

JOSÉ OSMAR DA COSTA E SILVA

**SELEÇÃO EM PROGÊNIES S_1 E S_2 DE PESSEGUEIRO VIA MODELOS
MISTOS (REML/BLUP)**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2013

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

Silva, José Osmar da Costa e, 1981-
S586s Seleção em progênies S1 e S2 de pessegueiro via modelos
2013 mistos (REML/BLUP) / José Osmar da Costa e Silva. – Viçosa,
MG, 2013.
ix, 109f : il. ; 29 cm.

Orientador: Claudio Horst Bruckner.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Pêssego - Melhoramento genético. 2. Pêssego - Seleção.
3. REML/BLUP. 4. *Prunus persica*. 5. . I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de
Pós-Graduação em Fitotecnia. II. Título.

CDD 22 ed. 634.25

JOSÉ OSMAR DA COSTA E SILVA

**SELEÇÃO EM PROGÊNIES S₁ E S₂ DE PESSEGUEIRO VIA MODELOS
MISTOS (REML/BLUP)**

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

APROVADA: 08 de Outubro de 2013.

Marcos Deon Vilela de Resende
(Coorientador)

Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Coorientador)

Carlos Eduardo Magalhães dos Santos

Marciane da Silva Oliveira

Claudio Horst Bruckner
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

Agradeço em primeiro lugar a Deus por tudo que tem me propiciado e pelas bênçãos recebidas a cada dia.

Aos meus pais, José Bento e Maria de Fátima, pelo valor dado à educação dos filhos e os sacrifícios que tiveram que enfrentar para que todos estudassem. Às minhas irmãs, Beatriz e Renata, por todo carinho e apoio. Aos meus familiares, que mesmo distante sempre estiveram na torcida pela minha felicidade e a conclusão de cada etapa de minha vida acadêmica. À Rosangela (Jacaroa) pelo amor, companheirismo e incentivo dedicado em todo tempo de nossa convivência.

Ao Professor Claudio Horst Bruckner pela orientação, amizade, apoio, confiança e pelos ensinamentos, que vão além da vida acadêmica.

Aos Professores Marcos Deon Vilela de Resende e Pedro Crescêncio Souza Carneiro pelo auxílio nas análises estatísticas e pelas sugestões valiosas para o desenvolvimento deste trabalho.

Aos demais professores da Universidade Federal de Viçosa que compartilharam seus conhecimentos e experiências através das disciplinas e cotidianamente nos laboratórios e departamentos da UFV.

Ao Conselho de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudo.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Departamento de Fitotecnia pela oportunidade da realização do doutorado.

Aos funcionários da Fazenda Experimental de Araponga, Itamar, Raimundo, Sebastião, Rui, e Baldinho pela amizade e auxílio nas atividades de campo.

Aos funcionários do Setor de Fruticultura, Robson, Sobreira, Sabino, Hugo, Luizinho, Nadir, José Jorge, Mascote, Fernando, Elesbão, Paulinho pelo auxílio nas atividades no pomar do fundão, nas casas de vegetação e laboratório de análise de frutas do departamento de Fitotecnia.

Aos amigos Marcos Antônio, Carlos Eduardo, Américo, Rosana, Danielle, Mariana, João Paulo, Victor, Carla, Alejandro, Paulinho, Welberth,

Lucas, Telma e Sílvia pelos auxílios valiosos prestados e pelo enriquecedor trabalho em equipe no decorrer do meu curso de doutorado.

A todos os amigos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, através de seu incentivo e motivação, meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

RESUMO.....	vi
ABSTRACT	viii
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	11
2. CAPÍTULO I	18
DIVERSIDADE, ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO EM PESSEGUEIROS S ₁ PELO PROCEDIMENTO REML/BLUP	18
RESUMO.....	18
ABSTRACT.....	19
2.1. INTRODUÇÃO	21
2.2. MATERIAL E MÉTODOS	22
2.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	30
2.4. CONCLUSÕES	42
2.5. REFÊRENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	43
3. CAPÍTULO II	48
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E REPETIBILIDADE EM PESSEGUEIROS S ₂ CULTIVADOS EM VIÇOSA-MG.....	48
RESUMO.....	48
ABSTRACT.....	49
3.1. INTRODUÇÃO	51
3.2. MATERIAL E MÉTODOS	54

3.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	62
3.4. CONCLUSÕES	73
3.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	74
4 . CAPÍTULO III	78
SELEÇÃO DE CLONES DE PESSEGUEIROS S ₀ e S ₁ EM VIÇOSA-MG	78
RESUMO.....	78
ABSTRACT.....	79
4.1 . INTRODUÇÃO	81
4.2. MATERIAL E MÉTODOS.....	84
4.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	90
4.4. CONCLUSÕES	105
4.5. REFÊRENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	105
4.6. CONCLUSÕES GERAIS.....	109

RESUMO

SILVA, José Osmar da Costa e, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2013. **Seleção em progênies S_1 e S_2 de pessegueiro via modelos mistos (REML/BLUP)**. Orientador: Claudio Horst Bruckner. Coorientadores: Marcos Deon Vilela de Resende e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

O pessegueiro é uma fruteira de clima temperado. Apresenta necessidade de passar por período de frio durante o inverno para sair do repouso e proporcione produção satisfatória. O cultivo se estende a regiões de invernos amenos graças à seleção de genótipos de baixa necessidade de frio pelos programas de melhoramento. A adaptação às condições climáticas e a melhoria da qualidade de frutos são os principais objetivos do melhoramento do pessegueiro para regiões mais quentes. Este trabalho teve como objetivo geral realizar a estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em pessegueiros do programa de melhoramento genético da Universidade Federal de Viçosa por meio da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), visando a seleção de genótipos de baixa necessidade de frio. Os objetivos específicos foram: (i) estimar parâmetros genéticos aditivos, predizer valores genéticos, estimar a correlação genética entre caracteres e avaliar a variabilidade genética em populações S_1 de pessegueiro; (ii) estimar parâmetros genéticos, coeficiente de repetibilidade em populações S_2 de pessegueiro e, (iii) estimar parâmetros genéticos, predizer valores genotípicos, estimar a correlação genética entre caracteres e avaliar a variabilidade genética entre clones de pessegueiro. Foram avaliadas características morfoagronômicas da planta e biometria de frutos. Os principais parâmetros genéticos estimados foram os componentes de variância, os coeficientes de variação e herdabilidades. Os coeficientes de variação genética foram superiores a 10% na maioria dos casos, sendo considerados suficientes para a prática de seleção efetiva. De modo geral, as estimativas de herdabilidade obtidas foram de moderada magnitude. A menor estimativa de herdabilidade foi obtida para proeminência da região de sutura do fruto (0,08) em populações S_2 . Algumas variáveis analisadas apresentaram correlação genética de magnitude elevada, tais como: altura de planta e diâmetro do tronco ($r_g = 0,9402$); número de nós por ramo misto

e número de frutos por planta ($r_g = 0,7334$); massa de fruto com diâmetro médio de fruto ($r_g = 0,9870$) e comprimento de fruto ($r_g = 0,8550$). A variável densidade de nós por metro linear de ramo apresenta correlação negativa moderadamente alta com altura de planta ($r_g = -0,5613$) e diâmetro do tronco ($r_g = -0,5373$), sendo favorável à seleção de genótipos de menor porte. Os coeficientes de repetibilidade obtidos para características biométricas de frutos em plantas de populações S_2 variaram de 0,37 a 0,76. A avaliação de seis frutos por planta proporcionou coeficiente de determinação acima de 80% para o valor fenotípico permanente dos genótipos para as variáveis comprimento, diâmetro, relação comprimento/diâmetro, percentagem de vermelho na epiderme e proeminência do ápice do fruto em populações S_2 de pessegueiro. Foi observada variabilidade genética nas diferentes populações avaliadas que possibilita a seleção de genótipos superiores para as principais características avaliadas. Esses genótipos podem ser utilizados como genitores em futuras hibridações e, ou, para serem lançados como novos cultivares indicados para regiões de invernos amenos após a avaliação com maior número de repetições, em mais anos e locais.

ABSTRACT

SILVA, José Osmar da Costa e, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, October, 2013. **Selection in progeny S₁ and S₂ peach by mixed model (REML/BLUP)**. Adviser: Claudio Horst Bruckner. Co-Advisers: Marcos Deon Vilela de Resende and Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

The peach is a temperate fruit tree. It needs low winter temperatures to overcome rest and provide satisfactory production. The cultivation extends to areas of mild winters due to selection of low chilling requirement genotypes by the breeding programs. The climate adaptation and improvement of fruit quality are the main goals of peach breeding for warmer regions. This work had as general objective the estimate of genetic parameters and the prediction of breeding values of the peach breeding program at the Universidade Federal de Viçosa through the methodology of mixed models (REML/BLUP) aiming at the selection of genotypes with low chilling requirement. The specific objectives were: (i) estimate genetic parameters, to predict genetic values, estimate the genetic correlation among traits and assess the genetic variability in S₁ peach populations; (ii) estimate genetic parameters, repeatability coefficient in S₂ peach populations; and (iii) estimate genetic parameters, predict genotypic values, estimate the genetic correlation among traits and assess the genetic variability in peach clones. Fruit and plant traits were evaluated. The main parameters estimated were genetic variance components, the coefficients of variation and heritability. The genetic coefficients of variation were greater than 10% in most cases, considered sufficient for effective selection. In general, the heritability estimates were of moderate magnitude. The lower heritability estimate was obtained for prominence of suture region of the fruit (0.08) in S₂ populations. Some variables analyzed presented genetic correlation of high magnitude, such as plant height and trunk diameter (0.9402), number of nodes per proleptic branch and number of fruits per plant (0.7334), fruit mass with mean fruit diameter (0.9870) and fruit length (0.8550). The variable node density per meter of branch has moderately high negative correlation with plant height (-0.5613) and trunk diameter (-0.5373), what is favorable for the selection of genotypes of low vigor. The repeatability coefficients obtained for biometric characteristics of fruits in S₂ populations ranged from 0.37 to 0.76.

The evaluation of six fruits per plant presented a determination coefficient above 80% for the real value of permanent phenotype of the genotypes for the variables length, diameter, length/diameter ratio, percentage of red skin coverage, and prominence of the fruit apex in S_2 populations. Genetic variability was observed in the different populations evaluated that enables the selection of superior genotypes for key traits. These genotypes can be used as parents for future hybridization and, or, to be released as new cultivars indicated for mild winters climates after evaluations with a larger number of repetitions in most years and locations.

1. INTRODUÇÃO GERAL

O pessegueiro [*Prunus persica* (L.) Batsch] é a terceira espécie de maior importância econômica mundial entre as fruteiras de clima temperado, sendo superada apenas por macieiras e pereiras. A produção mundial no ano de 2011 foi superior a 21 milhões de toneladas com valor bruto da produção excedendo 10 bilhões de dólares (FAO, 2011). São consumidos principalmente *in natura*, mas também são industrializados dando origem a uma série de produtos, como o pêssego em calda, geleias, sucos etc.

O pessegueiro, por ser uma planta de clima temperado, caracteriza-se em apresentar anualmente um período de crescimento vegetativo alternado a um período de dormência, quando apresenta baixa atividade metabólica e paralisação do crescimento visível. Essa dormência, característica de plantas de clima temperado durante o inverno é classificada como endodormência (LANG et al., 1987), sendo resultante de uma série de eventos bioquímicos e fisiológicos. Este mecanismo permite a sobrevivência das plantas de clima temperado às condições adversas durante o inverno.

A baixa temperatura que ocorre durante o inverno é o principal fator para que ocorra a saída da dormência e a planta inicie novo período vegetativo e, em plantas adultas, resulte no florescimento e frutificação. O termo necessidade de frio é empregado para quantificar o tempo que a planta deve ser submetida a determinada intensidade de frio para que ocorra o término da dormência de gemas vegetativas e floríferas. O método mais simples e tradicional de cálculo da necessidade de frio de um dado genótipo considera a soma do número de horas com temperaturas inferiores a 7 °C (a rigor 7,2 °C = 45 °F) necessárias para determinado nível de florescimento da planta, geralmente fixado em 50% (WEINBERGER, 1950). Outros modelos consideram tanto o aspecto quantitativo quanto qualitativo do frio e, inclusive, o aspecto negativo proporcionado por altas temperaturas e por temperaturas negativas. No entanto esses modelos nem sempre são aplicáveis às condições de clima ameno (DENNIS JÚNIOR, 2003).

Em condições controladas, a estimativa da necessidade de frio pode ser feita pela submissão de plantas, ramos ou mesmo gemas isoladas a frio

artificial (CITADIN et al., 2002, WAGNER JÚNIOR et al., 2009; 2010, CARVALHO et al., 2010, CARVALHO; BIASI, 2012). Em condições experimentais de campo, o florescimento pode ser usado como referencial para marcar a saída da dormência. Para tanto, são somados o número de horas de temperaturas registradas abaixo de determinado valor para a ocorrência de uma dada taxa de florescimento. Neste caso, o genótipo sofre influência de fatores ambientes não controlados que afetam a quebra de dormência, dentre os quais o mais importante é a própria dinâmica da flutuação de temperatura (aspecto quantitativo e qualitativo do frio).

Como mencionado anteriormente, a data de floração está relacionada com o fim da dormência e é usada como indicador do requerimento em frio de genótipos. Em dada condição local de clima, aquele com florescimento mais precoce é considerado menos exigente em frio (TOPP; SHERMAN, 2000). No entanto, como as gemas vegetativas também apresentam dormência, a intensidade de brotação também pode ser utilizada para comparação da necessidade de frio dos genótipos (WAGNER JÚNIOR et al., 2009).

Embora em condições de cultivo de clima ameno o cálculo de requerimento em frio através da soma de temperaturas inferiores a 7 °C seja muito utilizado, temperaturas superiores a este valor também influem para a superação da endodormência sendo efetivas no acúmulo de frio, principalmente em espécies e cultivares de baixa necessidade de frio (PETRI et al., 1996; CITADIN et al., 2002). Com a ampliação da área de cultivo para regiões cada vez mais quentes, a soma de horas de frio inferiores a 13°C tem sido utilizadas (PEDRO JÚNIOR, 2007) uma vez que a soma de horas abaixo de 7 °C é próxima de zero.

A ampliação da área de cultivo do pessegueiro em direção a regiões com invernos amenos é viabilizada pela utilização de genótipos com baixa necessidade em frio. A utilização de práticas de manejo tais como aplicação de substâncias químicas para auxiliar na quebra de dormência uniforme e a realização de podas são ferramentas auxiliares importantes para o sucesso da cultura nessas regiões (LEONEL; TECCHIO, 2011). No entanto, essas práticas não substituem o efeito do frio na superação da dormência, sendo apenas complementares.

No Brasil as áreas de cultivo de pessegueiro com inverno mais quentes estão localizadas principalmente na região sudeste. Dos estados dessa região, São Paulo apresenta a maior produção. Considerando o período de 2005 a 2010 a produção média desse estado foi de aproximadamente 39.000 toneladas, correspondendo a aproximadamente 60% da produção da região sudeste e 18% da produção brasileira. Minas Gerais foi o segundo maior produtor do sudeste com produção média de aproximadamente 25.000 toneladas. Essa produção representa cerca de 40% da produção dessa região e quase 12% da produção brasileira (AGRIANUAL, 2013).

Segundo Ferreira et al. (1976), Minas Gerais apresenta áreas aptas para o cultivo de fruteiras de clima temperado, principalmente nas regiões Sul de Minas e Campo das Vertentes. Isso ocorre graças a locais com altitudes superiores a 600m. Os climas predominantes nessas áreas são do tipo Cwa e Cwb, segundo a classificação de Köppen (SÁ JÚNIOR, 2009).

A produção de pêssegos em regiões de baixa disponibilidade de frio apresenta como principal benefício a produção precoce em relação à áreas de invernos mais rigorosos, com maior valorização da produção em relação ao período de maior oferta. O sudeste brasileiro, onde os invernos são mais quentes, apresenta produção antecipada em relação aos estados do sul do país e, inclusive, dos países produtores vizinhos, como Chile, Argentina e Uruguai (LEONEL; PIEROZZI; TECCHIO, 2011). Outra vantagem é a proximidade da área produtora com o local de comercialização, reduzindo o custo de transporte (TOPP; SHERMAN; RASEIRA, 2008).

A baixa disponibilidade de frio no inverno e as elevadas temperaturas durante o florescimento são as principais limitações para o cultivo em regiões de invernos amenos (BYRNE et al., 2012). A insuficiência de frio e as flutuações de temperatura durante o inverno podem proporcionar condições inadequadas ao desenvolvimento e à superação da dormência de gemas floríferas e vegetativas em pessegueiro cultivados em regiões mais quentes (NAVA et al., 2011).

A frutificação e produção da maioria das plantas de clima temperado, incluindo o pessegueiro, estão associadas, em primeiro momento, ao desenvolvimento adequado das gemas florais e, em segundo momento, às

condições meteorológicas favoráveis para a abertura das gemas, polinização e fecundação das flores (NAVA; MARODIN; SANTOS, 2009). Temperaturas elevadas durante o período de pré-floração e floração, especialmente as superiores a 25 °C podem reduzir frutificação efetiva em pessegueiro e outras fruteiras temperadas (EREZ et al. 2000; RODRIGO; HERRERO, 2002; KOZAI et al. 2004; NAVA, et al., 2011). Essa redução tem sido atribuída à diminuição da quantidade e taxa de germinação dos grãos de pólen produzidos e a paralisação do desenvolvimento do saco embrionário, promovendo sua degeneração.

O pessegueiro, por ser uma planta perene, apresenta alguns aspectos biológicos que tornam seu melhoramento genético diferenciado do melhoramento de culturas anuais. Segundo Resende (2002), essas características são a sobreposição de gerações, ciclo reprodutivo longo, reprodução sexuada e assexuada e expressão dos caracteres ao longo das várias idades.

No melhoramento de espécies onde a propagação vegetativa é utilizada, o potencial genético dos clones obtidos é fixado desde sua obtenção, ao contrário de plantas autógamas anuais onde o potencial genético muda a cada geração e o objetivo é caminhar em direção à homozigose (BORÉM; MIRANDA, 2013). A propagação vegetativa maximiza o ganho de seleção, capitaliza a heterose (e o efeito da dominância) e permite obter homogeneidade entre os descendentes (RESENDE; BARBOSA, 2005).

Segundo Raseira e Nakasu (2002), em pessegueiro, a seleção de novos genótipos candidatos à utilização como cultivares é feita na maioria das vezes em F₁ ou F₂. Desta forma, apesar de ser planta autógama, a maioria dos cultivares atuais apresentam elevada heterozigose, devido a seleção de indivíduos nas primeiras gerações após a hibridação e propagação vegetativa dos mesmos (BRUCKNER; WAGNER JÚNIOR, 2008).

Fruteiras de um modo geral apresentam período juvenil longo e, quanto mais precocemente o caráter puder ser avaliado, maior será o progresso obtido por ano e menores tempo e espaço serão gastos na etapa de avaliação de progênies (BRUCKNER; WAGNER JÚNIOR, 2008). Em

geral, para pessegueiro, um período de três a seis anos são necessários em cada geração para avaliação das principais características, incluindo produção e biometria de frutos (HANSCH, 1986b; MONET; GUYE; ROY, 1996; DIRLEWANGER, et al., 2006).

O melhoramento genético tem, em geral, o objetivo de manipular caracteres qualitativos e quantitativos com a finalidade de identificar, acumular e perpetuar genes favoráveis. Neste sentido, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos é fundamental por permitir identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de base genética adequada. Dentre os parâmetros de maior importância destacam-se as variâncias genética aditiva e não-aditiva, as correlações e herdabilidades (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Algumas características, de baixa herdabilidade, são muito influenciadas pelo ambiente, enquanto outras, de alta herdabilidade, são pouco influenciadas. Segundo Nyquist (1991), para características de baixa herdabilidade podem ser necessários vários anos e locais para estimar com precisão os valores genéticos de cada indivíduo. Na Tabela 1 são apresentadas estimativas de coeficientes de herdabilidade (a maioria no sentido restrito) obtidos na literatura para diversas características na cultura do pessegueiro. Pode-se observar, por exemplo, que características como tempo de desenvolvimento do fruto e data de colheita apresentam coeficientes de herdabilidade altos, enquanto acidez e teor de sólidos solúveis dos frutos apresentam baixos valores de herdabilidade.

