

TAÍS DE MORAES FALLEIRO SUASSUNA

**SELEÇÃO EM MARACUJÁ-AMARELO PARA RESISTÊNCIA AO
CRESTAMENTO BACTERIANO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de "*Doctor Scientiae*"

**VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2004**

TAÍS DE MORAES FALLEIRO SUASSUNA

**SELEÇÃO EM MARACUJÁ-AMARELO PARA RESISTÊNCIA AO
CRESTAMENTO BACTERIANO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de "*Doctor Scientiae*"

APROVADA: 05 de março de 2004.

Prof. Reginaldo da Silva Romeiro
(Conselheiro)

Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Conselheiro)

Prof. Sérgio Yoshimitsu Motoike

Dra. Waldênia de Melo Moura

Prof. Claudio Horst Bruckner
(Orientador)

Para Lucas e Nelson,
fontes de inspiração em todos os momentos da minha vida.

AGRADECIMENTOS

Ao Professor Claudio Horst Bruckner, pela confiança, amizade e dedicação, partilhados durante o período dos cursos de mestrado e doutorado.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização do Curso.

Ao CNPq, pela bolsa de estudos concedida.

Aos professores Pedro Crescêncio Souza Carneiro, Reginaldo da Silva Romeiro e Luiz Antônio Maffia, pelos ensinamentos, apoio e sugestões para a execução dos experimentos e discussão dos resultados.

Ao professor Eduardo Seiti Gomide Mizubuti e ao pesquisador da Embrapa Algodão José Wellington dos Santos, pelas valiosas sugestões e orientação na análise estatística dos dados.

Ao pesquisador, colega e companheiro Nelson Dias Suassuna, pela participação, sugestões, críticas e incentivo em todas as etapas deste trabalho.

Aos colegas Bernardo, Dirceu, José Luciano, Sandro, Raquel e Carolina, do Laboratório de Bacteriologia, pelos ensinamentos e pelo agradável convívio.

Aos pesquisadores Mário Augusto e Claudia dos Santos (Embrapa Mandioca e Fruticultura), Walnice Nascimento e Rafael Moisés (Embrapa Amazônia Oriental), Tarcísio Gondim (Embrapa Acre), Neusa Stenzel (IAPAR) e Emílio Dela Bruna (EPAGRI) pelo envio de sementes.

Aos bolsistas de iniciação científica e a todos os estagiários, pela participação nos trabalhos e pela amizade.

BIOGRAFIA

Taís de Moraes Falleiro Suassuna, filha de João Cezar Falleiro e Maria Lourdes de Moraes Falleiro, nasceu em Porto Alegre, no estado do Rio Grande do Sul, no dia 20 de fevereiro de 1972.

Graduou-se Engenheiro-Agrônomo pela Faculdade de Agronomia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, em janeiro de 1996. No mês de março do mesmo ano, iniciou atividades como bolsista de aperfeiçoamento, no Departamento de Horticultura e Silvicultura da Faculdade de Agronomia na mesma Universidade.

Em março de 1999 concluiu o curso de Mestrado em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa. Em abril do mesmo ano iniciou o curso de doutorado no Curso de Genética e Melhoramento da mesma Universidade.

Desde junho de 2002 exerce atividade como pesquisadora da Embrapa Algodão, na área de Melhoramento de Plantas.

CONTEÚDO

	Página
RESUMO.....	vii
ABSTRACT.....	ix
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	3
2.1. Aspectos do melhoramento do maracujá.....	3
2.2. Crestamento bacteriano do maracujazeiro.....	6
2.3. Melhoramento visando resistência de plantas a doenças.....	7
2.4. Avaliação da precisão experimental e de fatores que poderiam contribuir para elevar o valor do coeficiente de variação (CV).....	11
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	16
3.1. Obtenção dos acessos de maracujá.....	16
3.2. Origem e preservação do isolado de <i>Xanthomonas campestris</i> pv. <i>passiflorae</i> e obtenção da suspensão bacteriana.....	18
3.3. Avaliação e seleção dos acessos de maracujá quanto à resistência ao crestamento.....	18
3.3.1. Teste de Scott e Knott.....	20
3.4. Obtenção e avaliação das famílias de meios-irmãos dos acessos selecionados.....	21
3.5. Verificação da precisão experimental e de fatores que	

poderiam contribuir para elevar o valor do coeficiente de variação (CV).....	23
3.5.1. Teste de Tukey para não-aditividade.....	23
3.5.2. Teste de Shapiro-Wilk para verificar a normalidade de distribuição dos erros.....	25
3.5.3. Teste de Bartlett.....	25
3.5.4. Análise gráfica dos resíduos.....	26
3.5.4.1. Obtenção dos resíduos.....	27
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	30
4.1. Avaliação dos acessos quanto à resistência ao crestamento bacteriano.....	30
4.2. Avaliação das famílias de meios-irmãos quanto à resistência ao crestamento bacteriano.....	33
4.3. Verificação da precisão experimental e de fatores que poderiam contribuir para elevar o valor do coeficiente de variação (CV).....	37
4.3.1. Dados referentes às avaliações dos acessos quanto à resistência ao crestamento bacteriano.....	37
4.3.2. Dados referentes às avaliações das famílias de meios- irmãos de maracujá-amarelo quanto à resistência ao crestamento bacteriano.....	42
5. CONCLUSÕES.....	47
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	48

RESUMO

SUASSUNA, Taís de Moraes Falleiro, D. S., Universidade Federal de Viçosa, março de 2004. **Seleção em maracujá-amarelo para resistência ao cretamento bacteriano.** Orientador: Claudio Horst Bruckner. Conselheiros: Pedro Crescêncio Souza Carneiro, Reginaldo da Silva Romeiro e Luiz Antonio Maffia.

Com o objetivo de identificar fontes de resistência ao cretamento bacteriano do maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*), foram avaliados 33 acessos de maracujá-amarelo obtidos de diferentes regiões do País. Procedeu-se a inoculação artificial das folhas de mudas dos acessos em condições controladas de luz e temperatura e a determinação da área lesionada (AL), em cm², 15 dias após a inoculação, por meio de imagens digitalizadas das folhas inoculadas. Houve diferença significativa entre os tratamentos, indicando variabilidade quanto à resistência à doença. A média geral do experimento foi 15,51 cm² de AL e o coeficiente de variação experimental (CV) 33,44 %. As médias dos tratamentos variaram de 4,27 a 28,04 cm². Na segunda etapa, foi formada uma população composta por oito acessos que apresentaram valores de AL inferiores a 10 cm² e três que exibiram valores de AL entre 10 e 15 cm². Os acessos selecionados foram plantados no pomar da UFV, com o objetivo de obter famílias de meios-irmãos para realizar um ciclo de seleção com teste de progênies. Foram obtidas 48 famílias de meios-irmãos, que representavam de três a cinco plantas de cada acesso selecionado. A inoculação e avaliação da resistência seguiram os

mesmos procedimentos descritos anteriormente. Não houve diferença significativa entre os tratamentos. A média geral desta avaliação foi 4,75 cm² de AL e o CV 45,80%. Mais de 50% das famílias apresentaram AL média inferior a 5 cm². O baixo valor das médias de AL das famílias de meios-irmãos avaliadas possivelmente decorre da combinação de genes de maior e menor efeito para resistência ao crestamento, presente nos acessos originados de diferentes regiões do país, pois as plantas que originaram essas famílias foram mantidas em uma mesma área. Os dados das duas avaliações atenderam às pressuposições de aditividade dos efeitos do modelo e normalidade de distribuição dos erros, porém foi constatada heterogeneidade das variâncias residuais. Foi constatada a ocorrência de um grupo de tratamentos, tanto nas avaliações dos acessos quanto nas avaliações das famílias que apresentavam variâncias com magnitudes elevadas, caracterizando heterocedasticidade do tipo irregular. A variância acentuada de parte dos tratamentos foi o fator determinante do alto valor do coeficiente de variação, obtido tanto nas avaliações dos acessos quanto das famílias de meios-irmãos. Em consequência, o valor da estimativa do quadrado médio do resíduo é superestimado, resultando em CVs mais altos.

ABSTRACT

SUASSUNA, Taís de Moraes Falleiro, D.S., Universidade Federal de Viçosa, March 2004. **Selection in yellow passionfruit for resistance to bacterial blight.** Adviser: Claudio Horst Bruckner. Committee Members: Pedro Crescêncio Souza Carneiro, Reginaldo da Silva Romeiro and Luiz Antonio Maffia

The aim of this work was to identify sources of resistance to passion fruit bacterial blight, caused by *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae*. In the first trial, 33 yellow passionfruit accessions from several regions of Brazil were evaluated. In a growth chamber environment, leaves of seedlings were inoculated with a bacterial inoculum. The leaf lesion area (LA) was measured from digital images taken at the fifth day after inoculation. It was detected significant differences among the accessions. The general mean of the trial was 15,51 cm² and the variation coefficient (CV) 33,44 %. The accessions means varied from 4,27 to 28,04 cm². Of the eleven accessions selected, eight had LA shorter than 10 cm² and three LA ranging from 10 to 15 cm². Forty eight halfsib families were obtained from the selected genotypes – three to five families of each selected accession – in order to make another evaluation and selection based in these progeny tests. Inoculation and evaluation of the families were done according to the preceding description. There was no significant differences among the families. The general mean of the families was 4,75 cm² and CV value was 45,80%. More than 50% of the families exhibited AL mean lower than 5 cm².

The 48 halfsib families evaluated are the result of the crossing among the selected accessions, considering that the plants that originated the families were planted in the same orchard. Probably the low value of the mean AL of the families is the result of loci of major and minor effects combined. Data of both evaluations satisfied the assumptions of the analysis of variance to additivity of the effects of the statistical model and normal distribution of the residuals. However, heterocedasticity was detected for the data of the evaluation of the accessions and the halfsib families. It was showed that part of the treatments of both evaluations had higher variances, characteristic of the irregular type of heterocedasticity. The discrepancy of response of this group of treatments inflated the estimative of residual variance, resulting in higher experimental variance coefficients.

1. INTRODUÇÃO

O interesse dos agricultores de diversas regiões do país pela cultura do maracujá tem aumentado a cada ano. A motivação decorre de fatores como bons preços de mercado e produção no primeiro ano de plantio.

Nos últimos 20 anos ocorreram aumentos significativos em área plantada e produtividade no Brasil. Em 2002, o Brasil produziu 478.652 t de maracujá, com produtividade de 13.763 kg/ha. As regiões sudeste e nordeste são os principais produtores, responsáveis por 84,30% da produção nacional, sendo que a região sudeste exibiu a maior produtividade no ano de 2002, alcançando 19.656 kg/ha (IBGE, 2003).

Apesar dos incrementos em produção e produtividade observados, a produção de maracujá no Brasil tem-se caracterizado pela migração da área de cultivo de uma região para outra, motivada por vários fatores, dentre eles os problemas fitossanitários. Redução na produtividade e depreciação da qualidade dos frutos, além de redução na vida útil das lavouras, são alguns dos danos relatados devido à ocorrência de doenças como murcha de *Fusarium*, antracnose, verrugose, vírus do endurecimento do fruto, fitoplasma do superbrotamento do maracujazeiro e crestamento bacteriano (LIBERATO e COSTA, 2001, KITAJIMA e REZENDE, 2001).

Os programas de melhoramento de plantas incluem a resistência às principais doenças como uma das características essenciais no

desenvolvimento de variedades melhoradas (BORÉM, 2001). Para cada cultura, é necessário conhecer quais são os patógenos mais importantes e quais as fontes de genes de resistência a esses patógenos.

O crestamento bacteriano do maracujá ocorre na maioria das regiões produtoras do Brasil. O dano pode chegar à morte das plantas, atingindo pomares inteiros, especialmente se ocorrerem chuvas constantes e altas temperaturas. Essa doença, cujo agente causal é a bactéria *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae*, não é controlada de maneira eficiente por produtos químicos (LIBERATO e COSTA, 2001).

O controle de doenças causadas por *Xanthomonas* mediante o desenvolvimento de variedades resistentes tem sido uma estratégia utilizada com sucesso em diversas culturas, incluindo o tomate (PEDLEY e MARTIN, 2003), o pimentão (GASSMANN et al., 2000) e a mandioca (FUKUDA, 1984).

Trabalhos como os de BARBOSA (1995) e BERIAM (1997) mostram a existência de variabilidade entre plantas de maracujá-amarelo quanto à resistência ao crestamento. A possibilidade de seleção de plantas resistentes em populações de maracujá comercial é importante, pois permitiria combinar resistência à bacteriose e características agronômicas desejáveis.

Os principais objetivos deste trabalho foram: a) identificar fontes de resistência ao crestamento bacteriano em acessos de maracujá provenientes de diferentes regiões do Brasil; b) iniciar o processo de obtenção de uma população de maracujá-amarelo resistente ao crestamento bacteriano, utilizando o teste de progênies.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Aspectos do melhoramento do maracujá

As espécies comestíveis de maracujá têm origem nas florestas da América do Sul, na região da Amazônia brasileira e, possivelmente, no Paraguai e norte da Argentina (LEITÃO FILHO e ARANHA, 1974).

O maracujá-roxo (*Passiflora edulis* f. *edulis*) é adaptado aos subtrópicos mais frios ou maiores altitudes, enquanto que o maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) é encontrado nos trópicos e nas altitudes menores. O intercruzamento entre essas duas formas ocorre livremente, gerando descendentes férteis, com características intermediárias aos parentais (WINKS, 1988).

Em alguns países, como na Austrália, as variedades roxas são mais cultivadas, pois a qualidade do suco e da polpa são considerados superiores. No Brasil, as variedades amarelas são mais cultivadas que as variedades roxas por características como frutos maiores, maior produtividade, suco mais ácido e de coloração mais atraente, permitindo à indústria maior flexibilidade para adição de açúcar (BLISKA et al., 1994).

