculture. Disponível em: < <https://www.usda.gov/> > Acesso em: 15 fevereiro de 2019.

Viana, A. P.; Resende M. D V. (2014) *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. Rio de Janeiro: Editora Interciência, 282p.

Vivas, M., da Silveira, S. F., Maganha Silva Vivas, J., Pio Viana, A., Teixeira do Amaral Junior, A., & Gonzaga Pereira, M. (2014). Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. *Bragantia*, 73(4).

Wan, Y.; He, P.; Wang, Y. (2007). Inheritance of downy mildew resistance in two interspecific crosses between Chinese wild grapes and European grapes. *Vitis* 46(3):156- 157.