Tabela 1. Estimativas de coeficientes de herdabilidade de alguns caracteres em pessegueiro

Característica	Herdabilidade	Referência
Juvenilidade (número de flores)	0,16	Hansche (1986b)
Densidade de nós	0,48	Souza; Byrne; Taylor (1998a)
Plena floração	0,39	Hansche; Hesse; Beres (1972)
	0,78	Souza; Byrne; Taylor (1998b)
Densidade de flores	0,83*	Milatovic; Nikolic; Durovic (2010)
	0,41	Souza; Byrne; Taylor (1998a)
Densidade de frutos	0,47	Souza; Byrne; Taylor (1998a)
Data de colheita	0,84	Hansche; Hesse; Beres (1972)
	0,79	Hansche (1986a)
	0,94	Souza; Byrne; Taylor (1998b)
Produção	0,81*	Milatovic; Nikolic; Durovic (2010)
	0,43	Souza; Byrne; Taylor (1998a)
Tempo de desenvolvimento do fruto	0,91	Souza; Byrne; Taylor (1998b)
Intensidade de escurecimento enzimático	0,35	Hansche e Boyton (1986b)
Acidez do fruto	0,19	Hansche; Hesse; Beres (1972)
	0,31	Souza; Byrne; Taylor (1998b)
Bico (taxa)	0,45	Souza; Byrne; Taylor (1998b)
Comprimento de fruto	0,31	Hansche; Hesse; Beres (1972)
	0,47	Souza; Byrne; Taylor (1998b)
Diâmetro equatorial do fruto	0,26	Hansche; Hesse; Beres (1972)
	0,31	Souza; Byrne; Taylor (1998b)
Diâmetro sutural do fruto	0,29	Hansche; Hesse; Beres (1972)
	0,38	Souza; Byrne; Taylor (1998b)
Firmeza do fruto	0,13	Hansche; Hesse; Beres (1972)
Massa do fruto	0,50	Hansche (1986a)
	0,32	Souza; Byrne; Taylor (1998b)
Quantidade de vermelho na epiderme	0,19	Hansche (1986a)
	0,68	Souza; Byrne; Taylor (1998b)
Teor de sólidos solúveis	0,01	Hansche; Hesse; Beres, (1972)
	0,17	Hansche (1986a)
	0,33	Souza; Byrne; Taylor (1998b)

* herdabilidade no sentido amplo

O conhecimento de como os caracteres estão relacionados apresenta grande importância no melhoramento, principalmente se um deles apresenta dificuldades, em razão de apresentar baixa herdabilidade ou tenha problemas de medição e identificação. A partir dos dados mensurados é possível obter a correlação fenotípica entre variáveis, que é devida a causas genéticas e ambientais. Para aplicação no melhoramento é importante

quantificar o grau de associação genética entre as características, que são herdáveis. A correlação genética é importante para predizer o nível de expressão para uma característica através da mensuração de outra, para a construção de índices de seleção e para o entendimento da ação gênica (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A correlação genética entre duas características é resultante principalmente de pleiotropia, mas ligações gênicas também são causas, embora transitórias, de correlação (FALCONER; MACKAY, 1997).

O sucesso de um programa de melhoramento reside na existência de variabilidade na população de trabalho. Neste sentido, estudos de diversidade genética são empregados com a finalidade de identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose possibilitando maior chance de seleção de indivíduos superiores nas gerações segregantes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A divergência genética pode ser avaliada por vários métodos multivariados, tais como a análise de componentes principais, variáveis canônicas e os métodos aglomerativos.

Os métodos aglomerativos são realizados tendo como base as medidas de dissimilaridade. Estes métodos apresentam a finalidade de classificar qualquer unidade amostral avaliada em grupos que apresentem homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos. O método de Tocher é um método de agrupamento muito empregado no melhoramento genético e tem como critério que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A seleção é uma etapa importante no melhoramento de plantas. Segundo Raseira e Nakasu (2002), a seleção de genótipos em pessegueiro é muito subjetiva, dependendo da experiência do melhorista, dos objetivos e da fase do programa de melhoramento.

A seleção pode ser feita com base em uma ou várias características. Quando realizada com base em uma ou poucas características, pode levar à obtenção de indivíduos que sejam inferiores para àquelas não consideradas. Para tanto, a seleção simultânea para um conjunto de características de importância para a cultura deve ser considerada, aumentando a chance de

êxito do programa de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Existem diversas metodologias utilizando índice para a seleção com base em múltiplas características, dentre elas o índice de Mulamba e Mock (1978). Este índice hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meio da atribuição de valores absolutos menores àqueles de melhor desempenho. Por fim, os valores atribuídos a cada característica são somados, obtendo-se a soma dos “ranks”, que propicia a classificação dos genótipos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os principais objetivos buscados nos programas de melhoramento da cultura do pessegueiro enumerados por Raseira e Nakasu (2002) são: adaptação; resistência a doenças; época de maturação que propicie melhor escalonamento da colheita; época de floração de forma a escapar das geadas mais fortes; forma, aparência e tamanho dos frutos; firmeza da polpa; porte da planta; produtividade; resistência a condições de estresse e a pragas.

O primeiro passo a ser alcançado no melhoramento para possibilitar o sucesso do cultivo de pessegueiro em regiões de clima ameno é obter genótipos que tenham a capacidade de crescer e frutificar ao longo dos anos nesses ambientes (TOPP e SHERMAN, 2000). Para tanto, esses genótipos devem apresentar necessidade de frio compatível com o clima local. Desta maneira, a obtenção de genótipos com baixa necessidade de frio é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético voltados para regiões de inverno ameno. Graças aos programas de melhoramento existem cultivares com necessidade de frio menor que 50 horas abaixo de 7,2°C para florescimento (TOPP; SHERMAN; RASEIRA, 2008).

A baixa exigência em frio é uma característica poligênica. Os genes para baixa exigência em frio são originários, principalmente, de pessegueiros do sul da China. Os mais usados foram os tipos Honey e o Peento (HESSE, 1975). Os estudos indicam que a necessidade de frio é característica quantitativa regulada por genes de ação predominantemente aditiva (LESLEY, 1944; SHARP, 1961) e que, pelo menos, 12 genes estão envolvidos na regulação do caráter (BASSOLS, 1973).

O programa de melhoramento de pessegueiro para cultivar-copa deve visar a obtenção de frutos com alta qualidade. Os frutos devem apresentar

atributos que atendam as exigências de produtores, comerciantes e, principalmente, do consumidor. Como os diversos elos da cadeia apresentam suas próprias visões do que seja qualidade, em alguns casos pode haver conflitos (TOPP e SHERMAN, 2000).

Os melhoristas tem se baseado em informações empíricas para decidir sobre quais os aspectos de qualidade de frutos são os mais importantes. Segundo Topp e Sherman (2000), estudos com consumidores locais devem ser realizados para nortear os melhoristas aos mais desejados tipos de frutos.

Em geral, os primeiros atributos de qualidade observados pelos consumidores são tamanho, forma, coloração, firmeza e aroma. Esses atributos são os mais importantes para atrair o consumidor na primeira compra. A seguir, a combinação do aspecto visual do fruto com as características internas de qualidade, como aroma, sabor, relação entre sólidos solúveis e acidez, textura, coloração da polpa, são importantes para o consumidor repetir a compra.

Trabalho realizado por Trevisan et al. (2010) revela que os consumidores do estado do Rio Grande do Sul preferem, em geral, frutos de coloração de polpa amarela, embora locais específicos prefiram pêssegos com polpa branca devido à tradição de cultivo de pêssegos dessa cor. Os consumidores tinham ainda, preferência por frutos de tamanho médio a grande, epiderme com coloração amarelo-avermelhada, sendo o sabor da fruta o principal motivo da compra de pêssegos, que deve ser de doce a doce-ácido e de regular a muito suculento.

No tocante ao preço de comercialização de pêssegos no atacado, o calibre dos frutos é um atributo importante para a determinação do valor do produto. Características relacionadas ao gosto do fruto, como a relação sólidos solúveis/acidez, são menos importantes em épocas de menor oferta de pêssegos, como é o caso de cultivares precoces. Almeida e Durigan (2006), avaliando preços de frutos de pessegueiro de cultivares produzidos em São Paulo, mostram que os valores de comercialização são maiores para frutos de maior tamanho, independente do teor de sólidos solúveis e acidez dos frutos. Neste trabalho os autores avaliaram cultivares com frutos

de aparência semelhante, apresentando ampla percentagem da epiderme colorida com tons de vermelho.

Doenças e pragas causam mais danos em condições subtropicais que nas temperadas, provavelmente relacionado ao mais ativo desenvolvimento das pragas devido a temperaturas de primavera e verão mais elevadas e maiores precipitações e umidade relativa. Embora o melhoramento visando resistência a pragas e doenças seja importante, tem ficado em segundo plano a menos que cause reduções muito drásticas na produção (TOPP; SHERMAN, 2000).

A avaliação e seleção em plantas perenes apresenta uma série de particularidades. Segundo Resende (2002), essas características são: utilização dos indivíduos selecionados por vários anos, o que demanda muito rigor e precisão nos métodos de seleção; uso de avaliações repetidas ao longo do tempo; seleção envolvendo comparações de indivíduos de diferentes gerações (diferentes condições ambientais), fato que requer a utilização de métodos mais elaborados; seleção para os efeitos aditivos e não aditivos dos alelos, tendo em vista a propagação vegetativa dos indivíduos; relevância da unidade de seleção de indivíduos em detrimento da unidade de seleção média de grupos de indivíduos, fato que demanda a predição de valores genéticos individuais para fins de seleção; redução do número de indivíduos ao longo das idades, gerando dados desbalanceados para a estimação de parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos individuais.

Diante destes aspectos, o procedimento REML/BLUP é uma ferramenta adequada para a estimação de componentes de variância e predição dos valores genéticos em plantas perenes, sendo, REML (Máxima Verossimilhança Restrita) para a estimação componentes de variância e BLUP (Melhor Preditor Linear não Viciado) para a predição dos valores genéticos dos indivíduos pela utilização de todas as informações genéticas e não-genéticas disponíveis em um conjunto de dados (RESENDE, 2002).

As principais vantagens da utilização do REML/BLUP são: (i) permitir comparar indivíduos através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); (ii) simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; (iii) lida com

estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); (iv) pode ser aplicado a dados desbalanceados e delineamentos não-ortogonais (RESENDE, 2007).

A estimação dos parâmetros genéticos, especialmente componentes de variância é fundamental para avaliar a eficiência de métodos seletivos, estimar parâmetros e fazer previsões. Embora o pessegueiro seja uma espécie que possui grande número de trabalhos na área de melhoramento, não existem na literatura muitos trabalhos em que são estimados parâmetros genéticos e previsão de valores genéticos/genotípicos dos indivíduos avaliados.

Diante do exposto buscou-se, através deste trabalho, realizar a estimação de parâmetros genéticos e previsão de valores genéticos em populações S_1 e S_2 de pessegueiros do programa de melhoramento da Universidade Federal de Viçosa com o emprego da metodologia REML/BLUP.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRIANUAL: **Anuário de Agricultura Brasileira**. São Paulo: FNP Consultoria e Comércio. 2013. p. 401-407.

ALMEIDA, G. V. B.; DURIGAN, J. F. Relação entre as características químicas e o valor dos pêssegos comercializados pelo sistema veiling frutas Holambra em Paranapanema-SP. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 28, n. 2, p. 218-221, 2006.

BARBOSA, W.; OJIMA, M.; CAMPO DALL'ORTO, F. A.; MARTINS, F. P.; SANTOS, R. R.; CASTRO, J. L. **Melhoramento do pessegueiro para regiões de clima subtropical temperado: realizações do Instituto Agrônomo no período de 1950 a 1990**. Campinas: Instituto Agrônomo (Documentos IAC, 52), 1997. 22p.

BASSOLS, M. C. **Phenotypic segregation within a hybrid seedling population of peach, *Prunus persica* (L.) Batsch**. 1973, 72f. Dissertação (Mestrado em Plant Science). Universidade de Arkansas, Fayetteville, 1973.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6.ed. Viçosa-MG: Ed. UFV, 2013. 523p.

BRUCKNER, C. H.; WAGNER JÚNIOR, A. Métodos de melhoramento de fruteiras. In: BRUCKNER, C. H. (Ed.). **Fundamentos do melhoramento de fruteiras**. Viçosa: Editora UFV, 2008, p. 69-116.

BYRNE, D. H.; RASEIRA, M. C. B.; BASSI, D.; PIAGNANI, M. C.; GASIC, K.; REIGHARD, G. L.; MORENO, M. A.; PÉREZ, S. Peach. In: BADENES, M. L.; BYRNE, D. H. (Eds.). **Fruit Breeding - Handbook of Plant Breeding**, v.8. New York: Springer Science+Business Media, 2012. p. 505-568.

CARVALHO, R. I. N.; BIASI, L. A. Índice para a avaliação da intensidade de dormência de gemas de fruteiras de clima temperado. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, n. 3, p. 936-940, 2012.

CARVALHO, R. I. N.; BIASI, L. A.; ZANETTE, F.; RENDOKE, J. C. S.; JEAN M.; PEREIRA, G. P. Endodormência de gemas de pessegueiro e ameixeira em região de baixa ocorrência de frio. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.32, n.3, p. 769-777, 2010.

CITADIN, I.; RASEIRA, M. C. B.; HERTER, F. G.; SILVEIRA, C. A. P. Avaliação da necessidade de frio em pessegueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**. v. 24, n. 3, p. 703-706, 2002.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa-MG: Editora UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.2, 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.

DENNIS JÚNIOR, F. G. Problems in standardizing methods for evaluating the chilling requirements for the breaking of dormancy in buds of woody plants. **HortScience**, v.38, n. 3, p. 347-350, 2003.

DIRLEWANGER, E.; COSSON, P.; BOUDEHRI, K.; RENAUD, C.; CAPDEVILLE, G.; TAUZIN, Y.; LAIGRET, F.; MOING, A. Development of a second-generation genetic linkage map of peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and characterization of morphological traits affecting flower and fruit. **Tree genetics & genomes**, v. 3, p. 1-13, 2006.

EREZ, A.; YABLOWITZ, Z.; KORCINSKI, R.; ZILBERSTAIN, M.; FOKKEMA, N. J. Greenhouse growing of stone fruits: effect of temperature on competing sinks. **Acta Horticulturae**, n. 513, p. 417-425, 2000.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman Science and Technology, 1997. 464p.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations). Disponível em: http://faostat3.fao.org/faostat-gateway/go/to/download/Q/*/E. Acesso em 15 de outubro de 2013.

FERREIRA, A. A.; BARBOSA, T.; MACHADO FILHO, F.; COELHO, D. T. Fruticultura de clima temperado em Minas Gerais. I. Zoneamento segundo a aptidão climática. **Experientiae**, v. 21, n. 6, 1976.

HANSCH, P. E. Heritability of fruit quality traits in peach and nectarine breeding stocks dwarfed by the *dw* gene. **HortScience**. v.21, n. 5, p.1193-1195, 1986a.

HANSCH, P. E. Heritability of juvenility in peach. **HortScience**, v. 21, n. 5, p. 1197-1198, 1986b.

HANSCH, P. E.; BOYNTON, B. Heritability of juvenility in peach. **HortScience**, v. 23, p. 604-606, 1986a.

HANSCH, P. E.; BOYNTON, B. Heritability of enzymatic browning in peach. **HortScience**, v. 21, p. 1195-1197, 1986b.

HANSCH, P. E., HESSE, O. O.; BERES, V. Estimate of genetic and environmental effects on several traits in peach. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 97, p. 76-79, 1972.

HESSE, C. O. Peaches. In: JANICK, J.; MOORE, J. N. **Advances in fruit breeding**. Indiana: Purdue University Press, 1975, p. 285-335.

KOZAI, N.; BEPPU, K.; MOCHIOKA, R.; BOONPRAKOB, U.; SUBHADRABANDHU, S.; KATAOKA, I. Adverse effects of high temperature on the development of reproductive organs in 'Hakuho' peach trees. **Journal of Horticultural Science & Biotechnology**, v. 79, n. 4, p. 533-537, 2004.

LANG, G. A.; EARLY, J. D.; MARTIN, G. C.; DARNELL, R. L. Endo-, para- and ecodormancy: physiological terminology and classification for dormancy research. **HortScience**, v. 22, n. 3, p. 371-377, 1987.

LEONEL, S.; PIEROZZI, C. G.; TECCHIO, M. A. Produção e qualidade dos frutos de pessegueiro e nectarineira em clima subtropical do estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 1, p. 118-128, 2011.

LEONEL, S.; TECCHIO, M. A. Produção e sazonalidade de pessegueiro e nectarineira sob florescimento espontâneo e com cianamida hidrogenada e óleo mineral. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 1, p. 227-234, 2011.

LESLEY, J. W. Peach breeding in relation to winter chilling requirements. **Proceedings of the American Society for Horticultural Science**, v. 45, p. 243-250, 1944.

MILATOVIC, D.; NIKOLIC, D.; DUROVIC, D. Variability, heritability and correlations of some factors affecting productivity in peach. **Horticultural Science**. v. 37, n. 3, p. 79-87, 2010.

MONET, R.; GUYE, A.; ROY, M. Effect of inbreeding and crossing inbreed lines on the weight of peach fruit. **Acta Horticulturae**, v. 374, p. 77-82, 1996.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

NAVA, G. A.; MARODIN, G. A. B.; SANTOS, R. P.; PANIZ, R.; BERGAMASCHI, H.; DALMAGO, G. A. Desenvolvimento floral e produção de pessegueiros 'Granada' sob distintas condições climáticas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 2, p. 472-481, 2011.

NAVA, G. A.; MARODIN, G. A. B.; SANTOS, R. P. Reprodução do pessegueiro: efeito genético, ambiental e de manejo das plantas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 31, n. 4, p. 1218-1233, 2009.

NYQUIST, W. E. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. **Critical Review in Plant Science**. v. 10, p. 235-322, 1991.

PEDRO JÚNIOR, M. J.; BARBOSA, W.; ROLIM, G. S.; CASTRO, J. L. Época de florescimento e horas de frio para pessegueiros e nectarineiras. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 29, n. 3, p. 425-430, 2007.

PETRI, J. L.; PALLADINI, L. A.; SCHICK, E.; DUCROQUET, J. P.; MATOS, C. S.; POLA, A. C. O. **Dormência e indução da brotação de fruteiras de clima temperado**. Florianópolis: Epagri, 1996. 110p.

RASEIRA, M. C. B., NAKASU, B. H. Pessegueiro. In: BRUCKNER, C. H. (Ed.) **Melhoramento de Fruteiras de Clima Temperado**. Editora UFV, p. 89-126, 2002.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Florestas, 2005. 130p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

RODRIGO, J.; HERRERO, M. Effects of preblossom temperatures on flower development and fruit set in apricot. **Scientia Horticulturae**, v. 92, n. 2, p. 123-135, 2002.

SÁ JÚNIOR, A. **Aplicação da classificação de Köppen para o zoneamento climático do Estado de Minas Gerais**. 2009. 101f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Agrícola). Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2009.

SHARP, R. H. Developing new peach varieties for Florida. **Proceedings of the Florida State Horticultural Society**, v. 74, p. 348-363, 1961.

SOUZA, V. A. B.; BYRNE, D. H.; TAYLOR, J. F. Heritability, genetic and phenotypic correlations, and predicted selection response of quantitative traits in peach I. An analysis of several reproductive traits. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.123, p. 598-603, 1998a.

SOUZA, V. A. B.; BYRNE, D. H.; TAYLOR, J. F. Heritability, genetic and phenotypic correlations, and predicted selection response of quantitative traits in peach II. An analysis of several fruit traits. **Journal of the American Society for Horticultural Science** v. 123, n. 4 p. 604-611, 1998b.