O maracujazeiro exibe flores grandes, atraentes, coloridas, aromáticas, que exalam forte odor, com néctar abundante na base da corona, sendo muito visitadas por insetos, os responsáveis pela polinização cruzada. Segundo

LEONE (1990), as mamangavas, abelhas do gênero *Xylocopa*, são eficientes polinizadoras do maracujazeiro-amarelo.

A polinização é um importante fator a ser considerado nesta cultura, pois a frutificação, a qualidade, o tamanho e o peso dos frutos e a percentagem de suco dependem da eficiência da polinização (AKAMINE e GIROLAMI, 1959). Os mesmos autores constataram que não há dispersão do pólen pelo vento. Em locais onde a ocorrência de insetos polinizadores seja insuficiente, deve ser realizada a polinização manual.

A alogamia no maracujá é condicionada pela auto-incompatibilidade, em que o pólen de uma planta é incapaz de fertilizar as flores da mesma planta, e diferentes plantas podem ou não ser compatíveis entre si (NETTANCOURT, 1977). A reação de auto-incompatibilidade requer a expressão do loco *S* no pólen e no pistilo, fazendo que a planta reconheça e rejeite o próprio pólen ou o pólen de outra planta que apresente o mesmo fenótipo *S*.

A auto-incompatibilidade presente no maracujazeiro é do tipo homomórfica esporofítica (BRUCKNER et al., 1995). Alguns trabalhos mostram que um segundo gene, de ação gametofítica (*G*), modifica o fenótipo *S*, resultando em cruzamentos compatíveis quando o resultado esperado seria a incompatibilidade do cruzamento (LEWIS, 1994). Em maracujá também existe a evidência de que a auto-incompatibilidade seja regulada por dois genes: o gene *S*, do sistema esporofítico, e um segundo gene, *G*, de ação gametofítica (SUASSUNA et al., 2003).

A incompatibilidade entre plantas que apresentem o mesmo fenótipo *S* exige que os plantios comerciais tenham suficiente diversidade de alelos *S* para garantir boa frutificação. A produção em áreas cultivadas com híbridos simples, originários de linhagens homozigotas para alelos *S*, seria totalmente comprometida, pois todas as plantas seriam incompatíveis entre si. Híbridos duplos teriam insuficiente diversidade de alelos *S*, especialmente em áreas extensas, onde a polinização por insetos é menos eficiente. MELETTI e BRUCKNER (2001) sugerem obter a semente híbrida de linhagens auto-incompatíveis polinizadas por linhagens que possuam diferentes alelos *S*. Desta forma, o híbrido apresentaria suficiente diversidade de alelos para não comprometer a frutificação.

Variedades sintéticas e compostos seriam boas opções no melhoramento do maracujá, pois teriam diversidade de alelos S, o que a princípio garantiria maior eficiência na frutificação, além da possibilidade de o agricultor obter a própria semente (MELETTI e BRUCKNER, 2001).

Os trabalhos de melhoramento genético do maracujá, até recentemente, enfatizaram a seleção de características como produtividade, tamanho de fruto e qualidade da polpa (MELETTI, 2000, MELETTI, 1998, MELETTI e MAIA, 1999). Com a expansão da área de plantio e o agravamento de problemas fitossanitários, a avaliação da resistência dos genótipos às principais doenças passou a fazer parte dos principais programas de pesquisa com a cultura no país (BARBOSA, 1995, ALBUQUERQUE, 2001, CARNEIRO et al., 2002, JUNQUEIRA et al., 2003).

A resistência de diferentes espécies de maracujá quanto ao cretamento bacteriano foi avaliada por BARBOSA (1995) em oito acessos de maracujá-amarelo, quatro acessos das espécies não cultivadas *P. giberti*, *P. caerulea*, *P. laurifolia* e *P. foetida* e um híbrido interespecífico (*P. giberti* x *P. edulis*). Os resultados mostraram que as espécies não cultivadas apresentaram os menores valores de AL (4,4 a 10,81 cm²), enquanto as plantas da espécie comercial foram, em média, mais suscetíveis (25,7 cm²). Na avaliação de genótipos da espécie comercial, os valores de AL oscilaram entre 15,96 e 34,88 cm². Já o híbrido interespecífico apresentou 20,36 cm² de AL, um valor intermediário entre as médias dos pais. Uma importante constatação do autor foi que, embora as plantas de maracujá comercial tenham se mostrado suscetíveis, houve variação considerável em termos de AL, sendo que duas apresentaram valor de AL menor que o do híbrido interespecífico.

Com o objetivo de selecionar genitores e suas combinações híbridas, ALBUQUERQUE (2001) incluiu, entre outras características avaliadas, a resistência a verrugose e antracnose. A avaliação foi feita visualmente, baseada em uma escala de notas arbitrária, que variou de 1 a 3 nas plantas menos e mais infectadas, respectivamente. Os tratamentos apresentaram variabilidade quanto à resistência para as duas doenças. Os coeficientes de variação experimental nestas avaliações foram altos, 32,58% na avaliação de resistência à verrugose e 38,70% na avaliação para resistência à antracnose.

JUNQUEIRA et al. (2003) avaliaram a resistência de onze variedades de maracujá-amarelo quanto à virose do endurecimento do fruto, antracnose, verrugose e crestamento. A avaliação foi baseada em escala de notas e realizada nos frutos colhidos durante um período de cinco meses. Não foi constatada diferença significativa entre os tratamentos.

2.2 Crestamento bacteriano do maracujazeiro

O crestamento bacteriano do maracujá, causado por *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae*, é uma das doenças mais prejudiciais à cultura no Brasil (MALAVOLTA, 1998). Ocorre em todas as regiões produtoras do país e o dano pode causar queda das folhas e morte das plantas, que pode acontecer num prazo de 4 a 12 meses (DIAS E TAKATSU, 1990).

Xanthomonas campestris pv. *passiflorae* foi relatada originalmente como *X. passiflorae* por PEREIRA (1969), em São Paulo, que isolou a bactéria de plantas oriundas de um pomar da cidade de Araraquara. De acordo com sua descrição, os sintomas típicos manifestam-se nas partes tenras ou suculentas dos tecidos, estendendo-se aos elementos vasculares adjacentes, podendo acarretar inutilização dos frutos para consumo, além de destruição total das plantas, pois folhas e ramos atacados sofrem queda prematura.

Outras espécies de maracujazeiro suscetíveis a esta bacteriose são *P. alata*, *P. serrato-digitata*, *P. amethystina* (BERIAM et al., 1999). BARBOSA (1995) verificou que as espécies *P. setacea*, *P. caerulea*, *P. giberti* e *P. foetida* são resistentes. Há também relatos de resistência em *P. molissima* e *P. cincinnata* (Neto et al., 1984, Dias, 1990, Menten et al., 1993, citados por MALAVOLTA, 1998).

Em inoculações artificiais o período de incubação variou de cinco a 15 dias (PEREIRA, 1969, BERIAM, 1997). A influência da temperatura no período de incubação foi constatada por PERUCH et al. (1997). DIAS e TAKATSU (1988) relataram diferenças quanto à virulência em 20 isolados de *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae* obtidos de diferentes regiões do Brasil.

A disseminação da doença de uma lavoura para outra, ou mesmo para regiões diferentes, ocorre por meio de mudas e sementes infectadas. DIAS e TAKATSU (1990) constataram a infecção de 1,85% das sementes provenientes de plantas infectadas. A utilização de sementes sadias é uma das principais medidas de controle desta bacteriose, por evitar a introdução da doença por meio de mudas contaminadas (MALAVOLTA, 1998).

Outras práticas recomendadas para reduzir a incidência desta doença são: adubação equilibrada do pomar, evitando principalmente o excesso de nitrogênio; realização de tratos culturais de maneira que não causem danos às plantas; utilização de quebra-ventos.

O controle químico pode ser feito mediante o uso de produtos registrados (ANVISA). Estão disponíveis no mercado produtos que utilizam como ingredientes ativos oxitetraciclina + sulfato de cobre, oxitetraciclina + estreptomicina e casugamicina.

A utilização de variedades resistentes à bacteriose é uma das práticas mais recomendadas. No entanto, não existem variedades resistentes ao crestamento. Os trabalhos de melhoramento de maracujá começaram há 20 anos e visaram principalmente a seleção para produtividade, tamanho de fruto e teor de sólidos solúveis do suco (BRUCKNER e MELETTI, 2001). No entanto, alguns trabalhos têm relatado a existência de variabilidade entre genótipos para resistência ao crestamento, tanto em espécies silvestres quanto na espécie cultivada (BERIAM, 1997, BARBOSA, 1995), indicando possibilidade de seleção para esta característica.

2.3 Melhoramento visando resistência de plantas a doenças

O melhoramento de plantas visando resistência a doenças utiliza os mesmos métodos de melhoramento empregados para a seleção das demais características de interesse.

Para cada cultura, é necessário conhecer quais são os patógenos mais importantes e quais as fontes de genes de resistência a esses patógenos (YORINORI e KIIHL, 2001). A complexidade desse tipo de trabalho requer o

envolvimento principalmente de melhoristas e fitopatologistas para realizar uma série de atividades: identificar fontes de genes de resistência; definir a estratégia de melhoramento a ser adotada; avaliar adequadamente a doença na planta; isolar e preservar o patógeno para diversos tipos de estudos, como os de biologia de populações; proceder à identificação de raças; monitorar o surgimento de raças novas.

As doenças de plantas, na maioria dos casos, são o resultado de uma interação específica entre o patógeno e o hospedeiro, sob influência do ambiente.

Na natureza, a maioria das plantas é resistente à maioria dos patógenos. Esta proteção passiva contra patógenos não especializados utiliza estratégias como camadas de cera na epiderme e compostos antimicrobianos pré-formados. A resistência é manifestada de diferentes formas, e freqüentemente associada à reação de hipersensibilidade (HR), em que as células da planta hospedeira em contato com o patógeno morrem, impedindo a reprodução e o crescimento da população do patógeno (DANGL e JONES, 2001).

A base genética da resistência mediada pela HR foi esclarecida por FLOR (1956), estudando a herança da resistência de linho a ferrugem incitada por *Melampsora lini*. FLOR dispunha de uma coleção de raças do agente causador da ferrugem em linho, e de variedades de linho resistentes a algumas destas raças. A demonstração de que o fenótipo de resistência segregava com o fenótipo de avirulência do patógeno o levou a elaborar a teoria gene-a-gene: para cada gene condicionando resistência (R) no hospedeiro, existe um gene correspondente condicionando avirulência (Avr) no patógeno. FLOR também constatou que a resistência e a avirulência são, de modo geral, características dominantes. A teoria gene-a-gene leva a dedução de que a resistência só ocorre quando o produto do gene de resistência interage com o produto do gene de avirulência. Esse reconhecimento promoveria a ativação de genes que desencadeiam a HR.

A teoria gene-a-gene tem sido descrita para diversos patossistemas, desde patógenos intracelulares obrigatórios (vírus, micoplasmas), até patógenos intercelulares facultativos e obrigatórios (bactérias, fungos e nematóides). Para muitos pesquisadores, um mecanismo comum ou similar de

reconhecimento e de transdução de sinal poderia estar envolvido em diferentes rotas de sinalização gene-a-gene (DANGL e JONES, 2001).

Segundo DANGL e JONES (2001), a evolução da resistência de plantas a doenças pode ser entendida da seguinte forma: a) o ponto de partida é considerado ser a interação compatível, em que o patógeno tenha evoluído para ser virulento em uma dada espécie de planta; b) a seleção no hospedeiro atua, e indivíduos do hospedeiro que reconhecem especificamente o patógeno, resistindo à infecção, permanecem na área; isso pode acontecer quando um receptor, envolvido na defesa a patógenos de uma maneira geral, sofre modificações que o capacitam a reconhecer aquele patógeno especificamente (o produto de um gene de avirulência do patógeno); c) em contra-partida, o patógeno pode sofrer uma mutação em avr, escapando do sistema de reconhecimento da planta; este é um fenômeno essencial para os parasitas obrigatórios; d) o hospedeiro torna-se suscetível novamente, e a seleção atuará para revelar um novo gene R que reconheça a nova especificidade.

O fenótipo de resistência ocorre apenas quando os genes de resistência da planta são capazes de detectar genes de avirulência do patógeno. Na ausência tanto dos genes de resistência da planta quanto dos genes de avirulência do patógeno, o resultado da interação será doença. Dessa forma, a evolução da interação gene-a-gene pode ser vista como um processo contínuo, que como consequência gera uma diversidade de genes R, em diferentes indivíduos, nas populações de plantas das espécies hospedeiras e uma correspondente diversidade de genes de avirulência, em diferentes raças dos patógenos (DANGL e JONES, 2001).

A diversidade de genes R existente é o produto de um processo evolucionário que parece seguir duas vias principais: uma pode ser ilustrada pelo loco M de resistência à ferrugem em linho, em que arranjos em tandem de genes R com diferentes especificidades são encontrados no genoma da planta; outra é exemplificada pelo gene L, também de resistência de linho à ferrugem, onde as especificidades se comportam como alelos do mesmo loco, e as diferentes especificidades existentes no heterozigoto não podem ser recombinadas (DANGL e JONES, 2001). Desta forma, fica evidente a importância de conhecer e utilizar os recursos genéticos da espécie de interesse.

Um relato interessante sobre o uso de recursos genéticos no desenvolvimento de cultivares resistentes a doenças, e o impacto econômico dessa medida, foi feito por ISLEIB et al. (2001). Os autores descreveram a utilização de diversos acessos pelos programas de melhoramento de amendoim dos Estados Unidos. Cultivares resistentes a vírus, fungos e nematóides apresentam, em sua genealogia, acessos ou descendentes de acessos provenientes de diversos países, principalmente da América do Sul. Curiosamente, no decorrer da análise do impacto econômico causado pelo uso de cultivares resistentes às principais doenças, os autores citam a utilização de dois acessos coletados no Brasil. O acesso PI 221057, proveniente do Instituto Borges de Medeiros, atual Faculdade de Agronomia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, tem sido utilizado como fonte de resistência à mancha de *Sclerotinia*. A área ocupada pelos cultivares resistentes derivados desse acesso foi estimada em 16.200 ha em 2000. Outro acesso, PI 203396 é fonte de resistência múltipla a doenças, incluindo mancha-preta, podridão do caule e vírus do vira-cabeça do tomateiro. Esse acesso foi coletado no mercado público da cidade de Porto Alegre, também no estado do Rio Grande do Sul. Embora considerem difícil avaliar precisamente os benefícios da introgressão de genes de resistência de acessos provenientes de outros países nas populações melhoradas de amendoim nos programas de melhoramento dos Estados Unidos, os autores calcularam o custo do controle químico e estimaram que o impacto econômico poderia ultrapassar 200 bilhões de dólares.

A especificidade da interação entre hospedeiro e patógeno, descrita pela teoria gene-a-gene, resulta em fenótipos facilmente reconhecidos, quais sejam, os sintomas da doença, resultante de uma interação compatível entre hospedeiro e patógeno, ou a resistência manifestada pela ocorrência da HR, também conhecida como resistência completa, produto de uma interação incompatível (STASKAWICZ et al., 1995).

No entanto, é possível observar variações na intensidade em que a doença se manifesta. Essa variação pode ser percebida em diferenças quanto a características como número e tamanho das lesões, entre outras, sendo denominada resistência quantitativa. A resistência quantitativa, também denominada resistência parcial, atua reduzindo a reprodução e o crescimento

da população do patógeno, dentro de um contexto de interação compatível (WANG et al., 1994).

A avaliação da resistência quantitativa, ou parcial, é mais trabalhosa por exigir que se façam medições e contagens dos sintomas, ao invés da classificação dos genótipos em duas classes apenas. Também é mais influenciada pelo ambiente do que a avaliação da resistência qualitativa, sendo geralmente condicionada por vários genes (VALENT et al., 1991). Além disso, a presença de genes de resistência qualitativa dificulta a avaliação fenotípica da resistência quantitativa ou parcial, devido à sobreposição de seus efeitos aos dos genes responsáveis pelas variações quantitativas da manifestação da doença (WANG et al., 1994).

O efeito combinado de genes de efeito quantitativo pode resultar em um fenótipo semelhante ao de um gene de efeito qualitativo (WANG et al., 1994). Os autores relataram, nesse mesmo trabalho, o efeito de genes de resistência parcial na expressão de genes de maior efeito, evidenciando a importância da resistência quantitativa em estudos de herança da resistência.

2.4. Avaliação da precisão experimental e de fatores que poderiam contribuir para elevar o valor do coeficiente de variação (CV)

O coeficiente de variação (CV) fornece uma idéia da precisão do experimento e corresponde ao valor obtido pela razão entre o desvio padrão do erro e a média experimental, expresso em porcentagem (GOMES, 1990).

De acordo com os resultados obtidos em ensaios agrícolas, GOMES (1990) considera que valores de CV até 10% podem ser considerados baixos, entre 10 e 20% médios, quando variam de 20 a 30% altos e acima de 30% muito altos. Mesmo considerando que ensaios para diferentes características, em diferentes culturas, tenham intervalos variáveis para classificar o CV, valores altos denunciam que uma parte importante da variação para essa característica não está sendo explicada pelo modelo estatístico adotado.

A inadequação da metodologia de avaliação adotada pode ser um fator determinante na obtenção de resultados inconsistentes, gerando variações nas

observações além das atribuídas aos efeitos dos tratamentos e do erro aleatório, previstas pelo modelo estatístico eleito pelo pesquisador. Essas variações são incluídas na estimativa do quadrado médio do resíduo, resultando em valores do coeficiente de variação mais altos.

Outra possibilidade é a existência de variação acentuada dos tratamentos sob avaliação, ou pelo menos de parte deles (COCHRAN, 1947). Essa variação diferenciada entre os tratamentos resultaria em uma estimativa superestimada da variância do erro experimental, que por sua vez resultaria num coeficiente de variação de valor alto.

A consequência, considerando qualquer uma das duas hipóteses citadas anteriormente, é a não adequação dos dados ao modelo estatístico adotado ou vice-versa. Erros grosseiros, não-aditividade dos efeitos reais, não-normalidade e não-independência dos erros e heterogeneidade da variância residual são apontados como fatores que comprometem a avaliação dos dados por meio da análise de variância (DEMÉTRIO, 1978). Numa situação como essa, as estimativas dos efeitos de tratamentos e as inferências baseadas na análise de variância ficam comprometidas. Para identificar que fatores poderiam estar causando estas perturbações, é necessário realizar uma análise criteriosa dos dados, com relação ao atendimento das pressuposições da análise de variância.

As pressuposições que tornam válida a análise de variância (COCHRAN, 1947), são:

- a) aditividade dos efeitos do modelo estatístico.
- b) os erros apresentam distribuição normal.
- c) os erros são independentemente distribuídos entre as observações.
- d) os erros apresentam variância comum.

Se o modelo linear escolhido para o estudo dos dados por meio da análise de variância for apropriado, é de se esperar que as hipóteses básicas impostas por ele sejam atendidas.

Na prática, muitas vezes as pressuposições não são atendidas (NETER et al., 1996). No entanto, a análise de variância é bastante robusta contra alguns tipos de violações do modelo, como distribuição não exatamente normal dos erros. Sendo assim, o principal propósito da verificação da adequação do

modelo é identificar graves distorções das condições requeridas para efetuar a análise de variância (NETER et al., 1996).

As conseqüências nas falhas ao atendimento das pressuposições da análise de variância são discutidas por alguns autores, bem como as medidas mais adequadas para contornar esses problemas e tornar válida a análise de variância.

A não-aditividade pode ocorrer, segundo DEMÉTRIO (1978), pela influência de diferentes fatores:

- presença de erros grosseiros, caracterizados como resultados muito diferentes das demais observações, ou pela introdução acidental de uma observação.

- existência de interações, além dos efeitos principais e do erro, previstos pelo modelo estatístico.

De acordo com a mesma autora, a presença de erros grosseiros e de observações que não pertencem à avaliação pode ser detectada pela inspeção cuidadosa do conjunto de dados. Se a não-aditividade for causada pela existência de interações, pode ser que uma transformação dos dados seja necessária.

COCHRAN (1947) analisa as conseqüências da realização da análise de variância com dados que não atendam às suas pressuposições básicas. A violação da condição de normalidade dos erros não é considerada grave, uma vez que a análise de variância é considerada uma técnica relativamente robusta, não havendo comprometimento dos níveis de significância dos testes *F* e *t*. Já a heterogeneidade das variâncias residuais, heterocedasticidade, é considerada uma violação mais comprometedora. Diferenças na variância do erro de uma observação para outra, como regra, causariam perda na eficiência das estimativas dos efeitos dos tratamentos e na sensibilidade dos testes de significância. Quanto maior forem as diferenças nas variâncias residuais, maiores serão as perdas. Essa variação poderia ser decorrente de variações mais expressivas e, em alguns casos, previsíveis, de determinados tratamentos. Como exemplo, o autor cita experimentos em que os tratamentos consistem de diferentes doses de inseticida, em que é incluído um tratamento “controle”, sem aplicação de inseticidas. Neste tratamento, o número e a variedade de insetos deverá ser maior que nos demais.

A heterocedasticidade é classificada por COCHRAN (1947) em dois tipos: regular e irregular. A heterogeneidade de variâncias regular resulta de alguma forma de não normalidade dos erros, o que estabelece uma relação definida entre a média e a variância dos tratamentos. Uma vez determinada esta relação e conhecida a distribuição dos erros, pode-se determinar qual a transformação mais adequada para alcançar as condições de normalidade dos erros e homogeneidade das variâncias residuais (BARTLETT, 1947). Por outro lado, a heterogeneidade do tipo irregular caracteriza-se pela inexistência de qualquer relação definida entre a média e a variância dos tratamentos. Aconteceria devido ao fato de a “natureza” de alguns tratamentos determinar que a resposta destes seja mais variável que a dos demais, porém de uma maneira imprevisível e não “ordenada”. Neste caso, o autor sugere: omitir os tratamentos com maiores variâncias; decompor o quadrado médio do resíduo em componentes apropriados às comparações de interesse.

BARTLETT (1947) discute o uso das principais transformações: raiz quadrada, logarítmica, angular ou arco-seno e probito. O autor adverte que o único propósito do uso de determinada transformação de dados é estabilizar a variância, nos casos em que a variância tende a mudar em função da média. Se a maneira pela qual a variância muda em função da média é conhecida, então é possível determinar o tipo de transformação mais adequada para o conjunto de dados em questão. DEMÉTRIO (1978), ao investigar o uso de transformações em dados provenientes de diferentes ensaios agrícolas, verificou que a maioria dos autores o fez de maneira indiscriminada, sendo o único propósito reduzir o coeficiente de variação. Em muitos casos, a homogeneidade de variâncias residuais, principal objetivo da transformação, não foi alcançada.

Erros grosseiros, não aditividade dos efeitos reais, não normalidade e não independência dos erros e heterogeneidade das variâncias residuais são fatores que comprometem a avaliação dos dados por meio da análise de variância (DEMÉTRIO, 1978).

A presença de erros grosseiros e dados discrepantes podem ser a causa da ausência de normalidade dos erros e da heterogeneidade de variâncias. Observações discrepantes, do inglês “outlier”, são observações cujos erros

associados apresentam valores muito maiores do que os erros associados às demais observações.

NETER et al. (1996) recomendam verificar se o modelo estatístico adotado é adequado para o conjunto de dados, utilizando, entre outras ferramentas, a análise de resíduos.

A observação da dispersão gráfica dos resíduos permite verificar a ocorrência de fatores que contribuem para a violação de pressuposições da análise de variância, tais como: erros grosseiros e dados discrepantes, distribuição não-normal ou não-independente dos erros e heterogeneidade das variâncias residuais. Essa análise pode ser feita mediante a obtenção de um gráfico de dispersão dos resíduos padronizados, ou dos resíduos padronizados (d_{ij}) em função do valor estimado das observações (NETER et al., 1996, PARENTE, 1984).

A análise gráfica dos resíduos é considerada uma alternativa interessante na análise exploratória de dados, simples, de fácil execução e interpretação, sendo, portanto, muito útil na verificação do atendimento às pressuposições da análise de variância (NETER et al., 1996, PARENTE, 1984).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Obtenção dos acessos de maracujá

Foram obtidos 33 acessos de maracujá-amarelo (Quadro 1), provenientes de instituições de pesquisa e produtores, de diversas regiões do país.

O acesso procedente da Embrapa Amazônia Oriental (CPATU) é o resultado de seleção massal em um pomar de produção comercial no Pará para espessura da casca dos frutos inferior a 2 mm. Apresenta rendimento de suco de 42%, sendo provisoriamente identificado como CPATU-casca fina.

Os dois acessos enviados pela Embrapa Mandioca e Fruticultura (CNPMPF) e os 15 acessos oriundos da Universidade Federal de Viçosa (UFV) fazem parte dos programas de pesquisa com maracujá destas instituições.

A Empresa de Pesquisa Agropecuária e de Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI) enviou 11 acessos, que faziam parte do extinto programa de Melhoramento Genético do Maracujá, no município de Jacinto Machado. Esses acessos foram selecionados para tamanho de fruto, resistência à verrugose e ao crestamento bacteriano.

O acesso enviado pela Embrapa Acre (CPAFAC) e pelo Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR), são o resultado de coleta nos respectivos estados destas instituições. Os acessos de número 2 do Espírito Santo e 33 de Minas Gerais foram obtidos em pomares comerciais desses Estados.

Quadro 1 – Relação dos acessos avaliados e suas origens

Acesso	Município	Estado	Instituição / Procedência
1	Belém	Pará	CPATU
2	Linhares	Espírito Santo	Produtor
3	Londrina	Paraná	IAPAR
4	Cruz das Almas	Bahia	CNPMF
5	Cruz das Almas	Bahia	CNPMF
6	Rio Branco	Acre	CPAFAC
7	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
8	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
9	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
10	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
11	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
12	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
13	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
14	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
15	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
16	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
17	Jacinto Machado	Santa Catarina	EPAGRI
18	Viçosa	Minas Gerais	UFV
19	Viçosa	Minas Gerais	UFV
20	Viçosa	Minas Gerais	UFV
21	Viçosa	Minas Gerais	UFV
22	Viçosa	Minas Gerais	UFV
23	Viçosa	Minas Gerais	UFV
24	Viçosa	Minas Gerais	UFV
25	Viçosa	Minas Gerais	UFV
26	Viçosa	Minas Gerais	UFV
27	Viçosa	Minas Gerais	UFV
28	Viçosa	Minas Gerais	UFV
29	Viçosa	Minas Gerais	UFV
30	Viçosa	Minas Gerais	UFV
31	Viçosa	Minas Gerais	UFV
32	Viçosa	Minas Gerais	UFV
33	Guiricema	Minas Gerais	Produtor

CPATU: Centro de Pesquisa Agropecuária do Trópico Umido – Embrapa Amazônia Oriental

IAPAR: Instituto Agrônômico do Paraná

CNPMF: Centro Nacional de Pesquisa de Mandioca e Fruticultura Tropical – Embrapa Mandioca e Fruticultura

CPAFAC: Centro de Pesquisa Agroflorestal do Acre – Embrapa Acre

EPAGRI: Empresa de Pesquisa Agropecuária e de Extensão Rural de Santa Catarina

UFV: Universidade Federal de Viçosa

3.2. Origem e preservação do isolado de *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae* e obtenção da suspensão bacteriana

Para avaliar a resistência do maracujá-amarelo à *Xanthomonas campestris* pv *passiflorae*, foi utilizado o isolado 1171, cedido pelo Dr. Júlio Rodrigues Neto, pesquisador do Laboratório de Bacteriologia Vegetal do Instituto Biológico de São Paulo.