TOPP, B. L.; SHERMAN, W. B.; RASEIRA, M. C. B. Low-chill cultivar development. In: LAYNE, D. R. **The peach: botany, production and uses**. Wallingford, UK: CABI, 2008. Cap.5, p.106-138.

TOPP, B. L.; SHERMAN, W. B. Breeding strategies for developing temperate fruits for the subtropics, with particular reference to *Prunus*. **Acta Horticulturae**, v. 522, p. 235-240, 2000.

TREVISAN, R.; PIANA, C. F. B.; TREPTOW, R. O.; GONÇALVES, E. D.; ANTUNES, L. E. C. Perfil e preferências do consumidor de pêssego (*Prunus persica*) em diferentes regiões produtoras no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 32, n. 1, p. 90-100, 2010.

WAGNER JÚNIOR, A.; BRUCKNER, C. H.; SILVA, J. O. C.; DOS SANTOS, C. E. M.; PIMENTEL, L. D.; MAZARO, S. M. Adaptação de genótipos de

pessegueiro F₂ para condições de baixo acúmulo de frio hibernal. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 815-822, 2010.

WAGNER JÚNIOR, A.; BRUCKNER, C. H.; SALOMÃO, L. C. C.; PIMENTEL, L. D.; SILVA, J. O. C; DOS SANTOS, C. E. M. Seleção de genótipos de pessegueiro F₁ com baixa necessidade de frio hibernal. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 31, n. 4, p. 1122-1128, 2009.

WEINBERGER, J. H. Chilling requirement of peach varieties. **Proceeding of the American Society for Horticultural Science**, v. 56, p. 122-128, 1950.

2. CAPÍTULO I

DIVERSIDADE, ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO EM PESSEGUEIROS S₁ PELO PROCEDIMENTO REML/BLUP

RESUMO

O cultivo de pessegueiro em regiões de inverno ameno é viabilizado pela utilização de genótipos de baixa necessidade de frio, sendo este o primeiro objetivo a ser alcançado nos programas de melhoramento direcionados à regiões mais quentes. O objetivo deste trabalho foi estimar herdabilidades e coeficientes de correlação entre caracteres, predizer valores genéticos, avaliar a diversidade e selecionar genótipos adaptados à regiões de inverno ameno em populações S₁ de pessegueiro. Vinte e duas populações, 84 famílias e 2.090 indivíduos, foram avaliados aos dois anos após o plantio em Araponga-MG. O espaçamento adotado foi de 3,5 x 0,5 m. A forma de condução das plantas foi do tipo líder central, com manutenção de um ramo dominante e copa no formato piramidal. Não foi utilizada irrigação nem aplicação de produtos para a quebra de dormência. As variáveis analisadas foram taxa de brotação de gemas laterais e densidade de nós em ramos mistos, altura da planta e diâmetro do tronco. Os dados foram submetidos à análise REML/BLUP empregando o software SELEGEN. Foram determinadas as correlações genéticas entre as variáveis, a diversidade genética e agrupamento das famílias pelo método de Tocher e realizada a seleção de 25% das melhores famílias através de índice, com base nas características taxa de brotação e densidade de nós em ramos mistos além do diâmetro do tronco, buscando o acréscimo das duas primeiras variáveis e a redução na terceira. Foram obtidos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo variando de 0,106 a 0,354 para as características avaliadas. Os coeficientes de variação genética aditiva individual variaram de 10,85 a 19,76%. Os coeficientes de variação relativa foram menores que 1 para todas as características avaliadas. As variáveis altura de planta e diâmetro do tronco apresentaram correlação genética de magnitude elevada (0,9402). A variável densidade de nós por metro linear de ramo apresenta correlação

negativa moderadamente alta com altura de planta (-0,5613) e diâmetro do tronco (-0,5373). Essas correlações negativas observadas são favoráveis ao melhoramento, facilitando a seleção de genótipos produtivos e com menor porte de planta. O agrupamento promovido pelo método de Tocher com base nas distâncias euclidianas médias genéticas resultou na formação de seis grupos mutuamente excludentes. A seleção de 25% das melhores famílias propiciou ganhos preditos de 11,29% para taxa de brotação, 9,71% para densidade de nós, decréscimo de 14,16% em altura e de 14,32% em diâmetro do tronco. Houve variabilidade genética entre populações, famílias e indivíduos de pessegueiro para as variáveis taxa de brotação, densidade de nós, altura e diâmetro do tronco. Priorizando na seleção a característica taxa de brotação identificou-se, por meio da utilização da variabilidade total entre populações, entre famílias e entre indivíduos dentro de famílias, um genótipo 47,39% superior à média geral, revelando o grande potencial do germoplasma avaliado.

Palavras-chave: *Prunus persica*, parâmetros genéticos, adaptação.

DIVERSITY, ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS AND SELECTION IN S₁ PEACH WITH REML/BLUP PROCEDURE

ABSTRACT

The peach-tree can be cultivated in mild winter climates due to genotypes with low chilling requirement, which is the first objective in breeding programs aimed to warmer climates. The objective of this study was to estimate genetic parameters and correlation coefficients among traits, predict breeding values, assess the diversity and select genotypes adapted to mild winter areas in S₁ peach populations. Twenty-two populations were evaluated two years after planting in Araponga-MG. The plants were spaced at 3.5 x 0.5 m and trained according to the central leader system. The cultivation was done without irrigation or application of products to break dormancy. The variables analyzed were sprouting rate and node density on proleptic branches, plant

height and trunk diameter. The data were submitted to the REML/BLUP analysis through the software SELEGEN. We determined the genetic correlations between variables, the genetic diversity and grouping of families by the Tocher's method and performed a selection of the 25% best families through a selection index, based on the traits rate of sprouting and node density in proleptic branches, and trunk diameter. The aim was to increase of the first two variables and to decrease of the third one. The broad-sense heritability coefficients ranged from 0.106 to 0.354 for the traits evaluated. The coefficients of individual additive genetic variation ranged from 10.85 to 19.76%. The coefficients of relative variation of all traits were smaller than 1. The plant height and trunk diameter presented genetic correlation of high magnitude (0.9402). The variable node density has moderately high negative correlation with plant height (-0.5613) and trunk diameter (-0.5373). These negative correlations observed are favorable to the selection of high yielding and small plant genotypes. The grouping promoted by the Tocher's method based on Euclidean genetic distances means resulted in six mutually exclusive groups. The selection of 25% of the best families provided predicted gains of 11.29% for sprouting rate, 9.71% for node density, a decrease of 14.16% in height and 14.32% in trunk diameter. There was variability among populations, families and individuals for the variables rate of sprouting, node density, plant height, and trunk diameter. Prioritizing the selection of sprouting rate, it was identified a genotype 47.39% higher than the overall average, revealing the great potential of the germplasm evaluated through the total variability among populations, families and individuals within families.

Keywords: *Prunus persica*, genetic parameters, adaptation.

2.1. INTRODUÇÃO

O pessegueiro é uma planta autógama adaptada às zonas temperadas e subtropicais que necessita de um determinado acúmulo de frio hibernal após a entrada em dormência para ter floração e brotação normais.

O cultivo em regiões com inverno pouco rigoroso, típico de regiões subtropicais ou tropicais de altitude, torna-se possível pela utilização de genótipos que apresentem baixa necessidade de frio, compatível com as condições locais, para possibilitar o desenvolvimento adequado da planta e garantir produção economicamente viável (RASEIRA; NAKASU, 2002; HAWERROTH et al., 2009).

O uso de genótipos não adaptados, que não tiveram suas necessidades de frio supridas no ambiente em que são cultivados, acarreta a redução do número de gemas brotadas, do número de ramos produtivos e do crescimento da planta. Em condições severas pode levar à morte da planta (SCORZA; SHERMAN, 1996).

A época de florescimento geralmente é usada para comparar a necessidade de frio dos genótipos sob determinada condição, sendo considerados os menos exigentes em frio, portanto mais adaptados, aqueles que atingem determinada taxa de florescimento (geralmente 50% de flores abertas) mais rapidamente (PEDRO JÚNIOR, 2007). No entanto, como as gemas vegetativas apresentam também a necessidade de passarem por período de frio para superação da dormência, a determinação da taxa de brotação pode ser igualmente utilizada com a finalidade de selecionar genótipos quanto à necessidade de frio e adaptação. Trabalhos conduzidos por Wagner Júnior et al. (2009, 2010), avaliando taxas de brotação e florescimento de genótipos sob frio artificial, demonstram grande concordância na seleção dos indivíduos de menor necessidade de frio tanto avaliando a capacidade de florescimento quanto brotação dos genótipos.

Segundo Pérez-González (2002), o vigor de plantas após o primeiro e segundo ciclo no campo, avaliado através do diâmetro do tronco, é apontado como um importante indicador da adaptação do genótipo a condições subtropicais. O autor observa que diâmetros maiores foram obtidos para genótipos com menor necessidade de frio. No entanto, como o autor avaliou

os genótipos em região de elevada altitude, o maior vigor encontrado nos genótipos está diretamente relacionado à capacidade da planta em continuar o crescimento por maior período de tempo, apresentando menor período de dormência, possivelmente pela menor necessidade de unidades térmicas para crescimento dos genótipos de menor necessidade de frio.

Devido ao elevado custo de mão-de-obra no cultivo de pessegueiros e nectarineiras, especialmente nos países desenvolvidos, muitas pesquisas recentes tem sido dirigidas à obtenção de plantas de menor porte com o objetivo de facilitar o manejo e permitir maior mecanização dos pomares. Os principais meios utilizados para este fim são a exploração de novos tipos de hábito de crescimento, adoção de novas formas de condução e seleção de porta-enxertos ananizantes (BYRNE, 2005).

A maioria das características de interesse ao melhorista é quantitativa. A expressão desses caracteres é complexa, devido ao grande número de locos segregantes controlando o caráter, sofrendo, ao mesmo tempo, a influência dos efeitos de ambiente. O entendimento da herança e os componentes determinantes de sua variação são cruciais no estudo dos caracteres quantitativos (FALCONER, 1997).

A predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância são atividades essenciais no melhoramento de plantas perenes constituindo técnicas ótimas de avaliação genética, sendo que o procedimento padrão de estimação/predição é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) (RESENDE, 2002).

O presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e avaliar a variabilidade genética em populações segregantes de pessegueiro visando à seleção de genótipos adaptados a regiões de inverno ameno.

2.2. MATERIAL E MÉTODOS

Vinte e duas populações de pessegueiros (incluindo nectarineiras) da geração F_2 (S_1) foram avaliadas aos dois anos após plantio. As populações continham entre seis e 693 indivíduos cada, totalizando 2090 indivíduos,

distribuídos em 84 famílias. Os genótipos foram originados da autopolinização natural de plantas F_1 (S_0), obtidas de cruzamentos simples, envolvendo dezenove genótipos de pessegueiros e nectarineiras entre os anos de 1986 a 1989 (Tabela 1). Assim, foram produzidas plantas F_2 ou S_1 . Entre os progenitores encontram-se cultivares de baixa e média necessidade de frio, lançados pelo Instituto Agrônomo de Campinas - IAC e Centro de Pesquisa Agropecuária de Clima Temperado - CPACT/EMBRAPA e, seleções obtidas do Programa de Melhoramento de Pessegueiro da UFV.

Tabela 1. Relação das populações de pessegueiro, genealogia e número de indivíduos avaliados em Araponga-MG visando a seleção de genótipos adaptados às condições de inverno ameno

Populações	S_1		S_0	Cruzamentos
	Famílias	N/prog. ²		
1 (104) ¹	6103*	2	1888.03*	Alô Doçura x Colombina ³
	9303	1	1888.05	
	8403	3	0589.01	
	4803	22	0589.07	
	8103	26	0589.11	
	2003	22	0589.13	
	2803	28	0589.22	
2 (9)	2203	9	0689.01	Biuti x Colombina ³
3 (96)	2303	41	1088.03	Biuti x Maravilha
	4703	2	1088.05	
	5603	53	1088.10	
4 (87)	9903	7	0988.02	Biuti x Premier
	9503	46	0988.09	
	1403	34	0988.14	
5 (46)	4103	10	1289.02	Biuti x Rubro-sol ³
	3303	36	1289.03	
6 (6)	6203	1	0788.04	Campinas 1 x Marli
	6503	5	0788.05	
7 (230)	5303	60	0888.01	Campinas 1 x Premier
	6703	56	0888.03	
	9003	26	0888.07	
	4303	72	0888.13	
	4503	3	0888.15	
	6603	13	0888.26	
8 (78)	8903	8	1788.01	Colibri x Rubro-sol ³
	4003	48	1788.06	
	7903	6	1788.07	
	3003	1	1788.11	
	3403	1	1788.13	

(cont. Tabela 1)

	4403	3	1788.18	
	8503	7	1788.19	
	7803	2	1788.20	
	9403	2	1788.21	
9 (25)	7403	16	0486.429	Cristal x Diamante
	2103	9	0486.450	
10 (19)	2503	17	0686.353	Cristal x Premier
	9103	2	0686.381	
11 (7)	0503	7	1389.02	Cristal x Rubro-sol ³
	1503	8	1588.01	
	3803	19	1588.03	
12 (163)	4603	1	1588.07	Doçura x Premier
	6003	49	1588.10	
	5003	86	1588.25	
	6903	15	1688.09	
13 (71)	7703	14	1688.11	Doçura x Rubro-sol ³
	1903	16	1688.13	
	3703	26	1688.15	
14 (7)	9203	7	1388.02	Ouromel x Vila Nova
	7203	51	0388.01	
	7103	11	0388.05	
	8003	14	0388.06	
	3603	5	0388.10	
15 (195)	0603	1	0388.11	Real x Colibri
	0403	44	0388.15	
	9703	26	0388.18	
	3503	14	0388.21	
	4203	12	0388.26	
	3903	17	0388.27	
16 (26)	2603	4	0288.02	Real x Colombina ³
	1303	22	1089.01	
	0803	67	0886.114	
	5803	66	0886.154	
	5403	161	0886.212	
17 (693)	2703	203	0886.256	Real x Premier
	1603	71	0886.283	
	6403	24	0886.283	
	5103	74	0886.303	
	0703	27	0886.381	
	1803	1	0188.01	
18 (11)	1203	2	0188.08	Real x Rubro-sol ³
	8203	8	0188.13	
	0303	7	0688.06	
19 (23)	3103	2	0688.08	Relíquia x Premier
	2403	14	0688.12	
20 (94)	5503	30	0488.04	Relíquia x Rubro-sol ³
	8703	64	0488.06	

(cont. Tabela 1)

	7003	8	0190.08	
	6303	5	0190.13	
21 (23)	0203	8	0190.14	UFV 1187-1 ⁴
	2903	1	0190.21	(Autopolinização)
	1103	1	0190.23	
	5703	36	1988.01	
22 (77)	1003	32	1988.04	UFV-186 ⁵ x Okinawa
	4903	9	1988.12	
Total	84	2090		

¹total de indivíduos das populações; ²total de indivíduos por família; ³nectarineira; ⁴(Ouromel x Rubro-sol); ⁵seleção local/Araponga-MG; *códigos de identificação: primeiros dois dígitos identificam o cruzamento ou autofecundação, os dois dígitos seguintes representam o ano do cruzamento ou autofecundação e os dígitos após o ponto indicam o número da planta.

As mudas utilizadas para implantação do experimento foram produzidas a partir de sementes coletadas na safra 2003/2004. O transplante ocorreu em novembro de 2004 para área da Fazenda Experimental da Universidade Federal de Viçosa, situada em Araponga/MG. O espaçamento utilizado foi de 3,5 m entre linhas e 0,5 m entre plantas. Foram avaliadas 84 famílias S₁, sem delineamento experimental, mas com controle de genealogia.

A área experimental utilizada para o desenvolvimento das plantas situa-se nas coordenadas 20°40'S e 42°31'O, com altitude de 885 m. O clima da região segundo o modelo proposto por Köppen é classificado como Cwb (ANTUNES, 1986). Segundo esta classificação trata-se de clima subtropical/tropical de altitude com inverno seco e verão quente, temperatura média do ar no mês mais quente inferior a 22°C; temperatura média do ar dos três meses mais frios compreendidas entre -3°C e 18°C.

A forma de condução das plantas foi a tipo 'líder central', com manutenção de um ramo central dominante. Foram realizados todos os tratamentos culturais normalmente recomendados para a cultura, porém sem fazer uso de irrigação, nem aplicação de substâncias para a quebra de dormência.

As variáveis analisadas foram taxa de brotação de gemas laterais em ramos mistos, densidade de nós em ramos mistos, altura da planta e diâmetro do tronco.

As variáveis taxa de brotação e densidade de nós foram obtidas após determinação do número de nós, gemas vegetativas e brotos em ramos

mistos (ramos produtivos de um ano contendo gemas vegetativas e floríferas) durante a primavera, após a saída natural do período dormência das plantas. Foram avaliados dois ramos por planta, um de cada lado da árvore, voltados para as entrelinhas de cultivo. Os ramos avaliados tiveram seus comprimentos medidos com auxílio de fita métrica.

A taxa de brotação foi expressa como valor percentual de gemas brotadas em relação ao total de gemas vegetativas. A densidade de nós foi expressa como o número de nós por cada metro linear de ramo.

O diâmetro do tronco foi obtido a 10 cm do nível do solo utilizando paquímetro digital com resultados expressos em centímetros (cm) e a altura foi obtida tomando-se a medida de comprimento da planta, desde o nível do solo até a extremidade do ramo principal, usando régua graduada em centímetros. Os resultados foram expressos em metros (m). As avaliações foram feitas em setembro de 2006 após o florescimento e brotação das plantas.

Os dados foram submetidos à análise REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear não Viciado) e o modelo linear misto utilizado foi $y = Xu + Za + Wp + e$, em que:

y é o vetor de dados, u é o escalar referente ao efeito da média geral (efeito fixo), a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais dentro de populações (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de populações (assumidos como aleatórios) e, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). X , Z e W representam as matrizes de incidência para os efeitos u , a e p , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias

$$y|u, V \sim N(Xu, V)$$

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A \sigma_a^2)$$

$$p|\sigma_p^2 \sim N(0, I \sigma_p^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$$

$$Cov(a, p') = 0; \quad Cov(a, e') = 0; \quad Cov(p, e') = 0$$

ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xu \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WP & R \\ GZ' & G & 0 & 0 \\ PW' & 0 & P & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$G = A \sigma_a^2$$

$$P = I \sigma_p^2$$

$$C = I \sigma_e^2$$

$$V = ZA \sigma_a^2 Z' + WI \sigma_p^2 W' + I \sigma_e^2 = ZGZ' + WPW' + R.$$

Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{u} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2-p^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1-h^2-p^2}{p^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito.}$$

$p^2 = \sigma_p^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2)$: coeficiente de determinação dos efeitos genotípicos de população.

σ_a^2 : variância genética aditiva dentro de populações.

σ_p^2 : variância genotípica entre populações.

σ_e^2 : variância residual.

A : matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{u}' X'y - \hat{a}' Z'y - \hat{p}' W'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} (A^{-1} C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = [\hat{p}' p + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}] / s, \text{ em que:}$$

C^{22} e C^{33} advêm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

C : matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

tr : operador traço matricial.

$r(x)$: posto da matriz X .

N, q, s : número total de dados, número de indivíduos e número de parcelas, respectivamente.

Após a obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos pelo método REML/BLUP foram determinadas as correlações genéticas entre as variáveis, a diversidade genética e agrupamento das famílias e realizada a seleção simultânea de caracteres através do índice de média de postos adaptado de Mulamba e Mock (1978).

Para a discussão dos valores de correlação genética foi utilizada a classificação de magnitudes de correlação sugerida por Souza et al. (1998) com pequena modificação nos intervalos utilizados. Segundo os autores os valores dos coeficientes de correlação genética ou fenotípica são considerados de magnitude alta ou muito alta quando acima de 0,65; moderadamente alta, quando entre 0,50 e 0,65; moderadamente baixa ou baixa quando entre 0,30 e 0,49 e, muito baixa quando inferiores a 0,30. A modificação utilizada consistiu na alteração nos intervalos para as magnitudes alta e moderadamente alta, de forma a ter intervalos melhor distribuídos, da seguinte forma: magnitude alta ou muito alta quando acima de 0,70; moderadamente alta, quando entre 0,50 e 0,70; moderadamente baixa ou baixa quando entre 0,30 e 0,49 e, muito baixa quando inferiores a 0,30.