A suspensão bacteriana (inóculo) foi preparada em solução salina (NaCl a 0,85%), com densidade ótica (OD) igual a 0,1, a partir de culturas bacterianas mantidas em tubo de ensaio com meio de cultura 523, incubadas a 28 °C por 24 horas, de acordo com a descrição de BARBOSA (1995).

O armazenamento do isolado foi feito em geladeira, em tubos de ensaio com meio YGC, com culturas bacterianas crescidas por 48 horas, aos quais foi acrescido óleo mineral esterilizado, até formar uma camada de um centímetro sobre o crescimento bacteriano. As atividades de obtenção da suspensão bacteriana e armazenamento do isolado 1171 foram realizadas no Laboratório de Bacteriologia do Departamento de Fitopatologia da UFV.

3.3. Avaliação e seleção dos acessos de maracujá quanto à resistência ao crestamento

O experimento foi conduzido em delineamento experimental inteiramente casualizado, com duas repetições e três plantas por parcela. Cada acesso foi considerado um tratamento (Quadro 1).

As mudas dos 33 tratamentos foram mantidas em casa de vegetação, no Setor de Fruticultura do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), até alcançarem o desenvolvimento adequado para serem submetidas à inoculação, 2,5 meses após a emergência.

Para a realização do teste de resistência, as mudas foram transferidas para a câmara de crescimento do Departamento de Fitopatologia da UFV, em ambiente com controle de temperatura (30 °C) e fotoperíodo (12 horas luz diariamente).

Foi inoculada uma folha da porção mediana de cada muda dos 33 acessos. Uma gota de 10 µl de suspensão de inóculo foi depositada em um ferimento na superfície do limbo foliar, do tamanho de 0,5 cm², causado por conjunto multi-agulha. Quinze dias após a inoculação, as folhas inoculadas foram coletadas. Imediatamente após a coleta, foram obtidas imagens digitalizadas, utilizando scanner de mesa, para posterior determinação da área lesionada (AL), em cm², com auxílio do programa de análise de imagens Image Tool (UTHSCSA, University of Texas, Health Science Center, Sauto). Após a avaliação quanto à resistência ao cretamento bacteriano, estas mudas foram queimadas para evitar o risco de introdução desta doença na região.

A variável analisada foi área da lesão (AL), medida em cm², considerando a média das plantas da parcela experimental. Para a análise de variância do experimento foi adotado o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ik} = \mu + T_i + e_{ik}$$

em que

Y_{ik} = valor observado do i -ésimo genótipo, na k -ésima repetição;

μ = média geral;

G_i = efeito do i -ésimo genótipo (acesso) ($i = 1, 2, \dots, g$);

e_{ik} = erro aleatório ($k=1, 2, \dots, r$).

O efeito de genótipos foi considerado fixo, por terem sido avaliadas variedades provenientes de algumas regiões do país. Admitiu-se que:

$$E(\mathbf{m}) = \mathbf{m}; E(\mathbf{m}^2) = \mathbf{m}^2$$

$$E(G_i) = G_i; E(G_i^2) = G_i^2$$

$$e_{ik} \sim \text{NID}(0, \sigma^2);$$

O esquema de análise de variância e a esperança dos quadrados médios deste modelo estatístico está apresentado no Quadro 2.

Quadro 2 – Esquema da análise de variância e esperanças de quadrado médio

FV	GL	QM	E(QM)
Tratamentos	$g - 1$	QMG	$s^2 + r f_T^2$
Resíduo	$g(r - 1)$	QMR	s^2

Os tratamentos foram agrupados pelo método de Scott-Knott, descrito no item 3.3.1.

A seleção foi baseada nos valores da AL dos tratamentos. Tratamentos com valores abaixo de 10 cm² foram considerados resistentes, por ser esse o mesmo valor de AL exibido pelas espécies silvestres consideradas resistentes por BARBOSA (1995).

3.3.1. Teste de Scott e Knott

O procedimento de Scott e Knott é baseado em uma análise de agrupamento que forma grupos mutuamente exclusivos, não havendo, portanto, ambigüidade nos resultados (RESENDE, 2002).

Este teste utiliza a razão de verossimilhança para testar a significância de que os n tratamentos podem ser divididos em dois grupos de maneira que a soma de quadrados entre grupos seja maximizada. O número de grupos possíveis com n tratamentos é n-1. É recomendável ordenar os tratamentos de acordo com os valores de suas médias (RAMALHO et al., 2000).

Inicialmente, considerou-se o número de tratamentos $g = n$, procedendo-se da seguinte forma:

- i. Determinou-se a partição entre dois grupos que maximizasse a soma de quadrados entre grupos. Essa soma de quadrados, definida por B_0 , foi estimada da seguinte forma:

Sejam T_1 e T_2 os totais dos dois grupos, com k_1 e k_2 tratamentos em cada um.

$$B_0 = \frac{T_1^2}{k_1} + \frac{T_2^2}{k_2} - \frac{(T_1 + T_2)^2}{k_1 + k_2}$$

$$T_1 = \sum_{i=1}^{k_1} \bar{Y}_{(i)} \quad \text{e} \quad T_2 = \sum_{i=k_1+1} \bar{Y}_{(i)}$$

Sendo $\bar{Y}_{(i)}$ a média do tratamento da posição ordenada i. Os dois grupos foram identificados por meio da inspeção das somas de quadrados das

$g-1$ repartições possíveis, sendo g o número de tratamentos envolvidos no grupo de médias considerado.

ii. Determinou-se o valor da estatística I da seguinte forma:

$$I = \frac{p}{2(p-2)} \times \frac{B_0}{\hat{s}_0^2}$$

Em que \hat{s}_0^2 era o estimador de máxima verossimilhança de $\hat{s}_{\bar{Y}}^2$.

Considerou-se $s_{\bar{Y}}^2 = \frac{QME}{r}$ o estimador não viesado de $\hat{s}_{\bar{Y}}^2$ e v os graus

de liberdade associados a este estimador.

$$\hat{s}_0^2 = \frac{1}{g+v} \left[\sum (\bar{Y}_{(i)} - \bar{Y})^2 + v s_{\bar{Y}}^2 \right]$$

iii. Se $I \geq c_{(\alpha; g/(p-2))}^2$, rejeitava-se a hipótese de que os dois grupos fossem idênticos em favor da hipótese alternativa de que os dois grupos diferem.

iv. No caso de rejeitar essa hipótese, os dois subgrupos formados eram submetidos aos passos (i) a (iii), fazendo $g = k_1$ e $g = k_2$. O processo em cada subgrupo foi encerrado ao aceitar H_0 no passo (iii) ou se cada subgrupo contivesse apenas uma média.

3.4. Obtenção e avaliação das famílias de meios-irmãos dos acessos selecionados

Quinze mudas de cada um dos onze acessos selecionados foram plantadas no pomar do Setor de Fruticultura da UFV.

Para realizar o teste de progênies, foram derivadas famílias de meios-irmãos dos acessos selecionados, a partir de frutos obtidos em três a cinco plantas de cada acesso. A colheita de frutos em poucas plantas por acesso ocorreu devido à incidência de outras doenças, como fusariose e fitoplasma do superbrotamento, que reduziram muito o número de plantas de cada acesso. De cada planta foram colhidos pelo menos três frutos para constituir cada

família. Essa medida visou minimizar a possibilidade de as sementes de um fruto serem oriundas da fecundação pelo pólen de uma ou poucas plantas.

O ensaio foi conduzido em delineamento em blocos casualizados, com três repetições e quatro plantas por parcela.

A inoculação e avaliação dos tratamentos seguiram o procedimento descrito no item 3.3.

O modelo estatístico adotado foi o seguinte:

$$Y_{ik} = \mu + F_i + B_k + e_{ik}$$

no qual:

Y_{ik} = valor observado do i -ésimo genótipo, no k -ésimo bloco;

μ = média geral;

F_i = efeito da i -ésima família ($i = 1, 2, \dots, g$);

B_k = efeito do bloco k ($k = 1, 2, \dots, r$); e

e_{ik} = erro aleatório.

Nesta avaliação o efeito de genótipos foi considerado aleatório.

Foram admitidas as seguintes pressuposições:

$$G_i \sim \text{NID}(0, s_g^2);$$

$$B_k \sim \text{NID}(0, s_b^2);$$

$$e_{ik} \sim \text{NID}(0, \sigma^2);$$

B_k e e_{ik} são independentes.

O esquema da análise de variância encontra-se no Quadro 3.

Quadro 3 – Esquema da análise de variância e esperanças de quadrado médio

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	$r - 1$	QMB	$s^2 + gs_b^2$
Famílias	$g - 1$	QMG	$s^2 + rs_g^2$
Resíduo	$(r - 1)(g - 1)$	QMR	s^2

3.5. Verificação da precisão experimental e de fatores que poderiam contribuir para elevar o valor do coeficiente de variação (CV)

Ao realizar a análise de variância de determinado conjunto de dados, o valor do CV pode ser superestimado devido à influência de fatores, além do erro experimental. Esses fatores podem ser identificados pela investigação do atendimento às pressuposições da análise de variância pelo conjunto de dados.

A verificação da adequação dos dados das avaliações de maracujá quanto à resistência ao cretamento bacteriano para análise de variância foi feita por meio dos testes: Tukey para não-aditividade dos efeitos do modelo; Shapiro-Wilk para normalidade dos erros; Bartlett para homogeneidade das variâncias residuais.

A análise gráfica dos resíduos foi empregada para verificar a existência de dados discrepantes e erros grosseiros, não independência dos erros e heterogeneidade das variâncias residuais.

3.5.1. Teste de Tukey para não-aditividade

O teste de Tukey para não-aditividade consiste, basicamente, em testar as hipóteses:

H_0 : o modelo é aditivo

H_a : o modelo não é aditivo

Um modelo da análise de variância do teste de Tukey para não-aditividade, no caso de experimentos em blocos ao acaso, pode ser visto no Quadro 4. Esse teste mostra como isolar um grau de liberdade do resíduo quando os dados estão dispostos em uma tabela de dupla entrada, ou, por exemplo, no caso de se terem experimentos em blocos casualizados.

A nova fonte de variação, soma de quadrados para não-aditividade (SQNA), indica que a diferença entre os tratamentos não é constante para as diversas repetições. Neste caso, a soma de quadrados do resíduo (SQR) não está refletindo apenas a variação casual.

Quadro 4 – Análise de variância para experimentos em blocos casualizados, para realizar o teste de Tukey para não-aditividade, incluindo a fonte de variação não-aditividade e novo resíduo

FV	GL	SQ	QM	F
Tratamentos	g-1	SQTrat.	QMT	
Blocos	r-1	SQB	QMB	
Resíduo	(g-1) (r-1)	SQR	QMR	
Não-aditividade	1	SQNA	QMNA	QMNA/QMNR
Novo Resíduo	(g-1) (r-1) – 1	SQNR	QMNR	
Total	gr-1	SQT		

A soma de quadrados para não-aditividade foi calculada por:

$$SQNA = \frac{\left[\sum_{ik} Y_{ik} (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})(\bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{..}) \right]^2}{\sum_{ik} (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})^2 (\bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{..})^2} \quad \text{ou} \quad SQNA = \frac{\left(\sum_{ik} Y_{ik} Z_{ik} \right)^2}{\sum_{ik} Z_{ik}^2}$$

onde

$$z_{ik} = (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})(\bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{..})$$

Para obter a soma de quadrados do novo resíduo, fez-se o seguinte cálculo:

$$SQNR = SQR - SQNA$$

sendo que

$$SQR = SQT - SQTrat - SQB$$

Comparou-se o valor do F calculado (F_c) com o F tabelado (F_t) com 1 e (gr-g-r) graus de liberdade. Se significativo, rejeitava-se a hipótese de nulidade a um nível α de probabilidade, ou seja, o modelo apropriado não era aditivo.

3.5.2. Teste de Shapiro-Wilk para verificar a normalidade de distribuição dos erros

A verificação da normalidade de distribuição dos erros foi realizada pelo teste de Shapiro-Wilk, proposto por Shapiro e Wilk em 1965, conforme descrito por RESENDE (2002).

Para a realização do teste, procedeu-se da seguinte forma:

- a) ordenamento crescente das observações;
- b) estimou-se a variância das observações;
- c) calculou-se k : $k=n/2$ (n par) ou $k=(n-1)/2$ (n ímpar);
- d) estimou-se b por:

$$b = a_n(x_n - x_1) + a_{n-1}(x_{n-1} - x_2) + \dots + a_{n-k+1}(x_{n-k+1} - x_k)$$

sendo a_{n-k+1} tabelado para $n = 3, 4, \dots, 50$.

- e) Calculou-se a estatística W : $W = \frac{b^2}{\hat{\sigma}^2}$
- f) Comparou-se o valor calculado com o valor tabelado e, sob H_0 de normalidade, aceitou-se H_0 se o valor da estatística W calculada for menor que o valor da W tabelada.

3.5.3. Teste de Bartlett

Na análise de variância de um experimento, com I tratamentos, pode-se considerá-los como I amostras e testar a homogeneidade de suas variâncias amostrais pelas hipóteses:

$$H_0: \sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \dots = \sigma_I^2$$

H_a : pelo menos duas variâncias diferem entre si.

Assim, com g estimativas de s_i^2 , cada uma com o mesmo número de graus de liberdade $(r-1)$, calculou-se M , como a seguir:

$$M = 2,3026(r-1)(g \log \bar{s}^2 - \sum_i \log s_i^2)$$

onde

$$\bar{s}^2 = \frac{\sum_{i=1}^I s_i^2}{g}.$$

Sob a hipótese de nulidade, cada s_i foi considerado uma estimativa da mesma variância σ^2 . Para testar essa hipótese, comparou-se o valor de M com o valor de χ^2 com (g-1) graus de liberdade. Se M era maior ou igual ao valor tabelado $\chi^2_{(g-1)}$, aceitava-se H_0 .

A estatística M segue uma distribuição aproximada de χ^2 somente se os dados têm distribuição normal, sendo o teste de Bartlett muito sensível à falta de normalidade.

3.5.4. Análise gráfica dos resíduos

A análise gráfica de resíduos foi feita mediante a obtenção do gráfico de dispersão dos valores dos resíduos padronizados em função do valor predito das observações (NETER et al., 1996). A interpretação dos resultados foi baseada na observação da tendência formada pela dispersão dos pontos nos gráficos, conforme os exemplos ilustrados nas Figuras 1, 2, 3, 4, 5 e 6.

Se o modelo matemático fosse adequado aos dados, o gráfico exibiria pontos numa faixa compreendendo os valores de +3 a -3 para d_{ik} , distribuídos ao acaso entre os valores preditos das observações, conforme pode ser observado na Figura 1.

A presença de um dado discrepante numa análise gráfica de resíduos está exemplificada na Figura 2. O valor de d_{ik} igual a 6 é considerado um “outlier”.

Havendo heterogeneidade das variâncias residuais, o gráfico dos d_{ij} em função dos valores ajustados das observações (\hat{Y}_{ik}) pode apresentar padrões de dispersão dos pontos características, como pode ser visto nas Figuras 3, 4, 5 e 6.

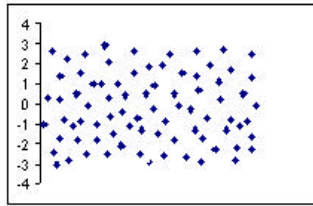


Figura 1 – Representação gráfica dos resíduos padronizados, quando existem as condições ideais para análise dos dados. (Adaptado de NETER e WASSERMAN, 1974)

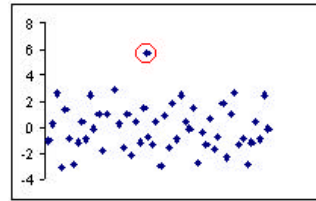


Figura 2 – Representação gráfica de resíduos padronizados, evidenciando a presença de um dado discrepante. (Adaptado de NETER e WASSERMAN, 1974)

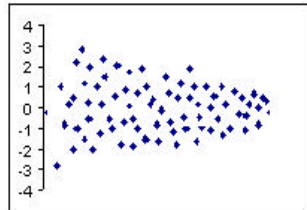


Figura 3 – Representação gráfica dos resíduos padronizados, indicando diminuição da variância à medida em que \hat{Y}_{ik} aumenta. (Adaptado de NETER e WASSERMAN, 1974)

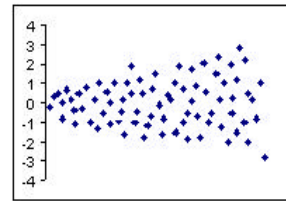


Figura 4 – Representação gráfica dos resíduos padronizados, nos casos em que a variância cresce a medida que \hat{Y}_{ik} aumenta. (Adaptado de NETER e WASSERMAN, 1974)

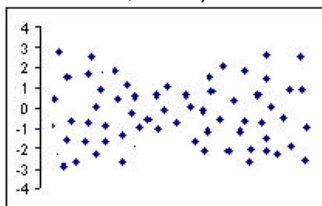


Figura 5 – Representação gráfica dos resíduos padronizados, havendo diminuição da variância para valores médios de \hat{Y}_{ik} . (Adaptado de NETER e WASSERMAN, 1974)

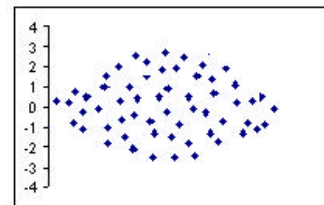


Figura 6 – Representação gráfica dos resíduos padronizados, quando há aumento da variância para valores médios de \hat{Y}_{ik} . (Adaptado de NETER e WASSERMAN, 1974)

3.5.4.1. Obtenção dos resíduos

O cálculo do valor dos resíduos das observações foi feito de acordo com o delineamento adotado para cada avaliação.

a) Delineamento Inteiramente Casualizado

Neste delineamento, utilizado para realizar a avaliação dos acessos de maracujá, adotou-se o seguinte modelo:

$$Y_{ik} = m + t_i + e_{ik}$$

em que

$$Y_{ik} = \bar{Y}_{..} + (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}) + (Y_{ik} - \bar{Y}_{i.})$$

$\bar{Y}_{..}$ = média amostral

$\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}$ = desvio entre tratamentos

$Y_{ik} - \bar{Y}_{i.}$ = desvio dentro dos tratamentos

O valor ajustado das observações foi obtido por:

$$\hat{Y}_{ik} = \bar{Y}_{..} + (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}),$$

$$\hat{Y}_{ik} = \bar{Y}_{..} + \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..},$$

$$\hat{Y}_{ik} = \bar{Y}_{i.}$$

então,

$$e_{ik} = Y_{ik} - \hat{Y}_{ik}$$

$$e_{ik} = Y_{ik} - \bar{Y}_{i.}$$

b) Delineamento em Blocos Casualizados

Neste delineamento, empregado na avaliação das famílias de meios-irmãos, adotou-se o seguinte modelo:

$$Y_{ik} = m + t_i + b_k + e_{ik}$$

em que

$$Y_{ik} = \bar{Y}_{..} + (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}) + (\bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{..}) + (Y_{ik} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.k} + \bar{Y}_{..})$$

$\bar{Y}_{..}$ = média geral;

$(\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})$ = desvios entre tratamentos;

$(Y_{ik} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.k} + \bar{Y}_{..})$ = desvios entre blocos;

$(Y_{ik} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.k} + \bar{Y}_{..})$ = resíduos

Sendo o resíduo a diferença entre o valor observado e o valor ajustado, e desde que:

$$\hat{Y}_{ik} = \bar{Y}_{..} + (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}) + (\bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{..}),$$

$$\hat{Y}_{ik} = \bar{Y}_{..} + \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..} + \bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{..}$$

$$\hat{Y}_{ik} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{..}$$

tem-se:

$$e_{ik} = Y_{ik} - \hat{Y}_{ik}$$

$$e_{ik} = Y_{ik} - (\bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{..})$$

$$e_{ik} = Y_{ik} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.k} + \bar{Y}_{..}$$

Para a padronização dos resíduos (d_{ik}):

$$d_{ik} = \frac{e_{ik}}{\sqrt{QMR}} \text{ Re } s$$

em que,

$$QMR = \frac{\left[\sum_{ik} (e_{ik})^2 \right]}{G.L. \text{ Re } s}$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Avaliação dos acessos quanto à resistência ao cretamento bacteriano

O resultado da análise de variância dos 33 acessos de maracujá-amarelo, avaliados quanto à resistência ao cretamento bacteriano, encontra-se no Quadro 5.

Foi constatado efeito significativo de tratamentos, a 1% de probabilidade pelo teste de F, indicando elevada variabilidade, apesar de o coeficiente de variação experimental (CV) ter apresentado um valor alto, 33,44%. A média geral da AL dos tratamentos foi 15,51cm².

Quadro 5 – Análise de variância da área lesionada de 33 acessos de maracujazeiro amarelo (Viçosa, janeiro de 2001)

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Tratamentos	32	3007,41	93,98	3,49	< 0,01
Resíduo	33	888,45	26,92		
Total	65	3895,86			
Média geral	15,51				
CV(%)	33,44				

O resultado do teste de agrupamento de Scott e Knott pode ser visto no Quadro 6. Nove dos 33 acessos (27,27%) apresentaram valores de AL inferiores a 10 cm², enquanto que 10 acessos (30,30%) apresentaram valores de AL superiores a 20 cm². Estes resultados ratificam a elevada variabilidade, quanto à resistência ao crestamento bacteriano, dos acessos em avaliação.

Quadro 6 – Agrupamento das médias da área lesionada (AL) dos 33 acessos de maracujá

Tratamento	AL Média* – cm ²
18	28,04 b
23	26,27 b
24	25,25 b
20	24,83 b
19	24,57 b
5	24,38 b
6	23,36 b
11	22,62 b
32	22,37 b
21	22,08 b
26	19,29 b
22	18,85 b
7	16,75 a
8	15,33 a
29	14,84 a
13	14,16 a
1	14,14 a
25	13,76 a
30	13,68 a
31	13,15 a
3	13,14 a
27	10,51 a
33	10,35 a
15	10,03 a
12	9,57 a
17	8,94 a
10	8,93 a
16	8,40 a
28	8,16 a
2	8,12 a
4	6,90 a
9	6,88 a
14	4,27 a

* – médias seguidas pela mesma letra, na coluna, foram agrupadas pelo método de Scott e Knott, a 5% de probabilidade

Dos 33 acessos avaliados neste trabalho, o mais resistente foi o 14, oriundo de Santa Catarina (Quadro 1). Este acesso apresentou valor médio de AL (4,27 cm²), comparável aos acessos das espécies silvestres consideradas mais resistentes ao crestamento bacteriano, de acordo com a avaliação de BARBOSA (1995). É importante salientar que grande parte dos acessos avaliados apresentou valores de AL inferiores ao do híbrido interespecífico, também avaliado por BARBOSA (1995). Estes resultados evidenciam o elevado potencial destes acessos para a seleção e obtenção de uma população base, visando o melhoramento do maracujazeiro quanto à resistência a esta doença.

Os acessos provenientes de Santa Catarina ocorreram com alta frequência entre os tratamentos mais resistentes. Esses acessos foram obtidos por meio de seleção massal, praticada durante dois anos de severa epidemia de crestamento bacteriano na região litorânea Sul daquele estado (Emílio Dela Bruna, pesquisador da EPAGRI – informação pessoal). Entretanto, alguns acessos provenientes de outros estados, como Espírito Santo, Bahia e Minas Gerais, não foram selecionados para esta característica e exibiram valores de AL muito baixos.

Com base nas médias dos tratamentos, apresentada no Quadro 6, foram selecionados os acessos 9, 10, 12, 14, 16 e 17 de Santa Catarina, 2, do Espírito Santo e 4 da Bahia, que apresentaram valores de AL inferior a 10 cm². Os acessos 3, do Paraná, 15, de Santa Catarina e 33 de Minas Gerais também foram selecionados, por serem provenientes de outros estados do País e apresentarem valor da AL mais próximo a 10 cm² que os demais acessos. Foram plantadas 15 mudas, de cada um dos 11 acessos selecionados, no pomar da UFV, com o objetivo de obter famílias de meios-irmãos, para realizar seleção com teste de progênies.

4.2. Avaliação das famílias de meios-irmãos quanto à resistência ao cretamento bacteriano

No Quadro 7 está apresentada a relação dos tratamentos, referentes às famílias de meios-irmãos avaliadas. Também é apresentada a identificação das plantas de onde foram colhidos os frutos para obter as famílias de meios-irmãos.

Quadro 7 – Relação das famílias de meios-irmãos (FMIs) avaliados em dezembro de 2002

Tratamento	Acesso	Plantas utilizadas para obter as FMIs	Tratamento	Acesso	Plantas utilizadas para obter as FMIs
1	14	14.4	25	15	15.4
2	14	14.6	26	15	15.6
3	14	14.8	27	15	15.10
4	14	14.12	28	17	17.1
5	14	14.13	29	17	17.11
6	9	9.1	30	17	17.12
7	9	9.4	31	2	2.2
8	9	9.5	32	2	2.3
9	9	9.7	33	2	2.6
10	9	9.12	34	2	2.14
11	16	16.4	35	2	2.15
12	16	16.5	36	3	3.1
13	16	16.7	37	3	3.2
14	16	16.9	38	3	3.3
15	16	16.11	39	3	3.6
16	10	10.2	40	3	3.13
17	10	10.4	41	4	4.3
18	10	10.6	42	4	4.7
19	10	10.10	43	4	4.9
20	10	10.11	44	33	33.7
21	12	12.3	45	33	33.9
22	12	12.4	46	33	33.11
23	12	12.9	47	33	33.12
24	12	12.13	48	33	33.14

O resultado da análise de variância está apresentado no Quadro 8. O efeito de tratamentos, famílias de meios-irmãos, não foi significativo a 5% de probabilidade pelo teste de F. A média da AL nesta avaliação foi 4,75 cm², muito inferior à média dos tratamentos observada na avaliação dos acessos, 15,51 cm². O valor do CV, 45,80%, foi maior do que o observado na avaliação anterior, 33,44%.

Quadro 8 – Análise de variância da área lesionada de 48 famílias de meios-irmãos, (Viçosa, dezembro de 2002)

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Blocos	2	3,17	1,58		
Famílias	47	145,83	3,10	0,653	100,0
Resíduo	94	445,05	4,73		
Total	143	594,05			
Média	4,75				
CV(%)	45,80				

As médias das áreas lesionadas das 48 famílias de meios-irmãos avaliadas estão apresentadas no Quadro 9.