A divergência genética entre as famílias foi avaliada com base nas distâncias euclidianas genéticas médias padronizadas e agrupamento realizado pelo método de Tocher.

Foram selecionadas 25% das melhores famílias pelo índice de média de postos adaptado de Mulamba e Mock (1978), com base nas

características taxa de brotação em ramos mistos, densidade de nós em ramos mistos e diâmetro do tronco, buscando o acréscimo nas duas primeiras variáveis e redução na terceira. No método adaptado de Mulamba e Mock (1978) os valores genéticos são classificados para cada caráter e a média da ordem de classificação de cada genótipo para todos os caracteres são apresentados como resultado final (MANFIO, 2010).

As análises foram realizadas pela metodologia REML/BLUP utilizando o Software SELEGEN - Seleção Genética Computadorizada (RESENDE, 2007).

2.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com os resultados de herdabilidades e coeficientes de variação genéticos obtidos observou-se presença de considerável variabilidade genética entre as famílias avaliadas (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres taxa de brotação em ramos mistos (BROT), densidade de nós em ramos mistos (DN), altura da planta (ALT) e diâmetro do tronco (DIA) em pessegueiros da primeira geração de autofecundação (S_1) com 2 anos de idade cultivados em Araponga, Minas Gerais

Estimativas	BROT (%)	DN*	ALT (m)	DIA (cm)
Variância genética entre famílias ¹	44,4909	15,9370	0,1798	0,4673
Variância genética entre populações	36,5594	3,5789	0,0414	0,0889
Variância residual	338,7026	110,4571	0,2861	1,3575
Variância fenotípica individual	419,7529	129,9730	0,5073	1,9138
Herdabilidade individual no sentido amplo ²	0,106±0,02	0,123±0,02	0,354±0,04	0,244±0,03
Coeficiente de determinação dos efeitos genéticos de populações	0,087	0,028	0,082	0,046
Herdabilidade total (entre e dentro de populações)	0,193	0,151	0,436	0,290
Coeficiente de variação genética aditiva individual ³	14,83	10,85	19,23	19,76
Coeficiente de variação residual	41,91	28,57	24,20	33,67
Coeficiente de variação relativa	0,36	0,38	0,79	0,59
<i>Média</i>	<i>44,99</i>	<i>36,79</i>	<i>2,21</i>	<i>3,46</i>

¹equivale a variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância;

²equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância;

³ignoranda a fração (1/4) da variância genética de dominância.

*número de nós por metro linear de ramo misto

Foram obtidos valores de variância residual próximas dos valores de variância fenotípica para as variáveis taxa de brotação e densidade de nós em ramos mistos, resultando em elevados coeficientes de variação residual.

As variâncias genéticas entre famílias foram superiores às variâncias entre populações para todos os caracteres avaliados, principalmente para densidade de nós, altura e diâmetro de plantas.

O menor coeficiente de variação genética foi obtido para a variável densidade de nós (10,85%) e o maior para a variável diâmetro do tronco

(19,76%). Este coeficiente permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente nas populações prestando-se para comparar os níveis de variabilidade entre diferentes populações, ambientes e caracteres. Isso é possível porque é expressa em relação à média dos caracteres nas populações. Coeficientes de variação genética da ordem de 10% ou mais são suficientes para a prática de uma seleção efetiva (RESENDE, 2002).

Os coeficientes de variação relativa (CVr) foram menores que a unidade para todas as variáveis utilizadas dado que a maior parcela da variação foi devida a efeitos de ambiente. Segundo Resende e Duarte (2007), o coeficiente de variação relativa se relaciona à acurácia e à precisão na avaliação genética. Os autores demonstram que é possível obter altas acurácias, mesmo com CVr relativamente baixos, desde que o número de repetições seja elevado.

Segundo Resende (1997) quando $0,01 \leq h^2 \leq 0,15$ as estimativas de herdabilidade são de baixa magnitude; quando $0,15 < h^2 < 0,50$ são de moderada magnitude e quando $h^2 \geq 0,50$ são de magnitude alta. A maior estimativa foi obtida para a variável altura de plantas (0,354) enquanto a menor foi obtida para a variável taxa de brotação (0,106), sendo, portanto, moderadas e baixas.

A herdabilidade estimada para a densidade de nós em ramos mistos foi de baixa magnitude (0,123). Souza et al. (1998) obtiveram herdabilidade no sentido restrito de 0,48 para pessegueiros de três anos de idade. Como a herdabilidade é um parâmetro específico de cada população, diferenças entre as estimativas nos diferentes estudos são esperadas. O fato de a população estudada pelos autores supracitados ser F_1 e a coleta de dados ter sido feita por dois anos podem ser algumas das causas prováveis do valor mais alto de herdabilidade encontrado. Segundo Borém e Miranda (2013), as estimativas de herdabilidade variam com o método de estimação, a diversidade da população, o nível de endogamia da população, o número de ambientes considerados, a precisão da condução do experimento e de coleta dos dados, dentre outros fatores.

As variáveis diâmetro de tronco e altura de plantas, indicadores de vigor, são importantes para a definição do espaçamento a ser adotado no pomar e para a tomada de decisão na aplicação das práticas de manejo. A

área da secção do tronco é referência, por exemplo, para cálculo do número de frutos que devem permanecer na planta após o raleio (SCARPARE FILHO; MINAMI; KLUGE, 2000). Para espécies florestais, a determinação de diâmetro e altura é realizada em muitos casos. O uso da metodologia de modelos mistos é empregada para a estimação de parâmetros e predição de valores genéticos para uma ou ambas as características em espécies perenes florestais como *Pinus greggii* (AGUIAR; SOUSA; SHIMIZU, 2010) e *Handroanthus vellosi* (BATISTA et al., 2012); em seringueira (COSTA et al., 2008a; 2008b); em fruteiras, como em cajueiro (CAVALCANTI; RESENDE, 2010); em espécies energéticas, como o pinhão manso (JUHÁSZ et al., 2010) e macaúba (MANFIO et al. 2012).

A densidade de nós é uma variável que afeta a quantidade de gemas vegetativas e floríferas no ramo misto em pessegueiro e, conseqüentemente, o número de frutos por planta. Em cada nó do ramo produtivo (ramo misto) são observadas, em média, entre 1 a 2 gemas floríferas (SOUZA et al., 1998; BASSI; MONET, 2008). Nem toda gema florífera é convertida em fruto colhido, sendo o abortamento de gemas, de flores e de frutos as variáveis que causam redução da produção potencial. Os dois fatores de risco que levam à necessidade de seleção de genótipos com moderado a alto número de gemas floríferas na planta são principalmente a ocorrência de geadas e abortamento de flores devido a problemas de inviabilidade de pólen.

Na maioria dos genótipos cultivados, a densidade de gemas floríferas é alta, sendo recomendada a execução de raleio de frutos com o intuito de que os remanescentes apresentem maior tamanho. Os frutos de maior calibre alcançam maiores preços, aumentando assim, a rentabilidade do produtor (SCARPARE FILHO, 2000).

As variáveis altura de planta e diâmetro do tronco apresentaram correlação genética de magnitude muito alta (0,9402) entre si, conforme pode ser observado na Tabela 3. A pleiotropia é a principal causa da correlação genética entre as características. Os mesmos genes devem estar envolvidos tanto no crescimento da planta quanto no aumento do diâmetro do tronco. Deste modo, em avaliações futuras pode-se optar pela avaliação de apenas uma dessas características para a seleção de indivíduos quanto

ao porte de plantas. A mais recomendada é o diâmetro do tronco, por ser mais fácil de ser obtida e menos sujeita a erros de medição.

Tabela 3. Coeficientes de correlação genética entre taxa de brotação em ramos mistos (BROT), densidade de nós (DN), altura da planta (ALT) e diâmetro do tronco (DIA) em pessegueiros da geração S₁ cultivados em Araponga, Minas Gerais

	BROT	DN	ALT	DIA
BROT	1,0000	0,0186	0,0553	0,0545
DN		1,0000	-0,5613	-0,5373
ALT			1,0000	0,9402
DIA				1,0000

Valores altos de correlação entre diâmetro do tronco e altura de plantas também são observados para espécies arbóreas, cultivadas em espaçamento adensado como observado em Pinus (PALUDZYSZYN FILHO, 2002). As plantas avaliadas neste experimento foram conduzidas em espaçamento adensado e com pouca variabilidade quanto ao formato da copa (predominantemente verticalizado devido à forma de condução em líder central e pouca variabilidade no hábito de crescimento dos genótipos). Em populações contendo genótipos com hábito de crescimento mais 'abertos' e sob maiores espaçamentos a magnitude da correlação destas variáveis pode ser menor.

A variável densidade de nós por metro linear de ramo apresenta correlação negativa moderadamente forte com altura de planta (-0,5613) e diâmetro do tronco (-0,5373), indicando que a seleção direta visando acréscimo na primeira variável resultará em decréscimo das outras.

Maior densidade de nós associada a menor crescimento da planta é favorável para cultivos em sistemas de produção modernos que utilizam maior adensamento de plantas. A maior concentração de gemas floríferas, esperada em razão da maior densidade de nós, tende a resultar em maior produção. Assim, essas correlações negativas observadas são favoráveis ao melhoramento facilitando a seleção de genótipos produtivos e com menor porte de planta.

Genótipos que possuem maior densidade de nós por metro linear de ramo, possuem, conseqüentemente, entrenós mais curtos. Desta forma, os genótipos de menor porte possuem entrenós menores, e essa associação pode ser devida à existência de vias de sinalização hormonal semelhantes.

A giberelina é o principal hormônio relacionado diretamente ao crescimento do entrenó das plantas superiores (TAIZ; ZEIGER, 2004). São sintetizadas nas gemas apicais, folhas, assim como nos entrenós jovens e em crescimento ativo (ELLIOTT et al., 2001). Esse hormônio promove o crescimento tanto pelo alongamento quanto a divisão celular, promovendo aumento do número de células e no comprimento celular. Maiores concentrações de giberelina promovem o alongamento de entrenós em várias espécies (TAIZ; ZEIGER, 2004).

Embora frequentemente discuta-se a ação dos hormônios como se eles agissem de modo independente, as inter-relações do crescimento e do desenvolvimento resultam da combinação de dois ou mais sinais. Juntamente com as giberelinas, as auxinas, citocininas e etileno também estão envolvidos com o crescimento de plantas. Em alguns casos, as rotas metabólicas desses hormônios são interligadas, como auxina-giberelina e auxina-etileno.

A auxina está relacionada à dominância apical e definição da forma da planta. Interfere no crescimento por promover o alongamento celular. Embora a citocinina seja necessária à proliferação normal das células do meristema apical e, conseqüentemente, ao crescimento normal da parte aérea, altas concentrações reduzem o alongamento de caules (menores entrenós) e raízes (TAIZ; ZEIGER, 2004).

Assim, menores concentrações de giberelina e auxina e, ou, maiores concentrações de citocinina e etileno podem ser os hormônios responsáveis pelo menor comprimento de entrenós (maior densidade de nós) e menor porte da planta observados neste trabalho.

O agrupamento promovido pelo método de Tocher com base nas distâncias euclidianas genéticas médias resultou na formação de seis grupos mutuamente excludentes (Tabela 4).

Tabela 4. Grupos de similaridade genética obtidos pelo método de Tocher a partir de 4 características em 84 famílias de pessegueiro geração S₁ com dois anos de idade, baseados na distância euclidiana média dos valores genéticos

Grupo	Famílias
I	2003* 2803 6103 8103 8403 9303 2303 4703 5603 9503 9903 4103 6203 4503 5303 6603 3003 3403 4003 4403 7803 7903 8503 8903 9403 2103 7403 2503 9103 3803 4603 5003 6003 1903 3703 6903 7703 9203 403 603 3503 3603 3903 4203 7103 8003 1303 2603 803 1603 2703 5403 5803 6403 1203 1803 8203 2403 3103 8703 203 1103 2903 6303 7003 1003 4903 5703
II	4803 2203 6503 6703 5503
III	3303 9003 7203 5103 303
IV	503 1503 9703
V	1403 4303
VI	703

*códigos de identificação: primeiros dois dígitos identificam o cruzamento ou autofecundação, os dois dígitos seguintes representam o ano do cruzamento ou autofecundação. Relação dos progenitores: Tabela 1 (pg. 23).

O agrupamento não foi eficiente para alocar todas as famílias originalmente pertencentes a uma mesma população em um mesmo grupo. O grupo 1 abrangeu o maior número de famílias (68). Apenas as populações 2 (Biuti x Colombina) e 11 (Cristal x Rubro-sol) não foram representadas neste grupo. Essas populações continham apenas uma família cada e poucos indivíduos compondo cada uma delas. As populações 3 (Biuti x Maravilha), 8 (Colibri x Rubro-sol), 9 (Cristal x Diamante), 10 (Cristal x Premier), 13 (Doçura x Rubro-sol), 14 (Ouromel x Rubro-sol), 16 (Real x Colombina), 18 (Real x Rubro-sol), 21 (UFV-1187^{AF}), e 22 (UFV 186 x Okinawa) tiveram suas famílias alocadas exclusivamente neste grupo.

O agrupamento de famílias de diferentes populações em um mesmo grupo pode ser explicado pelo fato de que alguns genitores são comuns a diferentes cruzamentos que geraram as populações.

Os grupos 2 e 3 foram formados por cinco famílias cada, de populações distintas dentro de cada grupo. Os grupos 4, 5 e 6 foram formados por menor número de famílias.

O cruzamento entre materiais genéticos pertencentes aos diferentes grupos é recomendado visando maximizar a variabilidade genética e a heterose (para caracteres que exibem dominância) nas populações segregantes.

A variabilidade genética existente no germoplasma avaliado pode ser explorada a nível de populações, famílias e indivíduos. Maior ganho é obtido pela seleção de indivíduos (Tabela 5). Considerando a variável taxa de brotação em ramos mistos, observa-se que a seleção das dez melhores populações resulta em ganho de 9,21%, enquanto a seleção das dez melhores famílias resulta em ganho de 33,38% e os dez melhores indivíduos 46,50%. A seleção do melhor indivíduo, por seu valor genético, resulta em ganho de 47,39%, mostrando o potencial dos indivíduos avaliados.

A seleção com base em uma única característica pode levar a ganhos elevados para a característica considerada e pequenos nas demais. Para a obtenção de ganhos mais equilibrados em termos de várias características, a utilização de índices de seleção é recomendada.

Tabela 5. Ganhos obtidos a partir da seleção de populações, famílias e indivíduos com base nos valores genéticos para a variável taxa de brotação em ramos mistos (%) obtidos pela metodologia REML/BLUP

Ordem	Unidade selecionada	Efeito genético	Valor genético	GS (%)	Nova Média
	População	g	u+g		
1	15	10,0823	55,0727	22,41	55,07
2	7	7,7747	52,7652	19,85	53,92
3	3	6,5223	51,5128	18,06	53,12
4	5	4,8235	49,814	16,23	52,29
5	16	4,6367	49,6272	15,04	51,76
6	20	3,0936	48,0841	13,68	51,15
7	2	2,9169	47,9073	12,65	50,68
8	18	1,6202	46,6107	11,52	50,17
9	19	0,2352	45,2257	10,30	49,62
10	17	-0,262	44,7285	9,21	49,13
	Família	a	u+a		
1	7203	18,9533	63,94376	42,13	63,94
2	9003	17,964	62,95446	41,03	63,45
3	3303	17,8509	62,84136	40,58	63,25
4	3603	15,9591	60,94956	39,30	62,67
5	4203	15,9541	60,94456	38,53	62,33
6	8003	13,8309	58,82136	37,23	61,74
7	7103	13,4728	58,46326	36,19	61,27
8	4303	12,237	57,22746	35,07	60,77
9	603	12,1473	57,13776	34,17	60,36
10	2303	11,8008	56,79126	33,38	60,01
	Indivíduo	a	u+a		
1	7203.23	21,3214	66,3119	47,39	66,31
2	7203.25	21,3214	66,3119	47,39	66,31
3	7203.43	21,3214	66,3119	47,39	66,31
4	7203.14	20,993	65,9835	47,21	66,23
5	7203.42	20,9562	65,9467	47,08	66,17
6	7203.35	20,9352	65,9257	46,99	66,13
7	7203.16	20,8833	65,8738	46,91	66,10
8	7203.44	20,5635	65,5539	46,76	66,03
9	7203.27	20,4512	65,4416	46,61	65,96
10	7203.39	20,442	65,4324	46,50	65,91
Média geral do experimento				44,99	

A seleção de 25% das melhores famílias (21 famílias), selecionadas com base no índice de Mulamba e Mock (1978) visando o acréscimo para as características taxa de brotação e densidade de nós por metro linear e redução na variável diâmetro do tronco é apresentada na Tabela 6. Quinze das 22 populações foram representadas com a seleção das famílias, sendo elas: 1, 2, 3, 5, 6, 7, 8, 10, 11, 13, 15, 16, 17, 20 e 22. O total de indivíduos selecionados foi de 539 indivíduos.

Tabela 6. Famílias de pessegueiro selecionadas (em intensidade de 25%) pelo índice de Mulamba e Mock (1978) para as variáveis taxa de brotação em ramos mistos (BROT)¹, densidade de nós (DN)¹ e diâmetro do tronco (DIA)² em Araponga-MG

Ordem	Família	População	Nº de plantas	F ₁	Cruzamentos
1	5503	20	30	0488.04	Relíquia x Rubro-sol
2	2203	2	9	0689.01	Biuti x Colombina
3	4803	1	22	0589.07	Alô Doçura x Colombina
4	6503	6	5	0788.05	Campinas 1 x Marli
5	7203	15	51	0388.01	Real x Colibri
6	6403	17	24	0886.283	Real x Premier
7	6703	7	56	0888.03	Campinas 1 x Premier
8	9103	10	2	0686.381	Cristal x Premier
9	2303	3	41	1088.03	Biuti x Maravilha
10	7703	13	14	1688.11	Doçura x Rubro-sol
11	8003	15	14	0388.06	Real x Colibri
12	8103	1	26	0589.11	Alô Doçura x Colombina
13	8703	20	64	0488.06	Relíquia x Rubro-sol
14	2603	16	4	0288.02	Real x Colombina
15	5703	22	36	1988.01	UFV-186 x Okinawa
16	3303	5	36	1289.03	Biuti x Rubro-sol
17	6603	7	13	0888.26	Campinas 1 x Premier
18	7903	8	6	1788.07	Colibri x Rubro-sol
19	9003	7	26	0888.07	Campinas 1 x Premier
20	503	11	7	1389.02	Cristal x Rubro-sol
21	5603	3	53	1088.10	Biuti x Maravilha

¹seleção com o objetivo de acréscimo na característica;

²seleção com o objetivo de decréscimo na característica.

A seleção das 21 famílias propiciou ganhos preditos diretos de 11,29% para taxa de brotação, 9,71% para densidade de nós e de 14,32%

em diâmetro do tronco. Foi observado decréscimo de 14,16% em altura (ganho indireto).

Genótipos com maior taxa de brotação, além de serem mais adaptados às condições edafoclimáticas do local de avaliação, podem resultar em maior enfolhamento e acúmulo de fotoassimilados para desenvolvimento dos frutos e para o acúmulo de reservas da planta. Além do mais, como o pessegueiro frutifica em ramos de um ano, maiores taxas de brotação garantem a continuidade da produção da planta na próxima safra. Em contrapartida, o acréscimo exagerado em taxa de brotação pode resultar em maior auto-sombreamento e maior necessidade de realização de podas. Portanto, a avaliação de faixa ótima de brotação pode ser alvo de novas pesquisas.

O aumento na densidade de nós é desejável para a obtenção de genótipos com maior número de gemas floríferas e, assim, assegurar uma maior produção frente a possíveis riscos de abortamento de gemas, flores e frutos em decorrência de fatores bióticos e abióticos. Outro enfoque possível é a seleção de genótipos com maiores comprimentos de entrenós e que apresentem fixação de frutos compatível com o tamanho e vigor dos ramos para a obtenção adequada de número e calibre de frutos.