A grande maioria das famílias avaliadas, 27, correspondendo a 56,25% do total, exibiram valores de AL inferiores a 5 cm². Algumas destas famílias são derivadas de acessos que apresentaram AL da ordem de 10 cm² na avaliação anterior, como por exemplo os acessos 12, 15 e 33 (Quadro 6).

Os valores da AL das famílias de meios-irmãos variaram de 2,95 a 7,8 cm². Duas famílias derivadas do acesso 16, 16.11 e 16.7, exibiram os menores valores de AL. As cinco famílias derivadas do acesso 14, o de menor média de acordo com a avaliação anterior, apresentaram valores inferiores a 5,51, sendo que para 14.12, 14.6 e 14.8 a AL foi inferior a 3,8 cm².

Quadro 9 - Médias da área lesionada das 48 famílias de meios-irmãos, 15 dias após a inoculação com *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae*

Tratamento	Família	Média	Tratamento	Família	Média
32	2.3	7,8	8	9.5	4,83
30	17.12	6,23	34	2.14	4,83
18	10.6	6,03	10	9.12	4,70
33	2.6	5,99	11	16.4	4,40
48	33.14	5,90	35	2.15	4,38
25	15.4	5,87	22	12.4	4,25
9	9.7	5,82	6	9.1	4,22
36	3.1	5,81	45	33.9	4,21
19	10.10	5,76	26	15.6	4,06
28	17.1	5,71	16	10.2	4,01
31	2.2	5,62	47	33.12	3,93
27	15.10	5,60	41	4.3	3,93
5	14.13	5,51	42	4.7	3,90
17	10.4	5,39	40	3.13	3,84
44	33.7	5,38	14	16.9	3,79
20	10.11	5,30	3	14.8	3,77
23	12.9	5,26	12	16.5	3,75
37	3.2	5,20	2	14.6	3,61
43	4.9	5,1	24	12.13	3,45
38	3.3	5,09	4	14.12	3,37
1	14.4	5,05	29	17.11	3,29
46	33.11	4,97	39	3.6	3,22
21	12.3	4,90	13	16.7	3,13
7	9.4	4,89	15	16.11	2,95

As 48 famílias de meios-irmãos avaliadas são o resultado do inter cruzamento entre os acessos selecionados, pois as plantas que originaram essas famílias foram mantidas em uma mesma área, não havendo outra fonte de pólen de maracujá disponível. A média da avaliação dessas famílias (4,75 cm²) foi muito inferior à média dos acessos selecionados (8,68 cm²). Embora a maioria dos acessos selecionados seja proveniente de um mesmo local, Santa Catarina, os acessos selecionados provenientes de outras regiões do Brasil possivelmente possuíam genes que conferiam resistência ao crestamento.

Ao avaliar resistência quantitativa de linhagens de arroz originadas do cruzamento entre um cultivar resistente e outro suscetível ao bruzone, WANG et al. (1994) verificaram que o fenótipo das linhagens mais resistentes era o resultado da interação de genes de efeito qualitativo (resistência completa) e genes de efeito quantitativo (resistência parcial).

Provavelmente, a AL média das famílias de meios-irmãos avaliadas resultou em um valor tão baixo em consequência da recombinação entre genótipos que possuíam genes de efeito qualitativo e quantitativo para resistência ao cretamento bacteriano. A possibilidade de ter havido efeito ambiental ou perda de virulência da bactéria não foi considerada válida. Ao examinar os valores de AL das plantas de cada parcela na avaliação das famílias de meios-irmãos, foi constatada a ocorrência de valores inferiores e superiores aos encontrados na avaliação dos acessos. Isso demonstra que não houve perda de virulência do isolado utilizado nas inoculações.

A avaliação da resistência ao cretamento bacteriano foi feita neste trabalho pela quantificação da AL, na expectativa de obter maior precisão na avaliação do experimento. Entretanto, foram constatados elevados coeficientes de variação experimental nas duas avaliações, 33,44% e 45,80% (Quadros 5 e 8). Valores altos do coeficiente de variação experimental indicam pouca precisão experimental (GOMES, 1990). Esta variação pode ser devido à falhas na metodologia de avaliação da resistência ou da inadequação do modelo estatístico para o conjunto de dados. Com o objetivo de verificar essas hipóteses, foi feita a verificação do atendimento às pressuposições da análise de variância das observações referentes às duas avaliações que fizeram parte deste trabalho.

Devido à existência de variabilidade do agente causal do cretamento, recomenda-se a avaliação dessa população com outros isolados de *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae*, ou a avaliação dessa população em diferentes regiões onde a doença ocorra.

4.3. Verificação da precisão experimental e de fatores que poderiam contribuir para elevar o valor do coeficiente de variação (CV)

4.3.1. Dados referentes às avaliações dos acessos quanto à resistência ao crestamento bacteriano

Os resultados dos testes de Tukey para não-aditividade, Shapiro-Wilk e Bartlett, para o conjunto de dados resultante da avaliação dos 33 acessos de maracujá quanto à resistência ao crestamento bacteriano podem ser vistos no Quadro 10. Verifica-se que as pressuposições de aditividade dos efeitos do modelo e de normalidade de distribuição dos erros foram atendidas para o conjunto de dados em avaliação, uma vez que os resultados dos testes de Tukey para não-aditividade e Shapiro-Wilk para normalidade de distribuição dos erros foram não significativos.

Quadro 10 – Resumo dos resultados obtidos pelos testes de Tukey, Shapiro-Wilk e Bartlett, para os dados obtidos da avaliação da resistência de 33 acessos de maracujá ao crestamento bacteriano.

Teste	Estatística calculada
Tukey não-aditividade	$F = 0,5^{ns}$
Shapiro-Wilk	$W = 0,99^{ns}$
Bartlett	$M = 30,94^*$

^{ns} – não significativo a 5% de probabilidade;

* significativo a 5% de probabilidade

A verificação da homogeneidade de variância dos erros foi realizada pelo teste de Bartlett, em razão deste teste ser muito sensível a não-normalidade de distribuição dos erros, sendo recomendado o seu uso aos casos em que essa pressuposição é atendida.

Considerando que a limitação referente à distribuição não normal dos erros não se aplica para esse conjunto de dados, uma vez que o teste de

Shapiro-Wilk foi não significativo (Quadro 10), não há restrição ao uso deste teste para verificar a hipótese de homogeneidade das variâncias residuais. De acordo com o teste de Bartlett, a hipótese de homogeneidade das variâncias residuais foi rejeitada, não sendo esta pressuposição atendida.

Não sendo a heterogeneidade de variâncias causada pela distribuição não-normal dos erros, pode ser que a presença de algum dado discrepante seja a causa da heterogeneidade das variâncias residuais. Também pode ser que as variâncias estejam relacionadas com os valores das médias das observações. Para averiguar essas possibilidades, foi feito o gráfico dos resíduos padronizados contra o valor ajustado das observações (Figura 7).

Verifica-se por esta figura que os resíduos padronizados situam-se no intervalo compreendido pelos valores -3 e $+3$. Portanto, a hipótese de a heterocedasticidade ser causada pela presença de dados discrepantes (“outliers”) ou erros grosseiros pode ser descartada.

É importante notar, na Figura 7, que os resíduos padronizados estão distribuídos aleatoriamente, tanto entre os tratamentos de menor quanto entre os de maior valor, não sendo possível identificar tendência alguma na dispersão dos pontos. Quando a heterogeneidade de variâncias é decorrente de mudanças nas variâncias residuais, de acordo com o valor das médias dos tratamentos, a dispersão dos pontos no gráfico exhibe tendência semelhante à dispersão ilustrada nas Figuras 3, 4, 5 e 6, apresentadas em Material e Métodos no item 3.5.4. Assim, pode-se concluir que as magnitudes das variâncias residuais variam de maneira independente das médias dos tratamentos.

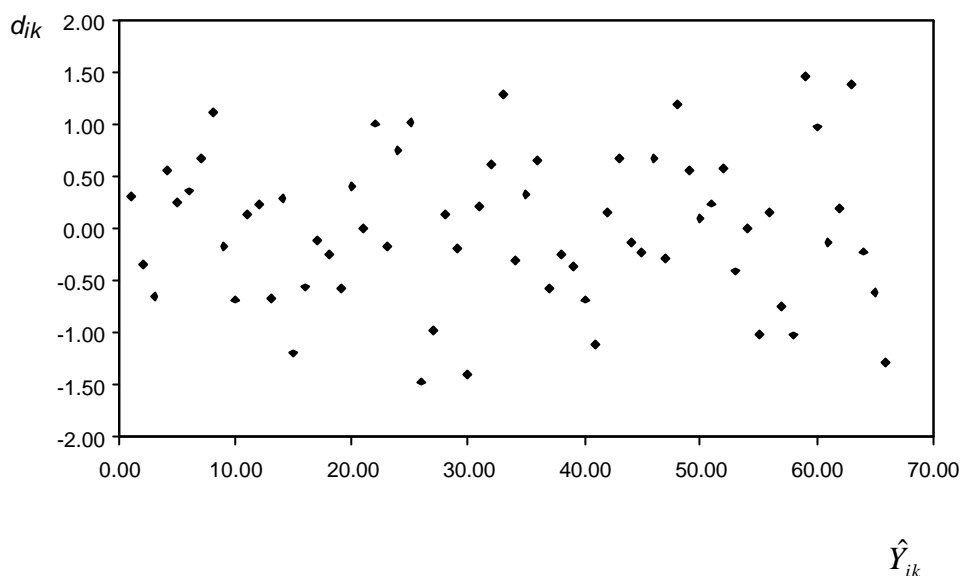


Figura 7 – Gráfico de dispersão dos resíduos padronizados em função do valor ajustado das observações, avaliação dos 33 acessos de maracujá, Viçosa / MG

Para COCHRAN (1947), a heterogeneidade de variância regular resulta de alguma forma de não normalidade dos erros, o que estabelece uma relação definida entre a média e a variância dos tratamentos. Neste caso, determinada esta relação e conhecida a distribuição dos erros, pode-se escolher a transformação indicada para obter distribuição normal dos erros e homogeneidade das variâncias residuais (BARTLETT, 1947).

Heterogeneidade da variância residual do tipo regular foi diagnosticada por SOUZA et al. (2000). Avaliando a resistência à *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* de 51 linhagens recombinantes de feijoeiro, os autores verificaram que a variável analisada, área foliar lesionada (AL), não atendia às pressuposições da análise de variância. Em seu trabalho, o teste de Shapiro-Wilk acusou não-normalidade dos erros, enquanto que a análise de resíduos indicou que a variância aumentava em função do aumento da média dos tratamentos. Como medida corretiva, os valores de AL foram transformados para escala logarítmica.

Para COCHRAN (1947), a heterogeneidade do tipo irregular aconteceria devido ao fato de a “natureza” de alguns tratamentos determinar que a resposta destes seja mais variável que a dos demais, porém de uma maneira

imprevisível e não “ordenada”. Nestes casos, não é possível identificar qualquer relação entre a média e a variância dos tratamentos.

A ocorrência de variâncias elevadas, em alguns tratamentos que fizeram parte da avaliação dos 33 acessos quanto à resistência ao cretamento bacteriano, pode ser a causa da heterogeneidade das variâncias residuais, conforme foi abordado por COCHRAN (1947). Para verificar essa possibilidade, foi construído um gráfico com os valores das variâncias dos tratamentos em função de suas médias (Figura 8).

Pode-se observar, na Figura 8, que as variâncias dos tratamentos desta avaliação são muito heterogêneas. Visualmente, é possível identificar tratamentos que apresentam variância baixa e de alta magnitude. Variâncias relativamente pequenas podem ser associadas a tratamentos que apresentam desde os menores até os maiores valores de área lesionada, ou seja, estão presentes tanto entre os tratamentos mais resistentes quanto entre os mais suscetíveis, incluindo os tratamentos de resposta intermediária. Conclui-se que a heterogeneidade das variâncias residuais é do tipo irregular, devido à existência de tratamentos que apresentam variâncias de magnitudes muito superiores que os demais.

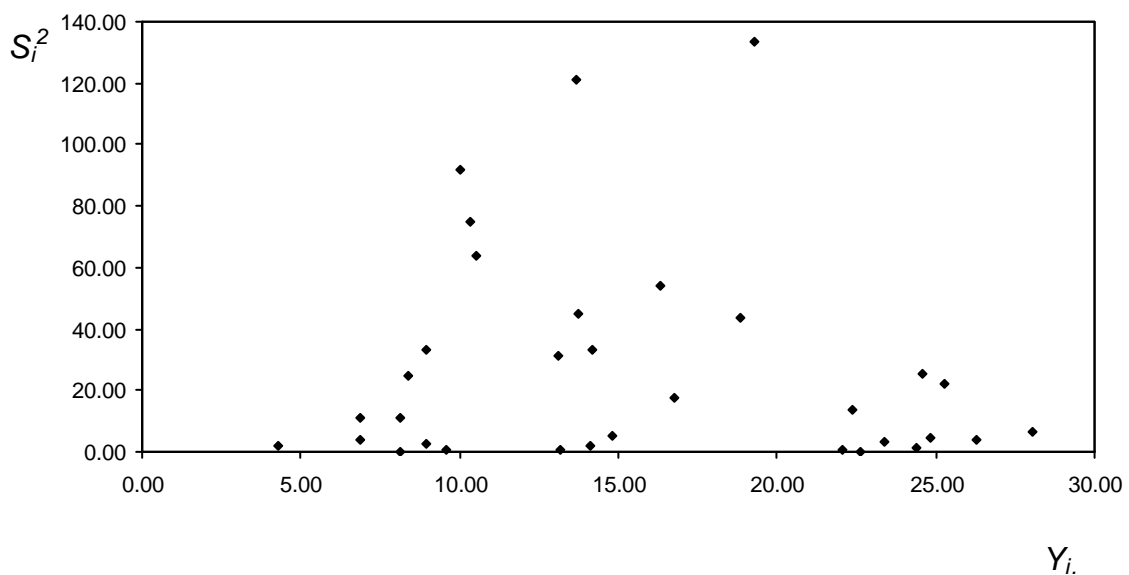


Figura 8 – Variância em função da média dos tratamentos, dados referentes às avaliações dos 33 acessos de maracujá quanto ao cretamento bacteriano (Viçosa/MG).