Para as variáveis altura e diâmetro, especialmente altura, os dois sentidos de seleção (acrécimo ou decréscimo) podem ser tomados a depender especialmente do espaçamento a ser adotado. Genótipos mais vigorosos podem ser recomendados para espaçamentos maiores, enquanto os de pequeno porte devem ser recomendados, preferencialmente, para espaçamentos menores. É importante ressaltar que os pomares comerciais são formados através de propagação vegetativa. No Brasil a muda é predominantemente formada com a utilização de enxertia de fragmentos da planta contendo gemas vegetativas do cultivar copa sobre porta-enxertos obtidos a partir de sementes.

Os caracteres diâmetro do tronco, altura e volume da copa - que expressam vigor - são influenciados pela combinação específica porta-enxerto x copa (MARRA et al., 2013). A principal frente de investigação em busca da resposta dessa interação está relacionada às alterações do nível de hormônios endógenos entre os diferentes órgãos da planta (JACKSON,

1993). Diferenças anatômicas dos vasos de xilema no porta-enxerto, quanto ao diâmetro e quantidade, também são estudadas. Segundo Tombesi (2011), porta-enxertos menos vigorosos apresentam vasos de xilema mais delgados e com menor condutância hidráulica. É de se esperar que genótipos-copa que crescem a maiores taxas acabem por resultar em árvores com copas maiores em combinação com porta-enxertos normais (não ananizantes). Caso isso seja verdade, é vantajosa a seleção de genótipos com menor vigor quando a seleção é direcionada a plantios mais adensados.

Albuquerque et al. (2000) avaliaram diversos cultivares no mesmo campo experimental em que se conduziu o presente estudo e concluíram que os cultivares Campinas 1, Setembrino, Okinawa, Aurora 1, Aurora 2, Alô Doçura, Real, Josefina, Cristal, Talismã, Ouromel, Relíquia e Maravilha eram genitores promissores para serem utilizados para a obtenção de indivíduos de baixa necessidade de frio, baseados na data de florescimento desses genótipos. Destes genótipos indicados pelos autores supracitados, Campinas 1, Okinawa, Alô Doçura, Real, Relíquia e Maravilha figuram entre os progenitores utilizados para a obtenção das famílias selecionadas, comprovando a eficácia da utilização destes genótipos como genitores para a obtenção de indivíduos adaptados a regiões de clima ameno. Wagner Júnior et al. (2009), avaliando 25 populações F_1 de pessegueiro, concluíram que o Cultivar Real apresentou grande eficiência na obtenção de indivíduos com baixa necessidade de frio hibernal. O mesmo pode ser observado neste trabalho onde este cultivar se destaca como um dos mais frequentes entre os progenitores utilizados nas famílias selecionadas.

Embora a adaptação do genótipo seja primordial para o sucesso do cultivo de pessegueiros em regiões de inverno ameno, só será válida para lançamento como cultivar se apresentar características de frutos com qualidade compatível com as exigências do consumidor.

A maioria dos genótipos utilizados como genitores nos cruzamentos para a obtenção das populações deste trabalho foi utilizada como cultivares, portanto espera-se que os descendentes apresentem ao menos um atributo que os tornem atrativos aos produtores e consumidores.

Entre os progenitores das famílias selecionadas pelo índice de Mulamba e Mock, os usados com maior frequência (Rubro-sol, Premier, Biuti, Campinas 1, Colombina e Real) são superiores especialmente quanto à firmeza da polpa (ALBUQUERQUE et al., 2000; ALBUQUERQUE, 1997). Premier, Relíquia e Alô Doçura tem como característica a elevada relação entre teor de sólidos solúveis e acidez. Maravilha e Marli são cultivares de frutos grandes. Marli, Premier e Rubro-sol são cultivares com porcentagem mediana da epiderme recobertas com pigmentação vermelha. Desta forma, são esperados genótipos com características desejáveis quanto à qualidade de frutos entre os indivíduos selecionados para adaptação.

Genótipos da família 5703 provavelmente não apresentarão boa qualidade de fruto uma vez que os progenitores (UFV-186 e Okinawa) não são genótipos selecionados para produção, mas sim para serem utilizados como porta-enxerto. Okinawa é o porta-enxerto mais utilizado na região sudeste e tem como característica a resistência a nematóides (PEREIRA et al., 2002) e, UFV 186 foi selecionado por reduzir o porte de ameixeiras (BRUCKNER, 1988). Os genótipos desta família poderão ser testados como porta-enxertos tanto de pessegueiros quanto de ameixeiras quanto à resistência a nematóides e capacidade de redução do porte de plantas.

2.4. CONCLUSÕES

Há variabilidade genética entre populações, famílias e indivíduos de pessegueiro para as variáveis taxa de brotação, densidade de nós, altura e diâmetro do tronco.

A correlação genética entre diâmetro de tronco e altura de planta é de magnitude muito alta. A correlação entre densidade de nós com altura e diâmetro do tronco é negativa e sua magnitude é moderadamente alta; isso é favorável ao melhoramento visando obtenção de plantas produtivas e de baixo vigor.

A utilização do agrupamento de Tocher com base nas distâncias genéticas euclidianas médias padronizadas foi eficiente para separar as 84 famílias avaliadas em grupos divergentes.

A seleção de 25% das famílias com base no índice de Mulamba e Mock (1978) proporcionou ganhos preditos elevados para taxa de brotação, densidade de nós e redução de porte.

Priorizando na seleção a característica taxa de brotação identificou-se, por meio da utilização da variabilidade total entre populações, entre famílias e entre indivíduos dentro de famílias, um genótipo 47,39% superior à média geral, revelando o grande potencial do germoplasma avaliado.

2.5. REFÊRENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A.; SHIMIZU, J. Y. Seleção genética de progênies de *Pinus greggii* para formação de pomares de sementes. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 62, p. 107-116, 2010.

ALBUQUERQUE, A. S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SALOMÃO, L. C. C. Avaliação de cultivares de pêssego e nectarinas em Araponga, Minas Gerais. **Revista Ceres**, v. 47, n. 272, p. 401-410, 2000.

ALBUQUERQUE, A. S. **Diversidade e parâmetros genéticos em pessegueiro (*Prunus persica* L. Batsch)**. 1997. 90p. Dissertação (mestrado em Fitotecnia). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

ANTUNES, F. Z. Caracterização climática do Estado de Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.12, n.138, p.9-13, 1986.

BASSI, D.; MONET, R. Botany and taxonomy. In: LAYNE, D. R. **The peach: botany, production and uses**. Wallingford, UK: CABI, 2008, 615p.

BATISTA, C. M.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. A.; ZANATTO, A. C. S.; SANTOS, P. C.; ZANATA, M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Estimativas de parâmetros genéticos e a variabilidade em procedências e progênies de *Handroanthus vellosi*. **Revista Florestal Brasileira**, v. 32, n. 71 p. 269-276, 2012.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6.ed. Viçosa- MG: Ed. UFV, 2013. 523p.

BRUCKNER, C. H. Ocorrência de nanismo em ameixeiras enxertadas sobre pessegueiros. In: IX Congresso. Bras. de Frut., **Anais...** Campinas, 1988. v.1, p.107-109.

BYRNE, D. H. Trends in stone fruit cultivar development. **HortTechnology**, v. 15, n. 3, p. 494-500, 2005.

CAVALCANTI, J. J. V.; RESENDE, M. D. V. Seleção precoce intensiva: uma nova estratégia para o programa de melhoramento genético do cajueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 32, n. 4, p. 1279-1284, 2010.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; GONÇALVES, P. D. S.; OLIVEIRA, L. C. S.; ÍTAVO, L. C. V.; ROA, R. A. R. Seleção simultânea para porte reduzido e alta produção de látex em seringueira. **Bragantia**, v. 67, n. 3, p. 649-654, 2008a.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; GONÇALVES, P. D. S.; CHICHORRO, J. F.; ROA, R. A. R. Variabilidade genética e seleção para caracteres de crescimento da seringueira. **Bragantia**, v. 67, n.2, p. 299-305, 2008b.

ELLIOTT, R. C.; ROSS, J. J.; SMITH, J. J.; LESTER, D. R. Feed-forward regulation of gibberellins deactivation in pea. **Journal of the Plant Growth Regulation**, v. 20, p. 87-94, 2001.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Long-man Science and Technology. London, 1997. 464p.

HAWERROTH, F. J.; PETRI, J. L.; LEITE, G. B.; HERTER, F. G.; MARAFON, A. C. Efeito do frio e do desponte na brotação de gemas em pessegueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 31, n. 2, p. 440-446, 2009.

JACKSON, M. B. Are plant hormones involved in root to shootcommunication? **Advanced Botanical Research**, v.19, p. 104-181, 1993.

JUHÁSZ, A. C. P.; MORAIS, D. L. B.; SOARES, B. O.; PIMENTA, S.; RABELLO, H. O.; RESENDE, M. D. V. Parâmetros genéticos e ganho com a seleção para populações de pinhão manso (*Jatropha curcas*). **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 61, p. 25-35, 2010.

MANFIO; C. E.; MOTOIKE; S. Y.; RESENDE; M. D. V.; SANTOS; C. E. M.; SATO; A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e

estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 63-68, 2012.

MARRA, F. P.; LO BIANCO, R.; LA MANTIA, M.; CARUSO, T. Growth, yield and fruit quality of 'Tropic Snow' peach on size-controlling rootstocks under dry Mediterranean climates. **Scientia Horticulturae**, v.160, n.27, p. 274–282, 2013

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, n. 1, p. 40–51, 1978.

MANFIO, C. E. **Análise genética no melhoramento da macaúba**. 2010. 52p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. p. 20.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 12, p. 1719-1726, 2002.

PEDRO JÚNIOR, M. J.; BARBOSA, W.; ROLIM, G. S.; CASTRO, J. L. Época de florescimento e horas de frio para pessegueiros e nectarineiras. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.29, n.3, p.425-430, 2007.

PEREIRA, F. M.; NACHTIGAL, J. C.; ROBERTO, S. R. **Tecnologia para a cultura do pessegueiro em regiões tropicais e subtropicais**. Jaboticabal: Funep, 2002. 62p.

PÉREZ-GONZÁLEZ, S. Variables associates with evolution and adaptation of peach seedlings to subtropical environments. **Acta Horticulturae**, v. 592, p. 143-148, 2002.

RASEIRA, M. C. B., NAKASU, B. H. Pessegueiro. In: BRUCKNER, C. H. (Ed.) **Melhoramento de Fruteiras de Clima Temperado**. Editora UFV, p. 89-126, 2002.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. Avanços da genética biométrica Florestal. In: Encontro sobre temas de genética e melhoramento, 14, 1997, Piracicaba. **Anais**. Piracicaba: ESALQ-USP, 1997. p.150-158.

SCARPARE FILHO, J. A.; MINAMI, K.; KLUGE, R. A. Intensidade de raleio de frutos em pessegueiros Flordaprince conduzidos em pomar com alta densidade de plantio. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.6, p.1109-1113, 2000.

SCORZA, R.; SHERMAN, W.B. Peaches. In: JANICK, J.; MOORE, J.N. (Ed.) **Fruit breeding**. v1. Tree and tropical fruit. Wiley, New York, p. 325-440, 1996.

SOUZA, V. A. B.; BYRNE, D. H.; TAYLOR, J. F. Heritability, genetic and phenotypic correlations, and predicted selection response of quantitative traits in peach I. An analysis of several reproductive traits. **Journal of the American Society for Horticulture Science**, v.123, p.598-603, 1998.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 3ed. Trad. SANTARÉM, E. R. et al. Artmed Editora S.A., 2004. 719p.

TOMBESI S.; ALMEHDIB A.; DEJONG T. M. Phenotyping vigour control capacity of new peach rootstocks by xylem vessel Analysis. **Scientia Horticulturae**, v.127, p, 353-357, 2011.

WAGNER JÚNIOR, A.; BRUCKNER, C. H.; SILVA, J. O. C.; SANTOS, C. E. M.; PIMENTEL, L. D.; MAZARO, S. M. Adaptação de genótipos de pessegueiro F₂ para condições de baixo acúmulo de frio hibernal. **Bragantia**, v. 69, n. 4, p. 815-822, 2010.

WAGNER JÚNIOR, A.; BRUCKNER, C. H.; SALOMÃO, L. C. C.; PIMENTEL, L. D.; SILVA, J. O. C; SANTOS, C. E. M. Seleção de genótipos de pessegueiro F₁ com baixa necessidade de frio hibernal. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 31, n. 4, p. 1122-1128, 2009.

3. CAPÍTULO II

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E REPETIBILIDADE EM PESSEGUEIROS S₂ CULTIVADOS EM VIÇOSA-MG

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e coeficientes de repetibilidade em população S₂ de pessegueiro por meio da metodologia de modelos mistos, indicada especialmente para dados desbalanceados, comumente observados em plantas perenes. Quatrocentos e trinta e quatro indivíduos, pertencentes a 55 famílias em cinco populações de pessegueiro da geração S₂ foram avaliados aos dois anos de idade no município de Viçosa-MG. O espaçamento adotado foi de 3,00 x 1,20 m. A forma de condução das plantas foi a do tipo líder central. Os tratos culturais empregados foram os normalmente recomendados para a cultura, com utilização de irrigação suplementar e aplicação de produtos auxiliares na quebra de dormência (cianamida hidrogenada + óleo mineral). Não foi utilizada a prática de raleio de frutos. As variáveis analisadas foram diâmetro do tronco a 10 centímetros do nível do solo, diâmetro do tronco à altura do peito, altura da planta, taxa de brotação em ramos mistos, taxa de nós cegos em ramos mistos, produção e época de colheita. Foram avaliadas características biométricas de frutos (a partir de até seis frutos por planta): massa, diâmetro, comprimento, relação comprimento/diâmetro, percentual de vermelho na epiderme, proeminência do ápice, proeminência da linha de sutura, teor de sólidos solúveis totais, acidez total titulável e relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável. Os dados obtidos foram submetidos à análise REML/BLUP com a utilização do programa SELEGEN. Para as características obtidas de dados individuais de cada fruto (diâmetro médio, comprimento, relação comprimento/diâmetro, percentual de vermelho na epiderme, proeminência do ápice e proeminência da região de sutura), realizou-se o cálculo dos coeficientes de repetibilidade (ρ) e coeficientes de determinação (R^2). Foram preditos os números de frutos (η) necessários para a obtenção de diferentes níveis de precisão ($R^2 = 0,80; 0,90$ e $0,95$). Os

coeficientes de herdabilidade individuais no sentido restrito variaram de 0,13 para a proeminência do ápice do fruto a 0,58 para a característica diâmetro à altura do peito. Os coeficientes de variação genética aditiva individual foram superiores a 10% para a maioria das características avaliadas, suficientes para a prática de seleção efetiva. Os coeficientes de variação relativos (CV_{gi}/CV_e) foram superiores a 1 para as características percentual de vermelho na epiderme e diâmetro à altura do peito, indicando alta eficiência seletiva para esses caracteres. Os coeficientes de repetibilidade variaram de 0,37 a 0,76 para as características biométricas de frutos obtidas a partir de medidas repetidas. Os coeficientes de determinação obtidos da avaliação de seis frutos por planta foram superiores a 0,78. A avaliação de seis frutos por planta proporcionou coeficiente de determinação acima de 80% para o valor fenotípico permanente dos genótipos para as variáveis comprimento, diâmetro, relação comprimento/diâmetro, percentual de vermelho na epiderme e proeminência da região apical do fruto.

Palavras-chave: *Prunus persica*, melhoramento, modelos mistos, parâmetros genéticos.

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS AND REPEATABILITY IN PEACHS S₂ IN VIÇOSA-MG

ABSTRACT

The objective of this study was to estimate genetic parameters and repeatability coefficient in S₂ peach population by mixed model methodology, especially indicated for unbalanced data, commonly observed in perennials. Four hundred and thirty-four individuals belonging to 55 families in five populations of generation S₂ were assessed at two years of age in Viçosa-MG. The spacing adopted was 3.00 x 1.20 m. The plants were trained according the central leader system. The usual recommended management was applied to the culture, with supplemental irrigation and chemical dormancy breaking (hydrogen cyanamide plus mineral oil). Fruit thinning was

not adopted. The variables analyzed were stem diameter at 10 cm of the level of the soil, trunk diameter at breast height (1.30 m), plant height, rates of sprouting and blind nodes in proleptic branches, production, and harvest date. Biometric fruit traits were evaluated (from up to six fruits per plant): mass, diameter, length, length/diameter ratio, percentage of red in the epidermis, prominence of the apex, prominence of the suture line, total soluble solids content, titratable acidity and soluble solids/acidity ratio. The data were submitted to analysis REML/BLUP using the program SELEGEN. The traits obtained from individual data of each fruit (fruit diameter, fruit length, length/fruit diameter, percentage of red in the epidermis, prominence of the fruit apex and prominence of the suture region) were used to calculate the repeatability coefficient (ρ) and coefficients of determination (R^2). The necessary fruit number (η) needed to obtain different levels of precision ($R^2 = 0.80, 0.90, \text{ and } 0.95$) was predicted. The estimates of individual narrow-sense heritability ranged from 0.13 to prominence at the fruit apex to 0.58, for diameter at breast height. The coefficients of additive genetic variation individually exceed 10% for most of the evaluated traits, sufficient to practice effective selection. The relative coefficients of variation (CV_{gi}/CV_e) were greater than 1 for percentage of red in the epidermis and diameter at breast height, indicating high selection efficiency for these characters. The repeatability coefficients ranged from 0.37 to 0.76 for the biometric characteristics of fruits obtained from repeated measurements. The correlation coefficients obtained from the evaluation of six fruits per plant were higher than 0.78. The evaluation of six fruits per plant presented a determination coefficient above 80% for the permanent phenotype value of genotypes for the variables length, diameter, length/diameter ratio, percentage of red in the epidermis, and prominence of fruit apex.

Keywords: *Prunus persica*, breeding, mixed models, genetic parameters.

3.1. INTRODUÇÃO

O cultivo de pessegueiros em regiões de clima ameno, seja subtropical ou tropical de altitude, apresenta vantagens comerciais em relação à produção de regiões temperadas. O principal benefício é a extensão do período de safra, com antecipação da produção em relação às áreas mais frias. Isso é possível graças à utilização de genótipos de baixa necessidade de frio e com ciclo de desenvolvimento do fruto curto. A associação desses fatores com o baixo risco de geadas e ocorrência de temperaturas mais elevadas durante o inverno e início da primavera viabiliza a produção precoce de frutos em regiões de inverno ameno. Outra vantagem é a possibilidade de suprimento da demanda local por pêssegos, reduzindo custos de transporte (TOPP; SHERMAN, 2000).

O pessegueiro apresenta frutificação em ramos de um ano de idade. Os ramos produtivos são caracterizados por possuírem entrenós curtos e presença de gemas floríferas e vegetativas em cada nó. É comum a presença de uma gema vegetativa central e duas floríferas laterais no mesmo nó, embora outras combinações possam ser observadas (RASEIRA; MOORE, 1987). Embora seja esperada a formação de ao menos uma gema por nó (vegetativa, floríferas ou ambas), podem ocorrer casos de nós em que nenhuma gema seja observada após o período de diferenciação floral. Um nó que não possua gema vegetativa ou florífera é definido como nó cego, do termo em inglês 'blind node'.

Para que a gema seja formada, após a iniciação para a formação do meristema da gema axilar ocorre, em seguida, rápido desenvolvimento envolvendo a expansão e diferenciação desse meristema, bem como a organização das células para os tecidos mais especializados. Já para os casos de ocorrência de nós cegos o meristema é iniciado, mas não se desenvolve, e a gema não é formada (BOONPRAKOB; BYRNE; MUELLER, 1996). Um nó cego em pessegueiro anatomicamente pode ser descrito como um nó que não contém nenhuma gema na sua axila foliar, embora os vestígios procambiais da gema abortada ainda existam (BOONPRAKOB; BYRNE; MUELLER, 1996).

A viabilidade do cultivo de pessegueiros em regiões de inverno ameno ocorre pelo emprego de cultivares com baixa necessidade de frio. Em consequência disso, o melhoramento de pessegueiro para essas regiões tem como principal objetivo a obtenção de genótipos de baixa necessidade de frio, compatível com o clima local, ou conjunto de locais com clima semelhante, que possibilite adequado crescimento da planta e produção satisfatória (TOPP; SHERMAN, 2000).

O método de melhoramento comumente usado na cultura do pessegueiro é o da hibridação seguida por condução de populações segregantes pelo método genealógico, das quais indivíduos superiores em relação a determinados caracteres serão selecionados. Para a obtenção de genótipos para regiões de inverno ameno ao menos um dos genitores utilizados deve apresentar baixa necessidade de frio (RASEIRA; NAKASU, 2002). Cultivares, seleções, genótipos silvestres de regiões de baixa disponibilidade de frio ou genótipos de espécies próximas podem ser utilizados como genitores para a obtenção de populações segregantes (TOPP; SHERMAN, 2000).

A seleção deve ser realizada a partir da comparação dos valores genéticos dos indivíduos. Esses valores não podem ser obtidos diretamente do fenótipo do indivíduo, mas podem ser estimados através de procedimentos genético-estatísticos adequados.

O procedimento de predição de valores genéticos depende do conhecimento do controle genético dos caracteres sob seleção, especialmente dos parâmetros herdabilidade e repetibilidade individuais. Além do uso na predição de valores genéticos, o principal uso das estimativas de parâmetros genéticos é auxiliar no planejamento de eficientes estratégias de melhoramento (RESENDE et al., 2001).

A herdabilidade quantifica a proporção aditiva da variância genética (herdabilidade no sentido restrito) ou proporção genotípica (herdabilidade no sentido amplo) da variabilidade fenotípica total. O coeficiente de repetibilidade expressa a proporção das variâncias proporcionadas pelo genótipo e pelas alterações permanentes de ambiente em relação à variabilidade fenotípica, sendo, portanto, o máximo valor que a herdabilidade

no sentido amplo pode atingir (FALCONER, 1996, CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O coeficiente de repetibilidade pode ser usado para comprovar o desempenho fenotípico permanente do indivíduo como um todo através da avaliação de estruturas ou partes integrantes desse indivíduo, sendo possível, através dele, determinar quantas observações fenotípicas devem ser feitas em cada indivíduo para que a discriminação fenotípica entre os genótipos seja feita com eficiência e um mínimo de custo e mão de obra (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O pessegueiro é uma planta autógama perene. Como planta autógama, os cultivares antigos, propagados por semente, podem ser caracterizadas como linhas puras. Cultivares atuais são via de regra híbridos selecionados e propagados vegetativamente. Portanto, a obtenção de linhas puras a partir dos genótipos heterozigotos (híbridos) representa um processo muito demorado. Na produção de linhas puras, 6 a 7 ciclos de autofecundação são necessários e, como o tempo gasto por geração é de 4 a 6 anos, um total de aproximadamente 40 anos seriam demandados (MONET; GUYE; ROY, 1996). Por se tratar de planta de propagação vegetativa, usualmente indivíduos de primeira geração podem ser selecionados e lançados como cultivares. Normalmente são levados à geração F_2 apenas aqueles cruzamentos em que se busca melhorar caracteres de efeitos aditivos, como maior tamanho de frutos, resistência a doenças ou para a manifestação de características recessivas (RASEIRA; NAKASU, 2002).

Embora a obtenção de linhas puras seja praticamente inviável, pelo tempo demandado ser extremamente longo, a aplicação de alguns ciclos de autofecundação pode ser um bom passo para melhorar características governadas por genes de ação aditiva e para obtenção de possíveis genitores para cruzamentos, uma vez que possibilita a eliminação de grande parte das características indesejáveis (MONET; GUYE; ROY, 1996).

Espécies perenes como o pessegueiro apresentam peculiaridades que influenciam no melhoramento genético. A redução da taxa de sobrevivência nos experimentos ao longo dos anos, gerando dados desbalanceados para a estimação de parâmetros genéticos e predição de

valores genéticos e genotípicos, é uma característica recorrente no melhoramento de plantas perenes (RESENDE et al., 2001). Esse fato demanda a utilização de ferramentas adequadas para a avaliação genética dos genótipos. O procedimento REML/BLUP é uma ferramenta adequada para a estimação de componentes de variância e predição dos valores genéticos em plantas perenes, sendo, REML (Máxima Verossimilhança Restrita) para a estimação componentes de variância e BLUP (Melhor Preditor Linear não Viciado) para a predição dos valores genéticos dos indivíduos pela utilização de todas as informações genéticas e não-genéticas disponíveis em um conjunto de dados (RESENDE, 2002).

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e coeficiente de repetibilidade em populações S_2 de pessegueiros por meio da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), indicada especialmente para dados desbalanceados comumente observados em plantas perenes.

3.2. MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização deste trabalho, quatrocentos e trinta e quatro indivíduos de cinquenta e cinco famílias de pessegueiro da geração F_3 (S_2) pertencentes a cinco populações, foram avaliadas aos dois anos de idade no município de Viçosa-MG (Tabela 1).

Tabela 1. Relação das populações e famílias S₂ de pessegueiro, genealogia e número de indivíduos avaliados (N. plantas) para características da planta (CPL) e biometria de frutos (BF) em Viçosa-MG

POPULAÇÃO	F3	N. plantas		S ₁ ¹	S ₀	PROGENITORES
		CPL	BF			
1	0608*	3	3	5603.39*	1088.10*	Biuti x Maravilha
	5808	9	5	2303.21	1088.03	
	6108	11	10	5603.34	1088.10	
	6208	10	10	2303.20	1088.03	
	6808	9	9	5603.24	1088.10	
2	1208	5	2	9503.11	0988.09	Biuti x Premier
	2408	10	10	9503.26	0988.09	
	4308	10	3	9503.26	0988.09	
3	0208	10	2	4303.64	0888.13	Campinas 1 x Premier
	0408	5	4	6603.09	0888.26	
	2208	3	1	4303.69	0888.13	
	2508	6	5	4303.01	0888.13	
	2608	9	5	4303.71	0888.13	
	3908	10	5	4303.26	0888.13	
	5108	9	10	4303.33	0888.13	
	5608	6	6	4503.01	0888.15	
	5708	5	4	4303.38	0888.13	
	6308	9	9	4303.70	0888.13	
	6408	8	6	6603.01	0888.26	
	6508	8	4	5303.38	0888.01	
	7008	9	9	4303.51	0888.13	
	7108	5	4	4303.02	0888.13	
7508	3	2	4303.15	0888.13		
7908	4	2	5303.29	0888.01		
4	0708	10	6	0603.01	0388.11	Real x Colibri
	0908	4	2	7203.05	0388.01	
	1108	10	7	7203.29	0388.02	
	1408	10	8	0403.26	0388.15	
	1508	7	7	0403.04	0388.15	
	3008	7	7	0403.33	0388.15	
	3408	8	8	9703.24	0388.18	
	3508	9	7	8003.10	0388.06	
	3708	11	11	4203.09	0388.26	
	3808	10	7	0403.21	0388.15	
	4008	9	9	7203.17	0388.02	
	4108	10	10	0403.36	0388.15	
	4208	5	5	3503.10	0388.21	
	4408	8	5	7203.16	0388.02	
4508	10	8	9703.01	0388.18		
4608	8	8	4203.11	0388.26		

(Cont. Tabela 1)

	4808	10	7	8003.12	0388.06	
	4908	10	8	7203.14	0388.02	
	6608	9	8	0403.19	0388.15	
	6708	10	6	7103.03	0388.05	
	6908	10	5	3503.08	0388.21	
<hr/>						
	1808	8	6	2703.52	0886.256	
	1908	10	6	2703.123	0886.256	
	2008	3	3	1603.51	0886.283	
	2708	7	1	5403.167	0886.212	
5	3208	8	3	5403.41	0886.212	Real x Premier
	3608	5	2	5403.119	0886.212	
	5008	10	7	5403.31	0886.212	
	7708	6	5	2703.17	0886.256	
	7808	4	4	803.44	0886.114	
<hr/>						
6	7308	12	0	3303.22	1289.03	Biuti x Rubro-sol
<hr/>						
	TOTAL	434	316			

¹genótipos avaliados por Matias et al. (2011) para caracteres biométricos de frutos; *códigos de identificação: primeiros dois dígitos identificam o cruzamento ou autofecundação, os dois dígitos seguintes representam o ano do cruzamento ou autofecundação e os dígitos após o ponto (quando houver) indicam o número da planta.

As cinquenta e cinco famílias foram obtidas a partir de genótipos S₁ avaliados por Matias et al. (2011) quanto a características biométricas de frutos. Os autores avaliaram 60 genótipos previamente selecionados para taxa de brotação (SILVA, 2008). Nessa etapa o autor avaliou 2090 genótipos e, 84 famílias e 22 populações, sendo realizada seleção entre famílias de 20%, o que correspondeu à seleção de dezessete famílias em cinco populações distintas, totalizando 512 indivíduos. Na safra 2008/2009 foram avaliados os frutos dos genótipos selecionados para brotação que proporcionaram a oportunidade de coleta de 10 ou mais frutos por planta, resultando em um total de 60 indivíduos avaliados (MATIAS et al., 2011). Todas as dezessete famílias selecionadas para taxa de brotação por Silva (2008) foram representadas por ao menos uma planta avaliada para caracteres biométricos de frutos por Matias et al., (2011).

Após a avaliação de frutos realizada por Matias et al., (2011), as sementes foram extraídas do endocarpo e estratificadas em geladeira até o início da germinação e então plantadas em recipientes contendo como substrato mistura de solo e areia, onde desenvolveram até o momento do transplante. As mudas foram levadas ao campo em Junho de 2010,

plantadas em linhas espaçadas em três metros e com distância entre plantas de 1,20 metros. As famílias foram dispostas aleatoriamente nas linhas de plantio. Não foi utilizado delineamento experimental, mas foi realizado registro de genealogia de cada família. Foram realizadas as práticas normalmente recomendadas para o cultivo de pessegueiros em regiões subtropicais, como adubações parceladas, podas verdes e de frutificação, aplicação de produtos para a quebra de dormência (Dormex a 0,8% + óleo mineral a 1%), controle de pragas e doenças e irrigação suplementar do tipo localizada. Não foi realizado raleio de frutos. Neste trabalho foram avaliadas características da planta e biometria de frutos.

As características avaliadas na planta foram: diâmetro do tronco a 10 centímetros do nível do solo, diâmetro do tronco à altura do peito (1,30 m), altura da planta, taxa de brotação em ramos mistos, taxa de nós cegos em ramos mistos, produção e época de colheita. As variáveis referentes aos diâmetros do tronco, taxa de brotação em ramos mistos, taxa de nós cegos em ramos mistos e produção foram obtidas a partir da avaliação de 434 genótipos. Já para a variável época de colheita foram avaliados 316 genótipos (Tabela 1).

As medições dos diâmetros de tronco foram feitas com paquímetro digital e os resultados expressos em milímetros (mm). A altura da planta correspondeu à medida de comprimento da planta, desde o nível do solo à extremidade do ramo central, sendo avaliada com utilização de régua graduada. Os resultados foram expressos em metros (m). A taxa de brotação e a taxa de nós cegos foram obtidas em três ramos mistos, um em cada posição da planta (terço superior, médio e inferior). A taxa de brotação foi obtida da relação entre o número de brotações em relação ao total de gemas vegetativas e brotações. A taxa de nós cegos foi obtida pela relação do número de nós que não desenvolveram gemas (vegetativas ou floríferas) e o total de nós do ramo. Os resultados foram expressos em porcentagem (%). A produção (número de frutos produzidos) foi obtida da contagem do número de frutos em cada planta anteriormente ao período de início da colheita (frutos verdes grandes). A variável época de colheita foi obtida do número de dias da data de coleta de frutos maduros de cada genótipo em relação à data de colheita do primeiro genótipo.

Para a avaliação da biometria de frutos, uma amostra de seis frutos foi obtida de cada planta. Em alguns poucos genótipos foram coletados de três a cinco frutos. Nem todos os genótipos produziram frutos e, mesmo aqueles que produziram, mas em quantidade muito pequena, não foi possível fazer a coleta. Dos 434 genótipos avaliados para características medidas na árvore 316 foram avaliados para caracteres biométricos dos frutos. A partir do início do amadurecimento dos primeiros frutos, entre os genótipos mais precoces, a coleta foi realizada duas vezes por semana até o término de coleta de amostra de frutos de todos os genótipos possíveis. Os frutos foram coletados no ponto de maturação com base na alteração da coloração de fundo da epiderme característica, de acordo com a coloração da polpa (CANTILLANO; SACHS, 1984).

As características biométricas avaliadas em frutos foram: massa, diâmetro médio, comprimento, relação comprimento/diâmetro, percentual de vermelho na epiderme, proeminência do ápice, proeminência da linha de sutura, teor de sólidos solúveis totais, acidez total titulável e relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável.

A massa de frutos foi obtida pela divisão da massa total dos frutos coletados por genótipo pelo número de frutos coletados. O diâmetro médio de frutos foi obtido através da média dos comprimentos sutural (distância máxima na região mediana da linha de sutura ao extremo oposto) e equatorial (região mediana perpendicular à linha de sutura). O comprimento do fruto foi obtido pela medida de distância entre a base e o ápice do fruto. As medidas de comprimento foram obtidas por uso de paquímetro digital e os resultados expressos em milímetros (mm). O percentual de vermelho na epiderme foi expresso como o percentual de recobrimento da epiderme com qualquer tonalidade de pigmentação vermelha, obtida visualmente, com valores variando de 0 a 100. A proeminência do ápice do fruto representa o tamanho do “bico” do fruto sendo avaliada em escala de notas de 0 - 3, onde: (0) reentrante; (1) ausente; (2) pequena e (3) pronunciada (DALL'ORTO et al., 1994). A proeminência da região sutural representa o crescimento da região de sutura do fruto sendo avaliada por escala de notas de 1 - 3, sendo: (1) pequena; (2) média e (3) pronunciada.

O teor de sólidos solúveis totais foi obtido a partir de pequena alíquota de suco com a utilização de refratômetro digital. Os resultados foram expressos em °Brix. A acidez titulável foi determinada pela titulação de 5 gramas de polpa homogeneizada em 100 mL de água destilada com NaOH 0,05 N, utilizando a fenolftaleína como indicador (AOAC, 1990). Os resultados foram expressos como gramas de ácido málico/100g de peso fresco.

As variáveis teor de sólidos solúveis, acidez titulável e relação sólidos solúveis/acidez titulável foram obtidas da média de 3 replicatas, a partir de amostra composta de todos os frutos coletados para cada planta.

As variáveis diâmetro médio do fruto, comprimento do fruto, relação comprimento/diâmetro do fruto, percentual de vermelho na epiderme, proeminência do ápice do fruto e proeminência da região de sutura foram obtidas a partir de medição em frutos individuais.

Os dados obtidos a partir de uma observação por planta foram submetidos à análise REML/BLUP e o modelo linear misto utilizado foi $y = Xu + Za + Wp + e$, em que:

y é o vetor de dados, u é o escalar referente ao efeito da média geral (efeito fixo), a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais dentro de populações (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de populações (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). X , Z e W representam as matrizes de incidência para os efeitos u , a e p , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias

$$y|u, V \sim N(Xu, V)$$

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A \sigma_a^2)$$

$$p|\sigma_p^2 \sim N(0, I \sigma_p^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$$

$$Cov(a, p') = 0; \quad Cov(a, e') = 0; \quad Cov(p, e') = 0$$

ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xu \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WP & R \\ GZ' & G & 0 & 0 \\ PW' & 0 & P & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$G = A \sigma_a^2$$

$$P = I \sigma_p^2$$

$$C = I \sigma_e^2$$

$$V = ZA \sigma_a^2 Z' + WI \sigma_p^2 W' + I \sigma_e^2 = ZGZ' + WPW' + R.$$

Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{u} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2-p^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1-h^2-p^2}{p^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito.}$$

$p^2 = \sigma_p^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2)$: coeficiente de determinação dos efeitos genotípicos de população.

σ_a^2 : variância genética aditiva dentro de populações.

σ_p^2 : variância genotípica entre populações.

σ_e^2 : variância residual.

A : matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{u}' X'y - \hat{a}' Z'y - \hat{p}' W'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} (A^{-1} C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = [\hat{p}' p + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}] / s, \text{ em que:}$$

C^{22} e C^{33} advêm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

C : matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

tr : operador traço matricial.

$r(x)$: posto da matriz X .

N, q, s : número total de dados, número de indivíduos e número de parcelas, respectivamente.

Os dados de biometria de frutos obtidos a partir de medidas repetidas foram submetidos à análise REML/BLUP e o modelo linear misto utilizado foi $y = Xu + Za + Wp + Ti + Qr + e$, em que:

y é o vetor de dados, u é o escalar referente ao efeito da média geral (efeito fixo), a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de populações (assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação famílias x medições (aleatórios), r é o vetor dos efeitos permanentes de indivíduo (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). X, Z, W, T e Q representam as matrizes de incidência para os efeitos u, a, p, i e r , respectivamente. Os estimadores e preditores são obtidos por expansão das equações acima, por meio da inclusão dos efeitos i e r .

As análises foram realizadas pela metodologia REML/BLUP utilizando o Software SELEGEN - Seleção Genética Computadorizada (RESENDE, 2007).

Uma vez obtidas as estimativas de componentes de variâncias para os caracteres dos quais dados individuais de cada fruto foram coletados (diâmetro médio do fruto, comprimento do fruto, relação comprimento/diâmetro do fruto, percentual de vermelho na epiderme, proeminência do ápice do fruto e proeminência da região de sutura), realizou-se o cálculo dos coeficientes de repetibilidade (ρ) para cada variável, através da fórmula:

$$\rho = \frac{V_a + V_r + V_p}{V_f} \text{ , onde:}$$

V_a : variância genética aditiva;
 V_r : variância permanente individual;
 V_p : variância genética entre populações;
 V_f : variância fenotípica individual.

Os coeficientes de determinação (R^2) foram calculados para cada característica com base nos coeficientes de repetibilidade obtidos para cada variável e, considerando o número de frutos utilizados na avaliação ($n=6$). A seguinte fórmula foi utilizada:

$$R^2 = \frac{\eta\rho}{1 + \rho(\eta - 1)}$$

Foram preditos os números de frutos (η); (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), necessários para a obtenção de diferentes níveis de precisão ($R^2= 0,80$; $0,90$ e $0,95$) por meio da expressão:

$$\eta = \frac{R^2 \times (1 - \rho)}{(1 - R^2) \times \rho}$$

3.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos parâmetros genéticos para as variáveis da planta e época de colheita são apresentados na Tabela 2. Observa-se, através dos coeficientes de variação genética, que existe variabilidade genética entre as famílias avaliadas. Os valores estimados para este parâmetro são consideravelmente maiores para as variáveis número de frutos produzidos (53,82%), nós cegos (30,77%) e época de colheita (24,48%). A variável altura de plantas apresentou menor variação genética entre as características avaliadas (8,93%).