Quando um conjunto de dados apresenta heterocedasticidade do tipo irregular, COCHRAN (1947) recomenda: omitir os tratamentos com maiores variâncias; decompor o quadrado médio do resíduo em componentes apropriados às comparações de interesse.

A omissão dos tratamentos com maiores variâncias diminuiria drasticamente o número de tratamentos avaliados, o que não é interessante. Além disso, a análise de variância é uma técnica bastante robusta contra violações de suas pressuposições (NETER et al., 1996). No entanto, é possível ilustrar a influência da variância dos tratamentos no valor do CV. O esquema da análise de variância dos tratamentos com as variância de valor inferior a 10 está apresentado no Quadro 11.

Quadro 11 – Análise de variância, considerando apenas os tratamentos com variância inferior a 10

FV	GL	QM	F	Probabilidade
Tratamentos	14	130,12	51,67	0,000001
Resíduo	15	2,52		
Média Geral		16,77		
CV(%)		9,46		

A análise de variância feita com os tratamentos que exibiam os menores valores de variâncias (0,02 a 6,73) apresentou baixo coeficiente de variação, 9,46%.

De acordo com esses resultados, pode-se concluir que o alto coeficiente de variação, obtido pela análise dos tratamentos da avaliação dos 33 acessos, refletiu diferenças na magnitude de resposta de alguns tratamentos. Fica descartada a hipótese de que os altos coeficientes de variação sejam consequência da metodologia de avaliação da resistência do maracujá ao crestamento bacteriano.

4.3.2. Dados referentes às avaliações das famílias de meios-irmãos de maracujá-amarelo quanto à resistência ao cretamento bacteriano

Um resumo dos resultados dos testes de Tukey, Shapiro-Wilk e Bartlett, para o conjunto de dados da avaliação das 48 famílias de meios-irmãos derivadas dos acessos selecionados para resistência ao cretamento bacteriano pode ser visto no Quadro 12.

De acordo com os resultados destes testes, as pressuposições de aditividade dos efeitos do modelo e de normalidade de distribuição dos erros são atendidas pelo conjunto de dados em exame. O resultado do teste de Bartlett, entretanto, acusou heterogeneidade de variâncias.

Quadro 12 – Resumo dos resultados dos testes de Tukey, Shapiro-Wilk e Bartlett, para os dados obtidos da avaliação de 48 famílias de meios-irmãos

Teste	Estatística calculada
Tukey	$F = 0,01^{ns}$
Shapiro-Wilk	$W = 0,07^{ns}$
Bartlett	$M/C = 37,13^{**}$

^{ns} – não significativo a 5% de probabilidade;

^{**} significativo a 5% de probabilidade

Para verificar se a heterocedasticidade estava sendo desencadeada por fatores como dados discrepantes, valores das variâncias dos tratamentos em função das médias ou distribuição não independente dos erros, foi feita a análise gráfica dos resíduos. A interferência do fator bloco, na normalidade dos erros, foi investigada realizando a análise gráfica dos resíduos por repetições (Figuras 9, 10 e 11).

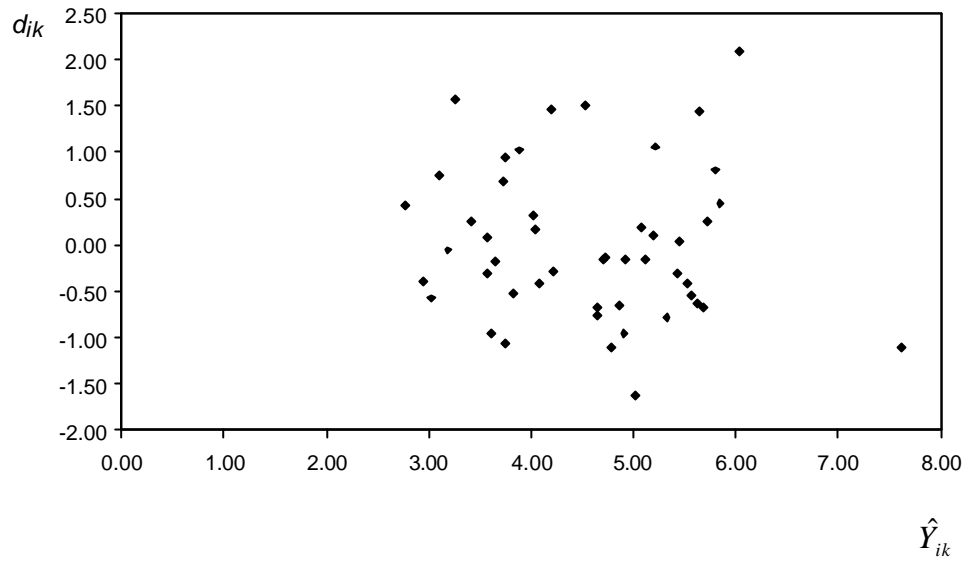


Figura 9 – Análise gráfica dos resíduos padronizados, avaliação das famílias de meios-irmãos - repetição 1.

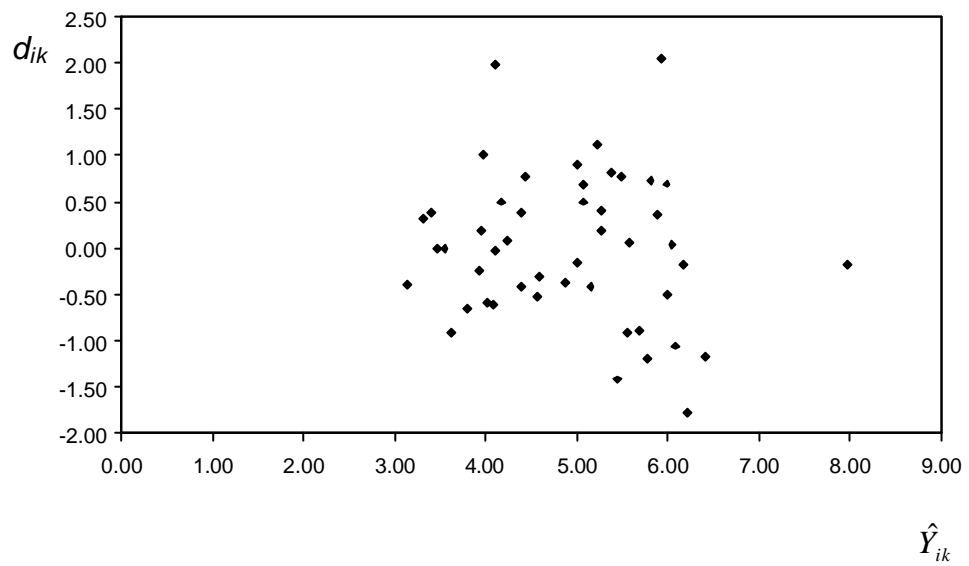


Figura 10 – Análise gráfica dos resíduos padronizados, avaliação das famílias de meios-irmãos - repetição 2.

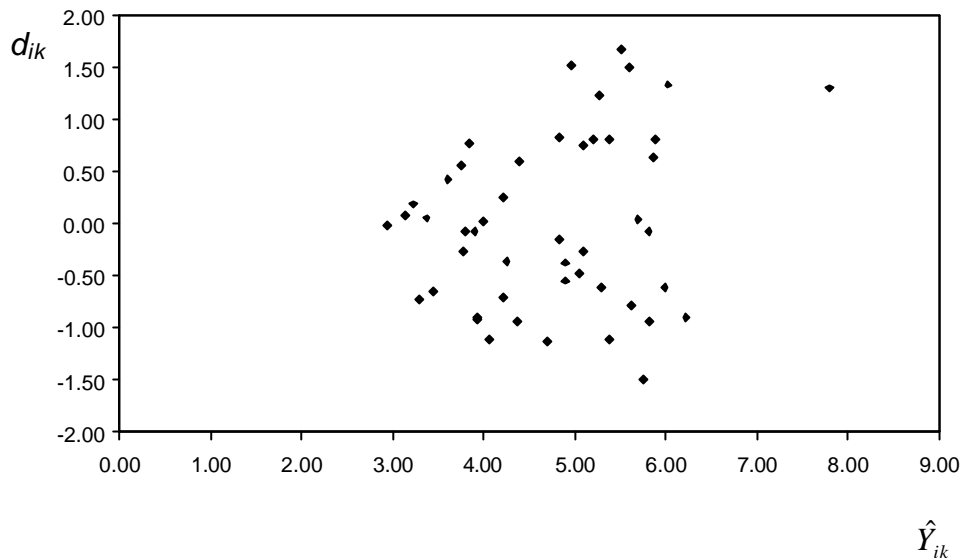


Figura 11 – Análise gráfica dos resíduos padronizados - repetição 3.

Nas Figuras 9, 10 e 11, pode-se observar que os resíduos padronizados, nas três repetições, estão entre o intervalo $-2,5$ e $+2,5$, não sendo identificada nenhuma observação discrepante, que ficaria acima do valor $+3$ ou -3 .

Também não é identificável nenhuma tendência na distribuição dos resíduos, que denunciaria dependência entre os valores das variâncias e das médias dos tratamentos.

Da mesma forma, a distribuição dos resíduos é bastante uniforme entre todos os valores das observações, nas três repetições. Este comportamento indica que a variância dos tratamentos se altera de maneira não relacionada com os valores das médias dos tratamentos, além de demonstrar que os erros estão distribuídos independentemente entre as observações.

Para verificar se a heterogeneidade das variâncias foi causada pela variância pronunciada de alguns tratamentos, resultando no tipo irregular de heterocedasticidade, foi construído um gráfico com os valores das médias dos tratamentos e suas respectivas variâncias (Figura 12).

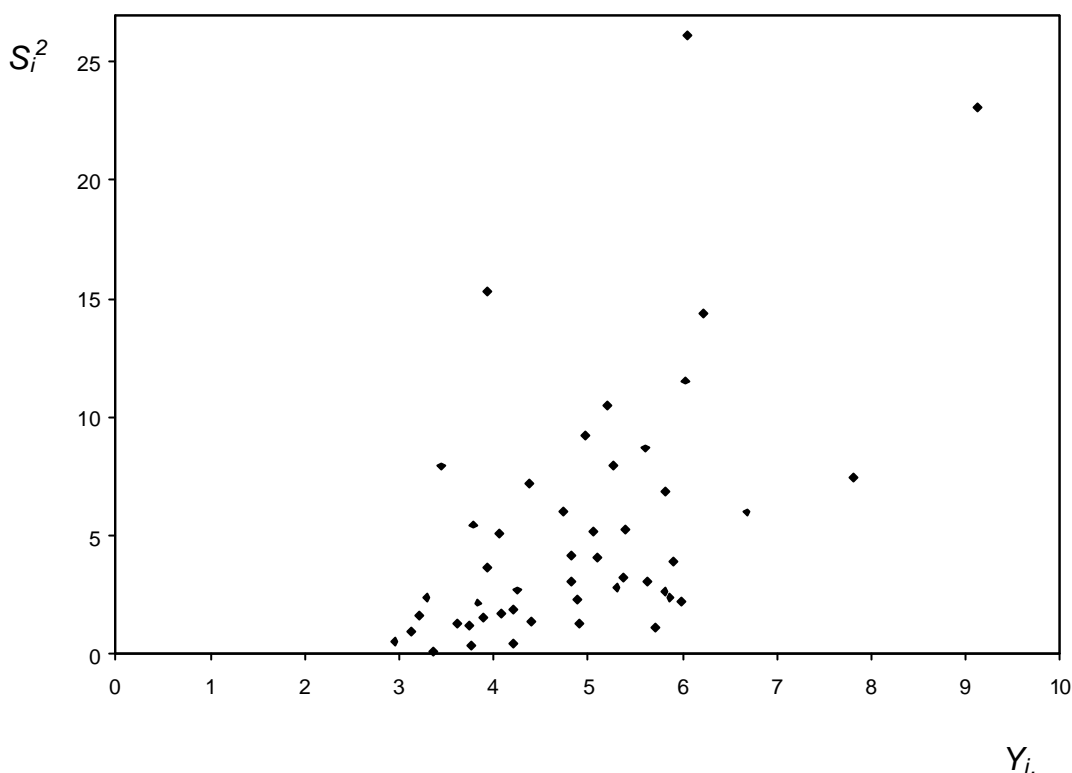


Figura 12 – Variância em função da média dos tratamentos

Pode-se observar que alguns tratamentos apresentam variância mais pronunciada que outros, indicando que os dados da avaliação das famílias apresentaram heterocedasticidade do tipo irregular, assim como o conjunto de dados referentes à avaliação dos 33 acessos.

Para verificar o efeito da magnitude das variâncias de alguns tratamentos, foi realizada uma análise de variância que incluiu apenas os tratamentos com variâncias de valor inferior a 3,5 (Quadro 18).

Quadro 18 – Análise de variância, considerando apenas as famílias de meios-irmãos com variância inferior a 3,5

FV	GL	QM	F	Probabilidade
Blocos	2	2,94		
Tratamentos	14	1,53	1,19	0,33
Resíduo	28	1,28		

Média	3,94			
CV(%)	28,75			

É interessante observar que a análise de variância, realizada com as famílias que tinham os menores valores de variâncias, apresentou coeficiente de variação inferior ao da avaliação de todas as famílias, 28,75%, mas ainda pode ser considerado um CV de valor alto.