Os coeficientes de variação residuais foram altos e superiores à estimativa dos respectivos coeficientes de variação genética para os caracteres número de frutos por planta e a taxa de nós cegos, levando à

obtenção dos menores coeficientes de variação relativa (0,58 e 0,67, respectivamente). O maior coeficiente de variação relativa foi obtido para a variável diâmetro à altura do peito (1,22), indicando que ganhos consideráveis poderão ser obtidos para esta variável, mesmo com métodos mais simples de seleção.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres diâmetro tronco a 10 cm (D10), diâmetro do tronco à altura do peito (DAP), altura de planta (ALT), taxa de brotação em ramos mistos (BROT), taxa de nós cegos em ramos mistos (N_0), número de frutos (NF) e época de colheita em pessegueiros da geração S_2 com dois anos de idade cultivados em Viçosa, Minas Gerais

Estimativas	D10	DAP	ALT	BROT	N_0	NF	EC
V_g	77,6669	96,4860	0,0822	58,6934	43,0530	306,2071	51,6538
V_{pop}	9,5430	5,2393	0,0036	18,8987	2,7365	61,4644	19,1736
V_e	78,8897	65,2721	0,1103	112,1861	96,7256	923,5110	97,4350
V_f	166,0996	166,9973	0,1961	189,7782	142,5151	1291,1825	168,2624
h^2_a	0,47	0,58	0,42	0,31	0,30	0,24	0,31
C_{pop}	0,06	0,03	0,02	0,10	0,02	0,05	0,11
h^2_{ad}	0,16	0,25	0,12	0,09	0,07	0,06	0,09
CV_{gi} (%)	13,50	21,18	8,93	18,86	30,77	53,82	24,48
CV_e (%)	13,60	17,42	10,34	26,08	46,12	93,47	33,63
CV_r	0,99	1,22	0,86	0,72	0,67	0,58	0,73
Média Geral	65,29	46,38	3,21	40,61	21,33	32,51	29,36

V_g : variância genética entre famílias; V_{pop} : variância genética entre populações; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; C_{pop} : coeficiente de determinação dos efeitos genéticos de populações; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de famílias; CV_{gi} : coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_e : coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa (CV_g/CV_e).

As herdabilidades individuais (sentido restrito) variaram de 0,24, para o número de frutos por planta, a 0,58, para diâmetro do tronco à altura do peito. Comparando as herdabilidades obtidas para as duas medidas de diâmetro do tronco nota-se que maior estimativa para esse parâmetro foi obtida para diâmetro à altura do peito (0,58) em relação a diâmetro a 10 cm do nível do solo (0,47). A herdabilidade no sentido restrito mede a proporção da variância fenotípica devida aos efeitos aditivos dos genes. Deste modo, a medição do diâmetro na maior altura do tronco foi mais eficaz em quantificar a variância aditiva compondo a variância fenotípica e maiores ganhos podem

ser obtidos pela medição de diâmetro à altura do peito ao invés de diâmetro a 10 cm do nível do solo.

As famílias avaliadas neste trabalho são progênies obtidas de genótipos em famílias selecionadas quanto à taxa de brotação em populações S_1 (capítulo 1), onde a herdabilidade no sentido restrito estimada foi de 0,106 (ignorando a fração de $\frac{1}{4}$ da variância genética de dominância), o coeficiente de variação genética foi de 14,83%, o coeficiente de variação residual foi de 41,91% resultando em coeficiente de variação relativa de 0,36.

Nas populações deste trabalho, em comparação com a população do capítulo 1, observa-se aumento na variação genética (CVg) e na estimativa da herdabilidade, para a taxa de brotação em ramos mistos (Tabela 2). O coeficiente de variação genética foi de 18,86% e a herdabilidade de 0,31.

Observa-se redução da variação residual, indicando melhor controle experimental. A irrigação é a principal diferença em termos de manejo entre os dois ambientes. A utilização da irrigação possibilita o fornecimento adequado de água a partir do início da brotação e crescimento de frutos. Esta fase é considerada de grande demanda hídrica por parte das plantas e, pelo fato de na região sudeste, ocorrer em época de seca (principalmente nos meses de julho e agosto) o uso da irrigação torna-se indispensável. Além do mais, o crescimento inicial de ramos e frutos gera grande demanda por nutrientes e o uso da irrigação permite, também, a aplicação eficiente da adubação.

Embora a variância aditiva tenha aumentado, houve pequena redução percentual na média geral do experimento para a taxa de brotação em ramos mistos. Enquanto a média geral nas populações S_1 foi de 44,99%, neste experimento (S_2) a média geral obtida para a característica foi de 40,61% de brotação. Pode, também, ter ocorrido pequena depressão por endogamia confundida com o efeito de local.

As famílias avaliadas neste trabalho foram selecionadas em populações S_1 com base em seus valores fenotípicos. A partir dos dados obtidos no capítulo 1 foi obtida a porcentagem de brotação média para as famílias e indivíduos S_1 selecionados que deram origem às famílias deste trabalho. A média das famílias, por meio de seus valores genéticos aditivos

preditos (via REML/BLUP) foi de 53,14% de brotação (ganho de 18%). Já a média dos 55 indivíduos S_1 que deram origem às famílias deste trabalho, por meio de seus valores genéticos aditivos preditos resultou em nova média dos selecionados de 54,55% de brotação (ganho de 21%).

Araponga, onde foram cultivados os genótipos S_1 , apresenta temperaturas médias inferiores a Viçosa. Embora sejam municípios próximos (cerca de 60 Km), Araponga tem altitude mais elevada, superior em cerca de 200 m em relação à Viçosa.

Ao subir na troposfera ocorre redução da temperatura do ar. O gradiente vertical médio de redução de temperaturas (ar estacionário) é de 0,6 °C a cada 100 m de altitude (MENDONÇA; DANNI-OLIVEIRA, 2007). No entanto, outros fatores influenciam nas variações de temperatura dos ambientes além da altitude, principalmente a umidade relativa. A comparação de dados de temperaturas médias diárias entre Araponga e Viçosa por um período de alguns meses permitiu estimar uma redução de aproximadamente 1 °C da fazenda experimental de Araponga em relação à Viçosa.

Sendo a temperatura o principal fator relacionado à brotação e florescimento do pessegueiro, o aumento da temperatura entre os dois ambientes desempenha papel importante na redução da taxa de brotação nas populações S_2 . Observa-se, ainda, que nas populações S_2 as plantas foram mais vigorosas, como pode ser observado pelas estimativas de diâmetro e altura em plantas com aproximadamente a mesma idade das avaliadas em S_1 . A média geral para diâmetro a 10 cm do nível do solo e para altura de planta na S_1 foi de 3,46 cm e 2,21 m, respectivamente, enquanto para S_2 as médias obtidas foram 6,53 cm e 3,21 m.

Embora não tenha sido feita seleção visando ganhos genéticos para a variável vigor de plantas (diâmetro e altura) pode ser que indivíduos mais vigorosos tenham sido selecionados via resposta correlacionada ou ganho indireto, uma vez que só foram selecionados dentro das melhores famílias, supostamente, os indivíduos mais produtivos, que podiam apresentar maior volume de copa, e assim maiores valores para diâmetro do tronco e altura.

O número de frutos colhidos ao segundo ano após o transplante foi muito variável entre os genótipos (Tabela 2), com média de 32,51 frutos por

planta. Algumas plantas não produziram frutos, o que era esperado, por se tratar de ser o primeiro ano de produção.

Em diversas plantas frutíferas perenes o período juvenil é extremamente longo, durando vários anos. No caso do pessegueiro esse período não é tão extenso. Vários autores demonstram ser possível a avaliação da qualidade de frutos a partir dos três anos após a emergência da plântula quando o plantio é realizado diretamente no campo (HANSHE, 1990; SOUZA; BYRNE; TAYLOR, 1998, 2000; WAGNER JÚNIOR et al., 2011). Se contabilizado o tempo de permanência da muda em recipientes no viveiro (um ano e meio) constata-se que os genótipos deste trabalho foram avaliados com mais de três anos desde a germinação das sementes.

A seleção de genótipos com período juvenil mais curto também é vantajosa para os programas de melhoramento por reduzir o tempo necessário para avaliação e seleção por geração, aumentando a eficiência do programa de melhoramento (BRUCKNER; WAGNER JÚNIOR, 2008).

A época de colheita dos genótipos avaliados variou entre 1º de novembro a 28 de dezembro (aproximadamente dois meses de intervalo). Esses genótipos poderiam ser classificados como de maturação mediana a tardia de acordo com Barbosa et al. (1990). Vale ressaltar que, em vista de serem plantas novas, em saída do período juvenil, a época de colheita pode se alterar nas próximas safras.

Época de floração e período de desenvolvimento do fruto, desde a fertilização ao ponto de maturação são os fatores que influem na época de colheita dos frutos.

Devido às alterações hormonais que conduzem à saída do período juvenil, alteração na data de florescimento deve ser a principal causa de alteração da época de colheita em detrimento do período de desenvolvimento dos frutos. Genótipos (seleções e cultivares) cultivados na mesma área em que se executou este trabalho, propagados vegetativamente, florescem em torno de 15 a 20 dias antes da maioria dos indivíduos das famílias avaliadas. Desta forma, é esperado que os genótipos sejam mais precoces do que o observado.

Na região sudeste, por apresentar maiores temperaturas durante o inverno, e menor risco de geadas durante o período de floração e

crescimento dos frutos, é vantajosa a seleção de genótipos adaptados que apresentem florescimento precoce e curto período de desenvolvimento dos frutos, resultando em maturação e colheita mais precoce possível. Segundo Barbosa et al. (1990), genótipos, classificados como ultraprecoces, podem ser colhidos na região sudeste a partir do mês de agosto.

O percentual de nós cegos nos ramos mistos foi de 21,33%. Richards et al. (1994), avaliando genótipos (cultivares e seleções) de baixa necessidade de frio na Flórida (EUA), observaram grande variabilidade nos genótipos, com variação de 10 a 85%, para a característica taxa de nós cegos.

A época crítica para o desenvolvimento de nós cegos ocorre durante a fase inicial de iniciação e formação das gemas durante os meses de verão (RASEIRA; MOORE, 1987) e não durante as fases posteriores de desenvolvimento (dormência, florescimento e brotação). Difere, portanto, do abortamento de gemas que ocorre no período de saída de dormência, embora ambos os casos impactem na produção da planta. Altas temperaturas durante o período de iniciação e desenvolvimento das gemas estão associadas a uma maior frequência de nós cegos (BOONPRAKOB; BYRNE; MUELLER, 1996).

Existe considerável variabilidade quanto à propensão para a formação de nós cegos em pessegueiro possibilitando a seleção de genótipos no sentido de reduzir a ocorrência do fenômeno (BOONPRAKOB; BYRNE; ROUSE, 1994; RICHARDS et al., 1994). Fatores de ambiente (que se alteram em função de anos, locais e época de crescimento dos ramos) também influem na taxa de ocorrência de nós cegos (BOONPRAKOB; BYRNE; MUELLER, 1996; WERT et al., 2007).

A ocorrência de nós cegos se dá principalmente em genótipos cultivados em climas tropicais e subtropicais (BOONPRAKOB; BYRNE, 1990; WERT, et al., 2007), podendo atingir níveis superiores a 50% do total de nós (BOONPRAKOB; BYRNE; ROUSE, 1994; RICHARDS et al., 1994). Moderada formação de nós cegos não compromete a produção de pessegueiros, uma vez que os genótipos, em geral produzem excessivo número de flores. Em cultivares comerciais são requeridos menos de 10% das gemas floríferas para garantir adequada produção - desde que cada

uma dessas gemas formem um fruto - (BOONPRAKOB; BYRNE; MUELLER, 1996). Desta forma, mesmo com elevada ocorrência de nós cegos a produção econômica pode ser alcançada. No entanto, em áreas com condições desfavoráveis à adequada frutificação efetiva, a ocorrência de excessivo número de nós cegos pode ser um agravante. Em regiões de inverno ameno os principais fatores que contribuem para a baixa frutificação efetiva são a insuficiência de frio hibernal e problemas relativos à fertilidade, por exemplo, a inviabilidade do pólen e má formação floral. Em áreas com alto risco de geadas tardias, os cultivares com poucas gemas floríferas tem grande risco de apresentar danos significativos causados pelo congelamento, comprometendo a produção.

A formação de nós cegos pode limitar a formação de gemas vegetativas, impactando os processos de condução e podas em árvores jovens e, também, reduzindo a qualidade e quantidade do material vegetativo para a propagação vegetativa.

Na Tabela 3 são apresentadas as estimativas dos parâmetros genéticos dos caracteres biométricos de frutos nos genótipos avaliados. Observa-se variabilidade genética para a maioria das características avaliadas, principalmente para o percentual de vermelho na epiderme, acidez titulável e relação teor de sólidos solúveis/acidez, conforme pode ser observado pelos altos valores de coeficientes de variação genética obtidos. Os menores coeficientes de variação genética foram obtidos para as variáveis relação diâmetro/comprimento (2,98), diâmetro médio de frutos (5,21) e comprimento do fruto (5,61).

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos para biometria de frutos: massa média de fruto (MMF), diâmetro médio de fruto (DMF), comprimento do fruto (CF), relação CF/DMF, percentual de vermelho na epiderme (VER), proeminência do ápice do fruto (PD), proeminência da linha de sutura (PS), teor de sólidos solúveis totais (TSS), acidez titulável (AT) e relação TSS/AT em famílias S₂ de pessegueiro cultivados em Viçosa-MG

ESTIMATIVAS	MMF	DMF	CF	CP/DMF	VER	PD	PS	TSS	AT	TSS/AT
V _g	60,5790	5,4803	7,5000	0,0011	56,5908	0,0620	0,0271	0,5807	0,0169	82,8731
V _{pop}	0,1879	0,0067	2,6872	0,0010	7,8199	0,1036	0,0281	0,0021	0,0002	0,4915
V _{perm}	-	5,6539	8,8020	0,0014	35,3155	0,0910	0,0763	-	-	-
V _{int}	-	0,1460	0,1978	0,0000	0,3452	0,0013	0,0035	-	-	-
V _e	92,0964	10,1052	13,7886	0,0038	30,9101	0,2352	0,2204	1,8349	0,0330	150,1558
V _f	152,8634	21,3907	32,9739	0,0073	130,9680	0,4932	0,3555	2,4178	0,0502	233,5204
h ² _a	0,40	0,26	0,23	0,15	0,43	0,13	0,08	0,24	0,34	0,35
h ² _{ad}	0,11	0,06	0,06	0,03	0,14	0,03	0,02	0,05	0,09	0,09
C _{pop}	0,0001	0,000	0,081	0,133	0,060	0,210	0,079	0,001	0,004	0,002
C _{perm}	-	0,26	0,27	0,19	0,27	0,18	0,21	-	-	-
C _{int}	-	0,01	0,01	0,01	0,00	0,00	0,01	-	-	-
ρ	-	0,52	0,58	0,47	0,76	0,52	0,37	-	-	-
rg _{med}	-	0,97	0,97	0,96	0,99	0,98	0,88	-	-	-
CV _{gi} (%)	14,71	5,21	5,61	2,98	123,24	14,94	8,12	7,17	25,93	33,74
CV _e (%)	18,14	7,08	7,61	5,67	91,08	29,11	23,17	12,74	36,21	45,42
CV _r	0,81	0,74	0,74	0,53	1,35	0,51	0,35	0,56	0,72	0,74
Média Geral	52,91	44,93	48,82	1,09	6,10	1,67	2,03	10,63	0,50	26,98

V_g: variância genética entre famílias; V_{pop}: variância genética entre populações; V_{perm}: variância de ambiente permanente; V_{int}: variância da interação genótipo x medição; V_e: variância residual; V_f: variância fenotípica individual; h²_a: herdabilidade individual no sentido restrito; h²_{ad}: herdabilidade aditiva dentro de famílias; C_{pop}: coeficiente de determinação dos efeitos genéticos de populações; C_{perm}: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente; C_{int}: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x medição; ρ: coeficiente de repetibilidade individual; rg_{med}: correlação genética através das medições; CV_{gi}: coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_e: coeficiente de variação residual; CV_r: coeficiente de variação relativa (CV_g/CV_e).

A média de coloração vermelha de recobrimento da epiderme entre os indivíduos avaliados foi de 6,10%. O baixo valor obtido ocorreu devido à existência de grande número de genótipos cujos frutos apresentam epiderme com ausência de qualquer pigmentação vermelha. As melhores famílias para esta característica foram a 1208, 6508 e 6108. Os valores genéticos preditos para o percentual de recobrimento da epiderme com pigmentação vermelha foram relativamente baixos: 1208 (31,70%), 6508 (16,01%) e 6108 (15,91%). Estas famílias pertencem às populações 2, 3 e 1, respectivamente. Dos genitores utilizados para a formação das populações iniciais ($F_1's$) os cultivares Rubro-sol, Maravilha e Premier apresentam maior percentual de cobertura com vermelho na epiderme, com 55, 40 e 45% da área coberta com pigmentação vermelha, respectivamente (ALBUQUERQUE et al., 2000). Nenhum indivíduo descendente de Rubro-sol (população 6) foi avaliado quanto às características biométricas de frutos. A família 1208 é descendente do cultivar Maravilha, justificando o maior percentual de vermelho observada entre as avaliadas.

A média de diâmetros dos frutos observada foi de 44,93 mm. Frutos com diâmetro entre 35 e 45 mm são classificados como de categoria 2 (PBMH & PIF, 2008), considerados pequenos. Frutos de calibres intermediários a grandes (diâmetros superiores a 50 mm) são os preferidos pelo consumidor brasileiro (TREVISAN et al., 2010). Desta forma, os indivíduos selecionados dentro das famílias deverão apresentar diâmetros maiores, conforme a preferência do consumidor.

As frações residuais da variância fenotípica foram maiores que as devido ao efeito de genótipos para todas as variáveis, com exceção do percentual de vermelho na epiderme, conforme pode ser observado pelos coeficientes de variação relativa ($CV_r = CV_g/CV_e$) menores que 1.

Os coeficientes de variação experimental foram altos, porém, Resende e Duarte (2007) relatam a possibilidade de obtenção de altas acurácias seletivas, mesmo com altos coeficientes de variação experimental, desde que os coeficientes de variação genotípica sejam também altos e o número de repetições alto, caso do presente trabalho.

A fração da variância fenotípica devida aos efeitos de população foi maior para as variáveis proeminência do ápice do fruto e relação comprimento/diâmetro do fruto, com coeficientes de determinação de 0,210 e 0,133, respectivamente.

De acordo com os resultados obtidos na Tabela 4, pode-se observar que a avaliação de 6 frutos por planta propiciou a obtenção de coeficientes de repetibilidade de nível intermediário, variando de 0,3700, para a característica proeminência da região sutural do fruto, a 0,7614 para o percentual de vermelho da epiderme. Quanto maior o valor de repetibilidade encontrado, maior é a proporção da variância total que é explicada pelo genótipo e pelas alterações permanentes atribuídas ao ambiente comum.

Tabela 4. Coeficiente de repetibilidade (ρ), coeficiente de determinação (R^2) e número de frutos para a obtenção de diferentes R^2 , para caracteres biométricos de frutos em famílias de pessegueiro cultivadas em Viçosa-MG

Variáveis	ρ	R^{2*}	n		
			$R^2= 0,80$	$R^2= 0,90$	$R^2= 0,95$
Diâmetro médio (DMF)	0,5208	0,87	3,68	8,28	17,48
Comprimento (CF)	0,5758	0,89	2,95	6,63	14,00
Relação CF/DMF	0,4705	0,84	4,50	10,13	21,38
Percentual de vermelho na epiderme	0,7614	0,95	1,25	2,82	5,96
Proeminência da região apical	0,5203	0,87	3,69	8,30	17,52
Proeminência da região sutural	0,3700	0,78	6,81	15,32	32,35

*obtido quando n=6.

Em todas as variáveis, com exceção da proeminência da região sutural do fruto, a avaliação de seis frutos por planta levou à obtenção de coeficientes de determinação acima de 80%, demonstrando que o número de frutos coletados foi eficiente para a predição dos valores reais dos indivíduos avaliados. Para a obtenção deste mesmo coeficiente de determinação para a variável proeminência da região de sutura deveriam ter sido avaliados sete frutos por planta.

O aumento de precisão pode ser alcançado com o aumento do número de frutos avaliados. A avaliação de 16 frutos por planta para se alcançar acima de 90% de determinação do valor real dos indivíduos para todas as características avaliadas.

Albuquerque et al. (2004) estimaram a necessidade de avaliação de no mínimo cinco frutos por planta para a obtenção de coeficiente de determinação igual ou superior a 90% para a variável comprimento de fruto, seis para diâmetro e nove para a relação comprimento/diâmetro do fruto. No presente trabalho, para a obtenção da mesma precisão foi estimada a necessidade de avaliação de sete, oito e dez frutos para as respectivas características. Embora, o coeficiente de repetibilidade dependa das proporções das variâncias e efeito de ambiente permanente sobre a variabilidade total do indivíduo, as estimativas em ambos os casos foram semelhantes.