Do mesmo modo que foi observado para a divisão dos tratamentos da avaliação dos 33 acessos em grupos com variâncias homogêneas, o grupo formado pelas famílias com menores valores de variâncias apresentou o menor coeficiente de variação. Este fato demonstra, em parte, a influência da variância acentuada de alguns tratamentos no valor alto do coeficiente de variação, superestimando o seu valor.

A observação dos valores de AL nas plantas das parcelas das duas avaliações permitiu constatar que as plantas das parcelas da avaliação das famílias de meios-irmãos apresentaram valores inferiores e superiores de AL em relação aos valores observados nas plantas das parcelas da avaliação dos acessos. Essa maior amplitude de valores nas parcelas certamente contribuiu para uma maior variação dos tratamentos na avaliação das famílias, resultando em um CV mais elevado.

Outro fator, relacionado a metodologia empregada, que pode ter contribuído para reduzir a precisão experimental, foi a utilização de famílias de meios-irmãos. Ao escolher este tipo de progênie, assume-se que as plantas tenham sido polinizadas por todos os pais presentes, com igual probabilidade. Neste trabalho, a obtenção das famílias de meios-irmãos foi feita colhendo-se três frutos ou mais, por planta, para evitar que tenha ocorrido a polinização pelo pólen de uma ou poucas plantas. Talvez essa medida não tenha sido o suficiente para garantir essa condição.

5. CONCLUSÕES

As avaliações dos 33 acessos de maracujá-amarelo permitiram identificar fontes de resistência ao crestamento bacteriano, para o isolado 1171. Os acessos resistentes, em sua maioria, eram provenientes do estado de Santa Catarina e eram o resultado de seleção massal para resistência ao crestamento. Acessos provenientes da Bahia, Espírito Santo, Minas Gerais e Paraná também mostraram-se resistentes à inoculação com o isolado 1171.

A avaliação de 48 famílias de meios-irmãos dos acessos selecionados evidenciou que a seleção desses acessos resultou em uma população resistente ao crestamento.

As avaliações dos acessos e das famílias de meios-irmãos exibiram alto valor do coeficiente de variação. Esse valor não reflete a precisão experimental, pois está superestimado devido à heterogeneidade da variância dos tratamentos das duas avaliações. Essa heterogeneidade é do tipo irregular, para ambas avaliações, não sendo adequado empregar a transformação de dados para realizar a análise de variância.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUIAR, D.R.P., SANTOS, C.C.F. Importância econômica e mercado. *In*: BRUCKNER, C.H. e PIKANÇO, M.C. (Eds.) **Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado**. Porto Alegre, Cinco Continentes, 2001. p. 9-32.
- AKAMINE, E.K., GIROLAMI, G. **Pollination and fruit set in the yellow passion fruit**. Hawaii, Agricultural Experimental Station, Technical Bulletin 39. 1959. 44p.
- ALBUQUERQUE, A.S. **Seleção de genitores e híbridos em maracujazeiro (*Passiflora edulis Sims.*)**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 90 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- ANVISA – Agência Nacional de Vigilância Sanitária – disponível via www.anvisa.gov.br
- BARBOSA, L.S. **Resistência de *Passiflora spp* a *Xanthomonas campestris pv passiflorae* e detecção do patógeno nas sementes**. Viçosa, MG: UFV, 1995. 66 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia). Universidade Federal de Viçosa, 1995.

- BARTLETT, M.S. The use of transformations. **Biometrics**, 3: 39-52. 1947.
- BERIAM, L.O.S., MALAVOLTA JR., V.A., ROSATO, Y.B., YANO, T. *Passiflora serrato-digitata* e *Passiflora amethystina*, novos hospedeiros de *Xanthomonas campestris* pv *passiflorae*. **Summa Phytopatologica**, v. 25, n. 1, p. 20, 1999.
- BERIAM, L.O.S. Teste de patogenicidade de *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae* em folhas destacadas de maracujazeiro. In: CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA, XX, 1997, São Paulo, SP. **Anais**. Campinas, SP: Grupo Paulista de Fitopatologia, Instituto Biológico, Fundação Gargill, 1997. p. 101. (Resumo 38).
- BLISKA, F.M.M., LEITE, R.S.S., GARCIA, A.E.B. Produção de maracujá no Brasil e sua comercialização nas principais centrais de abastecimento. In: JOSÉ, A.R.S. (ed.). **Maracujá, produção e mercado**. Vitória da Conquista, DFZ/UESB, 1994. p. 206-222.
- BORÉM, A. **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa, UFV, 1999. 817p.
- BRUCKNER, C.H., CASALI, V.W.D., MORAES, C.F., REGAZZI, A.J., SILVA, E.A.M. Self-incompatibility in passion-fruit (*Passiflora edulis* Sims). **Acta Horticulturae**, 370: 45-52. 1995.
- CARNEIRO, M.S.C., CAMARGO, L.E.A., COELHO, A.S.G., VENCOVSKY, R., LEITE Jr., R.P., STENZEL, N.M.C., VIEIRA, M.L.C. RAPD-based genetic linkage map of yellow passion fruit (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.) **Genome**, 45: 670-678, 2002.
- COCHRAN, W.G. Some consequences when the assumptions for the analysis of variance are not satisfied. **Biometrics**, 3: 22-38. 1947.

- DANGL, J.L.; JONES, J.D.G. Plant pathogens and integrated defense responses to infection. **Nature**, 411(6839): 826-833. 2001.
- DEMÉTRIO, C.G.B **Transformação de dados: efeitos sobre a análise de variância**. Piracicaba, ESALQ/USP, 1978. 113 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1978.
- DIAS, S.C., TAKATSU, A. Variabilidade em *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae*. **Fitopatologia Brasileira**, 13 (2): p. 129, 1988 (resumo 196).
- DIAS, S.C., TAKATSU, A. Morte precoce do maracujá amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) associada a patógenos da parte aérea. **Fitopatologia Brasileira**, 15 (2): p. 126, 1990 (resumo 41).
- DIAS, S.C., TAKATSU, A. Translocação de *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae* nos tecidos do hospedeiro e sua detecção na semente. **Fitopatologia Brasileira**, 15 (2): p. 131, 1990 (resumo 72).
- FITZELL, R.D., PEAK, C.M., PEASLEY, D., COX, G. Development of Australian passionfruits hybrids to improve quality and disease tolerance. **Plant Protection Quarterly**, 6 (2): 65-67, 1991.
- FLOR, H.H., The complementary genetic systems in flax and flax rust. **Advances in Genetics**, 8: 29-54, 1956.
- FUKUDA, C., ROMEIRO, R.S., FUKUDA, W.M.G. Avaliação da resistência de cultivares de mandioca a *Xanthomonas campestris* patovar *manihots*. **Revista Brasileira de Mandioca**, 3 (1): 7-12, 1984.
- GASSMANN, W., DAHLBECK, D., CHESNOKOVA, O., MINSAVAGE, G.V., JONES, J.B., STASKAWICZ, B.J. Molecular evolution of virulence in natural field strains of *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. **Journal of Bacteriology**, 182: 7053-7059, 2000.

- GOMES, F.P. **Curso de Estatística Experimental**. 12. Ed. Piracicaba, ESALQ/USP, 1982. 467 p.
- IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – Produção Agrícola Municipal. Disponível via www.ibge.gov.br . 2003.
- ISLEIB, T.G., HOLBROOK, C.C., GORBET, D.W. Use of plant introductions in peanut cultivar development. **Peanut Science**, 28 (2): 96-113, 2001.
- JUNQUEIRA, N.T.V., ANJOS, J.R.N., SILVA, A.P.O., CHAVES, R.C., GOMES, A.C. Reação às doenças e produtividade de onze cultivares de maracujá-azedo cultivadas sem agrotóxico. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 38 (8): 1005-1010, 2003. Nota Científica.
- KITAJIMA, E.W., REZENDE, J.A.M. Enfermidades de etiologia viral. *In*: BRUCKNER, C.H. e PIKANÇO, M.C. (Eds.) **Maracujá: tecnologia de produção, pós colheita, agroindústria, mercado**. Porto Alegre, Cinco Continentes, 2001. 277-282.
- LEITÃO FILHO, H.F., ARANHA, C. Botânica do maracujazeiro. *In*: SIMPÓSIO DA CULTURA DO MARACUJÁ, 1, 1971, Campinas. **Anais...** Campinas: Sociedade Brasileira de Fruticultura, 1974. 13 p. (Mimeogr.).
- LEONE, N.R.F.M. **Polinização do maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg.) em Araguari - MG**. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 1990. 76p.
- LEWIS, D. Gametophytic-sporophytic incompatibility. *In*: WILLIAMS, E.G., CLARKE, A.E., KNOX, R.B. **Advances in cellular and molecular biology of plants. Genetic control of self incompatibility and reproductive development in flowering plants**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1994. v. 2, p. 88-101.

- LIBERATO, J.R., COSTA, H. Doenças fúngicas bacterianas e fitonematóides. *In: BRUCKNER, C.H. e PIKANÇO, M.C. (Eds.) Maracujá: tecnologia de produção, pós colheita, agroindústria, mercado.* Porto Alegre, Cinco Continentes, 2001. 243-276.
- MALAVOLTA, V.A. Bacterioses do Maracujazeiro. *In: Maracujá: do plantio a colheita.* Anais do Simpósio Brasileiro sobre a cultura do Maracujazeiro, 5, 10-13 de fevereiro, 1998, Jaboticabal. Ruggiero, C. (coord.). 217-219. 1998.
- MELETTI, L.M.M., AZEVEDO FILHO, J.A., BENTO, M.M. "IAC 275" – Primeira cultivar de maracujazeiro-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) para a agroindústria de sucos. *In: Simpósio Brasileiro de Melhoramento de Fruteiras, 2, 2000, Viçosa, Anais...* Viçosa: UFV, 2000. p. 166.
- MELETTI, L.M.M., BRUCKNER, C.H. Melhoramento genético. *In: BRUCKNER, C.H. e PIKANÇO, M.C. (Eds.) Maracujá: tecnologia de produção, pós colheita, agroindústria, mercado.* Porto Alegre, Cinco Continentes, 2001 345-386.
- NETER, J., WASSERMAN, W. **Applied linear statistical models – regression analysis of variance, and experimental designs.** Illinois, R. D. Irwin Inc., 1974. 842 p.
- NETER, J., KUTNER, M.H., NACHTSHEIM, C.J., WASSERMAN, W. **Applied linear statistical models, and experimental designs.** Times Mirror Higher Education Group, 1996 Inc. 1408 p.
- NETTANCOURT, D. **Incompatibility in Angiosperms.** Berlin, Springer-Verlag, 1977. 230p.
- PARENTE, R.C.P. **Aspectos da análise de resíduos.** Piracicaba, ESALQ/USP, 1984. 139 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1984.

- PATERNIANI, E., CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: **Melhoramento de espécies cultivadas**. A. Borém (Ed.) – Viçosa,UFV, 1999. 817p.
- PEDLEY, K.F., MARTIN, G.B. Molecular basis of *Pto*-mediated resistance to bacterial speck disease in tomato. **Annual Review of Phytopathology**, 41:215–43. 2003.
- PEREIRA, A.L.G. Uma nova doença bacteriana do maracujá (*Passiflora edulis*, Sims) causada por *Xanthomonas passiflorae* n.sp. **Arquivos do Instituto Biológico**, 36 (4): 163-174, 1969.
- PERUCH, L.A.M., SCHROEDER, A.L., BERTOLINI, E., CALVETTE, K. Ocorrência de mancha oleosa do maracujá no Estado de Santa Catarina. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.22, Supl., p. 237, 1997 (resumo 29).
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RAMALHO, M.A.P., FERREIRA, D.F., OLIVEIRA, A.C. A experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras, UFLA, 2000. 326p.
- SOUZA, A.A., BOSCARIOL, R.L., MOON, D.H., CAMARGO, L.E.A., TSAI, S.M. Effects of *Phaseolus vulgaris* QTL in controlling host-bacteria interactions under two levels of nitrogen fertilization. **Genetics and Molecular Biology**, 23 (1): 155-161, 2000.
- SOUZA JR., C.L., Melhoramento de espécies alógamas. In: Nass, L., Valois, A.C.C., Melo, I.S., Valadares-Ingliš, M.C. (Eds.). **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis, Fundação MT, 2001. p. 159-200.
- SUASSUNA, T.M.F, BRUCKNER, C.H., CARVALHO, C.R., BORÉM, A. Self-incompatibility in passion fruit: evidence of gametophytic-sporophytic control. **Theoretical and Applied Genetics**, 106 (2): 298-302, 2003.

- VALENT, B., FARRALL, L., CHUMLEY, F.G. *Magnaporthe grisea* genes for pathogenicity and virulence identified through a series of backcrosses. **Genetics**, 127: 87-101, 1991.
- WANG, G.L., MACKILL, D.J., BONMAN, J.M., McCOUCH, S.R., CHAMPOUX, M.C., NELSON, R.J. RFLP mapping of genes conferring complete and partial resistance to blast in a durably resistant rice cultivar. **Genetics**, 136: 1421-1434, 1994.
- WINKS, C. W.; MENZEL, C. M.; SIMPSON, D. R. Passionfruit in Queensland 2. Botany and Cultivars. **Queensland Agricultural Journal**, 114 (4): 217-224, 1988.
- YORINORI, J.T., KIIL, R.A.S. Melhoramento de plantas visando resistência a doenças. *In*: Nass, L., Valois, A.C.C., Melo, I.S., Valadares-Inglis, M.C. (Eds.). **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis, Fundação MT, 2001. p. 159-200.