O aumento de precisão pelo aumento de quantidade de frutos avaliados pode ser impraticável dado o aumento do trabalho necessário para as avaliações. A avaliação de trinta e três frutos permite a obtenção de R^2 superior a 95% para todas as características. No entanto, quando grande número de genótipos forem avaliados em mesma safra/ano, a avaliação deste número de frutos por planta pode ser inviável, sendo limitante principalmente a mão-de-obra, uma vez que uma grande quantidade de frutos podem amadurecer em uma mesma época e os frutos não podem ser estocados por muito tempo, ao menos não sem perda de qualidade. Outra situação que o melhorista se depara quando avalia plantas em populações segregantes, especialmente em situações de alto adensamento, é a pequena quantidade de frutos produzidas por planta. Essa pequena produção é decorrente do pequeno volume de copa resultante do pequeno espaçamento, e da maior competição entre plantas, reduzindo a fixação de frutos por diversos fatores, especialmente pela competição por luz. Outro aspecto importante é a idade das plantas. Nas primeiras produções, o número de frutos geralmente é menor que nas produções subsequentes. Em casos como estes, é preferível avaliar, mesmo pequeno número de frutos, ainda que acarrete em perda de precisão da predição do valor real do indivíduo em detrimento de perder informações de indivíduos.

É importante ressaltar que, em virtude da impossibilidade de coleta de dados em todos os genótipos e para maior precisão na estimação dos parâmetros genéticos, a avaliação em mais anos é recomendada. Os genótipos selecionados devem apresentar baixa necessidade de frio,

preferencialmente com florescimento e colheita precoces e com qualidade de frutos compatíveis com as preferências dos consumidores, sendo as principais: frutos de calibre médio a grande (superiores a 50 mm), sabor doce a doce-ácido e com epiderme com coloração avermelhada (TREVISAN et al., 2010).

Acrescenta-se, ainda, que genitores potenciais poderão ser selecionados para cruzamento e formação de novas populações segregantes, com o objetivo de selecionar indivíduos superiores.

3.4. CONCLUSÕES

Foi observada variabilidade genética para as características da planta e biometria de frutos nas famílias avaliadas.

Os menores coeficientes de variação genética aditiva foram obtidos para as variáveis relativas ao tamanho de fruto e à relação comprimento/diâmetro do fruto.

Coefficientes de variação relativa maiores que 1 foram obtidos para as variáveis diâmetro do tronco à altura do peito e para o percentual de vermelho na epiderme do fruto, indicando alta eficiência seletiva para esses caracteres.

Foram obtidas estimativas de herdabilidades individuais no sentido restrito de baixa a média magnitude para os caracteres avaliados.

A avaliação de seis frutos por planta proporcionou coeficiente de determinação acima de 80% para o valor fenotípico permanente dos genótipos para as variáveis comprimento, diâmetro, relação comprimento/diâmetro, percentual de vermelho na epiderme e proeminência da região apical do fruto.

3.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, A. S.; BRUCKNER, C. H. ; CRUZ, C. D.; SALOMÃO, L. C. C.; NEVES, J. C. L. Repeatability and correlation among peach physical traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n.4, p. 441-445, 2004.

ALBUQUERQUE, A. S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SALOMÃO, L. C. C. Avaliação de cultivares de pêsego e nectarinas em Araponga, Minas Gerais. **Revista Ceres**, v. 47, n. 272, p. 401-410, 2000.

BARBOSA, W.; OJIMA, M.; DALL'ORTO, F. A. C.; MARTINS, F. P. Época de ciclo de maturação de pêsegos e nectarinas no estado de São Paulo. **Bragantia**, v.48, n.2, p. 221-226, 1990.

BOONPRAKOB, U.; BYRNE, D. H. Blind nodes in peach: environmental and genetic parameters. **HortScience**, n.25, p. 1068, 1990.

BOONPRAKOB, U.; BYRNE, D. H.; MUELLER, D. M. J. Anatomical Differences of Axillary Bud Development in Blind Nodes and Normal Nodes in Peach. **Hortscience**, v.31, n.5, p.798-801, 1996.

BOONPRAKOB, U.; BYRNE, D. H.; ROUSE, R. E. A method for blind node evaluation. **Journal of Fruit Variety**, v. 48, p.101-103, 1994.

BRUCKNER, C. H.; WAGNER JÚNIOR, A. Métodos de melhoramento de fruteiras. In: BRUCKNER, C. H. (Ed.). **Fundamentos do melhoramento de fruteiras**. Viçosa: Editora UFV, 2008, p. 69-116.

CANTILLANO, R. F. F.; SACHS, S. Colheita, classificação, embalagem e armazenagem. EMBRAPA/ Centro Nacional de Pesquisa em Fruteiras de Clima Temperado. **A cultura do pessegueiro**. Pelotas: EMBRAPA/CNPFT, 1984. p.113-119.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012. 514p.

DALL'ORTO, F. A. C.; BARBOSA, W.; OJIMA, M.; GRIDI-PAPP, I. L.; CAMARGO, C. E. O.; CHIAVEGATO, E. J.; NAGAI, H.; GODOY, I. J.; FAZUOLI, L. C.; VEIGA, R. F. A. **Descritores mínimos para o registro institucional de cultivares: frutíferas prunóideas**. Instituto agrônomo de Campinas: Instituto agrônomo, 1994. 10p. (Documentos IAC, 43).

HANSHE, P. E. Herdability of spring Bloom and fall leaf abscission dates in *Prunus persica*. **HortScience**, v. 25, n.12, p. 1639-1641, 1990.

MATIAS, R. G. P.; BRUCKNER, C. H.; SANTOS, C. E. M.; DIAS, D. C. F. S.; SILVA, D. F. P.; ASSUNÇÃO, W.; RIBEIRO, M. R. Qualidade de pêssegos provenientes de plantas selecionadas para capacidade de brotação. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, v.1, n.2, p.52-57, 2011.

MENDONÇA, F.; DANNI-OLIVEIRA, I. M. **Climatologia: noções básicas e climas do Brasil**. São Paulo: Oficina de Textos, 2007. p. 57.

MONET, R.; GUYE, A.; ROY, M. Effect of inbreeding and crossing inbreed lines on the weight of peach fruit. **Acta Horticulturae**, v.374, p.77-82, 1996.

PBMH & PIF - PROGRAMA BRASILEIRO PARA A MODERNIZAÇÃO DA HORTICULTURA & PRODUÇÃO INTEGRADA DE FRUTAS. **Normas de classificação de pêssego e nectarina**. São Paulo: CEAGESP, 2008. (Documentos, 31). Disponível em: <http://www.hortibrasil.org.br>. Acesso em 13/06/2013.

RASEIRA, M. C. B.; MOORE, J. N.. Time of flower bud initiation in peach cultivars differing in chilling requirement. **HortScience**, v.22, p. 216-218, 1987.

RASEIRA, M. C. B., NAKASU, B. H. Pessegueiro. In: BRUCKNER, C. H. (Ed.) **Melhoramento de Fruteiras de Clima Temperado**. Editora UFV, p. 89-126, 2002.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V.; FURLANI-JÚNIOR, E.; MORAES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v.60, n. 3, p. 185-193, 2001.

RICHARDS, G. D.; PORTER, G. W.; RODRIGUEZ, J.; SHERMAN, W. B. Incidence of blind nodes in low-chill peach and nectarine germplasm. **Fruit Varieties Journal**, v. 48, p. 199-202, 1994.

SILVA, J. O. C. **Capacidade combinatória e seleção de pessegueiro para baixa necessidade de frio hibernal**. 2008. 57f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2008.

SOUZA, V. A. B.; BYRNE, D. H.; TAYLOR, J. F. Predicted breeding values for nine plant and fruit characteristics of 28 peach genotypes. **Journal of American Society Horticultural**, n. 125, v. 4, p. 460-465, 2000.

SOUZA, V. A. B.; BYRNE, D. H.; TAYLOR, J. F. heritability, genetic end phenotypic correlations, and predicted selection response of quantitative traits in peach: II. An analysis of several fruit traits. **Journal of American Society Horticultural**, n. 123, v. 4, p. 604-611, 1998.

TOPP, B. L.; SHERMAN, W. B. Breeding strategies for developing temperate fruits for the subtropics, with particular reference to *Prunus*. **Acta Horticulturae**, v. 522, p.235-240, 2000.

TREVISAN, R.; PIANA, C. F. B.; TREPTOW, R. O.; GONÇALVES, E. D.; ANTUNES, L. E. C. Perfil e preferências do consumidor de pêssego (*Prunus*

persica) em diferentes regiões produtoras no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.32, n.1, p. 90-100, 2010.

WAGNER JÚNIOR, A.; BRUCKNER, C. H.; CANTÍN, C. M.; SÁNCHEZ, M. A. M.; CRUZ, C. D. Divergência genética entre progênies de pessegueiro em Zaragoza, Espanha. **Revista Brasileira de Fruticultura**. v. 33, n. 1, p. 303-310, 2011.

WERT, T. W.; WILLIAMSON, J. G.; CHAPARRO, J. X.; MILLER, P. Node type development of four low-chill peach cultivars at three locations in Florida. **HortScience**, v. 42, n. 7, p. 1592-1595, 2007.

4. CAPÍTULO III

SELEÇÃO DE CLONES DE PESSEGUEIROS S₀ e S₁ EM VIÇOSA-MG

RESUMO

Os genótipos considerados promissores selecionados das populações segregantes nos programas de melhoramento de espécies perenes são propagados vegetativamente para avaliações mais detalhadas. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e prever valores genotípicos em seleções avançadas de pessegueiro pela metodologia REML/BLUP. Vinte e dois clones de quatro anos de idade foram avaliados no município de Viçosa-MG. Foram utilizados de 1 a 5 repetições por clone no espaçamento 7,0 x 3,5 m. O porta-enxerto utilizado foi o Okinawa. A forma de condução das plantas foi o tipo 'vaso' com 3 a 5 ramos de formação. As características avaliadas foram a taxa de brotação e número de nós por ramo misto, perímetro do tronco, produção (frutos/planta) e características biométricas de frutos (a partir de até 15 frutos por planta): época de colheita, massa, diâmetro médio, comprimento, firmeza da polpa, teor de sólidos solúveis totais, acidez total titulável, relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável; percentual de vermelho na cobertura da epiderme, coordenadas de cor CIE L*a*b*C*h° da epiderme, proeminência do ápice do fruto e proeminência da região sutural do fruto. Os dados obtidos foram submetidos à análise REML/BLUP utilizando o programa SELEGEN. Foram determinadas as correlações genéticas entre variáveis e a diversidade genética e agrupamento pelo método de Tocher. As herdabilidades obtidas variaram de 0,11 para a característica proeminência da linha de sutura do fruto a 0,84 para época de colheita. Os coeficientes de variação genotípicos foram superiores a 10% para a maioria das características avaliadas, suficiente para a prática de uma seleção efetiva. O agrupamento com base nas características biométricas de frutos promoveu a formação de cinco grupos mutuamente excludentes. A variável número de nós por ramo misto apresenta correlação genética de magnitude alta com a produção de frutos (0,7334). A variável massa de fruto apresenta correlação genética de

magnitude alta com diâmetro médio de fruto (0,9870) e comprimento de fruto (0,8550). A variável época de colheita apresenta correlação genética de baixa magnitude com diâmetro médio de frutos (0,3228) e com a relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável (0,3034) e correlação negativa com acidez (-0,3970) e percentual de vermelho na cobertura da epiderme (-0,3522). Foi observada considerável variabilidade genética entre os clones avaliados, especialmente para as características dos frutos. Não houve um clone que fosse superior em todas as características desejáveis, mas houve clones excelentes para algumas características específicas..

Palavras-chave: *Prunus persica*, modelos mistos, parâmetros genéticos, valores genotípicos.

SELECTION OF CLONES IN PEACHES S₀ AND S₁ IN VIÇOSA-MG

ABSTRACT

Genotypes selected from segregating populations in breeding programs of perennials species are propagated by vegetative methods for more detailed evaluations. The objective of this study was to estimate genetic parameters and predict genotypic values in advanced selections of peach trees by REML/BLUP methodology. Twenty-two clones at four years of age were evaluated in Viçosa-MG. We used 1 to 5 repetitions per clone in the spacing 7.0 x 3.5 m. The clones were grafted over the rootstock Okinawa. The training system was the 'open vase' with 3 to 5 main branches. The evaluated traits were the percentage of bud break in proleptic branches, number of nodes per proleptic branch, trunk perimeter, production (fruits/plant) and biometric characteristics of fruit (starting from until 15 fruits per plant): harvest time, fruit mass, diameter, length, firmness, total soluble solids, titratable acidity, soluble solids/acidity ratio, percentage of red in the coverage of the epidermis, color coordinates CIE L* a* b* C* h° of epidermis, prominence of fruit apex and prominence of the sutural region. The data obtained were analyzed by REML/BLUP methodology using the program

SELEGEN. We determined the genetic correlations among variables, genetic diversity and grouping by Tocher's method. Heritability estimates ranged from 0.11 for the prominence of suture line to 0.84 for the fruit harvest time. The genotypic coefficients of variation were greater than 10% for most of the evaluated characteristics, enough to an effective selection. Grouping based on biometric characteristics of fruits promoted the formation of five mutually exclusive groups. The variable number of nodes per proleptic branch presents genetic correlation of high magnitude with fruit yield (0.7334). The variable mass of fruit has high magnitude of genetic correlation with fruit diameter (0.9870) and fruit length (0.8550). The variable harvest time presents genetic correlation of low magnitude with medium diameter of fruits (0.3228) and the ratio soluble solids/acidity (0.3034) and negatively with acidity (-0.3970) and percentage of red covering the epidermis (-0.3522). We observed considerable genetic variability among clones, especially for the fruit traits. There was not a clone superior in all the desirable characteristics, but there were excellent clones for some specific characteristics.

Keywords: *Prunus persica*, mixed models, genetic parameters, genotypic values.

4.1. INTRODUÇÃO

O pessegueiro é uma planta autógama originalmente adaptada às zonas temperadas e subtropicais, sendo que necessita de um determinado acúmulo de frio hibernal para superar seu período de dormência e ter floração e brotação normais. As principais zonas produtoras de pêssego situam-se entre as latitudes 30° e 45° nos dois hemisférios do globo terrestre. A ocorrência de geadas tardias na primavera é o principal fator limitante para a produção de pêssegos nas zonas temperadas. Por outro lado, o frio necessário às gemas vegetativas e floríferas, quando insuficiente, limita a produção nas zonas subtropicais (SCORZA; SHERMAN, 1996).

O método de melhoramento mais comumente usado na cultura do pessegueiro é o da hibridação seguida da condução de populações segregantes pelo método genealógico das quais indivíduos superiores em relação a determinados caracteres são selecionados. Por se tratar de planta de propagação vegetativa, indivíduos de primeira geração (S_0) podem ser selecionados e lançados como cultivares. Normalmente são levados à geração S_1 apenas aqueles cruzamentos em que se busca melhorar caracteres aditivos, como maior tamanho de frutos e resistência a doenças, eliminação de genes deletérios e para a manifestação de características recessivas de interesse no melhoramento (RASEIRA; NAKASU, 2002).

A avaliação de genótipos em populações segregantes normalmente é realizada com base em plantas individuais, preferencialmente para caracteres de alta herdabilidade sendo praticada para características de baixa herdabilidade nos testes de comparação de clones, onde são empregados vários indivíduos por clone (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Os principais objetivos dos trabalhos de melhoramento para regiões de inverno ameno são: selecionar genótipos com necessidade de frio para a superação da dormência cada vez menores, possibilitando a obtenção de cultivares melhor adaptados às regiões já em produção e a expansão da produção para áreas mais quentes; expandir o período de oferta de frutos, com seleção de genótipos mais precoces, de modo a obter melhor remuneração da produção; selecionar genótipos com boas características de

fruto, com maior tamanho, maior firmeza da polpa, epiderme mais coloridas e com excelente sabor.

O aspecto 'qualidade de frutos' deve ser avaliado com cuidado. Produtores, comerciantes e consumidores tem suas próprias visões do que seja qualidade e, em alguns casos, pode haver exigências conflitantes por parte dos diferentes elos da cadeia produtiva (TOPP; SHARMAN, 2000)

O aspecto visual dos frutos comercializados *in natura* é uma das primeiras referências de qualidade analisados pelo consumidor. Frequentemente o aspecto visual é o atributo que mais motiva na aquisição do produto pela primeira vez, enquanto nas compras subsequentes a motivação pode estar também relacionada com a textura e o sabor dos frutos (MITCHAM; CANTWELL; KADER, 1996).

Genótipos selecionados em populações segregantes são propagados vegetativamente para avaliação com maior precisão das características mais influenciadas pelo ambiente, preferencialmente em vários anos e localidades.

A propagação vegetativa é utilizada comercialmente para a produção de mudas de pessegueiros e diversas fruteiras. É um método de multiplicação de indivíduos superiores e difusão do progresso genético obtido pela seleção em programas de melhoramento. A utilização tradicional da propagação vegetativa em plantações consiste na multiplicação de indivíduos cujo comportamento em população base se mostre excepcional e que, em geral esses indivíduos passam por teste comparativo de clones antes da multiplicação comercial (MENCK et al., 1988).

No melhoramento de plantas perenes é relevante a predição dos valores genéticos aditivos quando, a partir dos indivíduos selecionados, se pretende obter descendentes. Quando forem propagados vegetativamente, seus valores genotípicos devem ser preditos (RESENDE, 2002).

A seleção em testes de comparação de clones, instalados com repetições de cada genótipo, se baseada em procedimento biométrico inadequado pode ser ineficiente devido ao confundimento entre efeitos genotípicos e ambientais (ATROCH; RESENDE; NASCIMENTO FILHO, 2004). Segundo Resende (2002), o procedimento adequado para a estimação de parâmetros genéticos e também a prática da seleção em

plantas perenes envolve a estimação de componentes de variância pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição de valores genotípicos pela melhor predição linear não-viciada (BLUP).

O objetivo deste trabalho foi avaliar 22 clones de pessegueiro em Viçosa-MG pela metodologia REML/BLUP quanto a características da planta, produção e biometria de frutos.

4.2. MATERIAL E MÉTODOS

Vinte e dois clones de pessegueiro foram avaliados utilizando de 1 a 5 repetições por clone quanto a características da planta e biometria de frutos (Tabela 1).

Tabela1. Genealogia e número de plantas (NP) avaliadas em 22 clones de pessegueiro cultivados em Viçosa-MG para características da planta e biometria dos frutos

Clone	Cod. UFV ⁵	NP	Genitores ou progenitores	
C1 ²	2003.03 ³	3	Alô-Doçura	Colombina
C2 ²	2803.13 ⁴	5	Alô-Doçura	Colombina
C3 ¹	2501.02 ⁴	4	Alô-Doçura ^{AF}	-
C4 ²	3301.08 ⁴	4	Biuti	Maravilha
C5 ²	3301.10 ⁴	4	Biuti	Maravilha
C6 ¹	0988.09 ⁴	3	Biuti	Premier
C7 ²	3201.01 ⁴	3	Campinas 1	Premier
C8 ¹	1588.03 ³	3	Doçura	Premier
C9 ²	0703.18 ³	2	Real	Premier
C10 ²	0703.20 ³	2	Real	Premier
C11 ²	2901.06 ⁴	4	Real	Premier
C12 ²	2901.07 ⁴	4	Real	Premier
C13 ²	2901.16 ⁴	1	Real	Premier
C14 ²	5403.86 ⁴	2	Real	Premier
C15 ²	3001.07 ⁴	2	Real	Rubro-sol
C16 ²	2001.01 ⁴	3	Real x Colibri	Miraflores
C17 ²	2801.14 ⁴	3	Relíquia	Diamante
C18 ¹	0302.02 ³	3	Relíquia	Miraflores
C19 ¹	0488.07 ⁴	2	Relíquia	Rubro-sol
C20 ²	2201.01 ⁴	4	Relíquia	Rubro-sol
C21 ²	5503.13 ⁴	2	Relíquia	Rubro-sol
C22 ²	5503.29 ³	2	Relíquia	Rubro-sol

¹seleção S₀; ²seleção S₁; ³polpa de coloração branca; ⁴polpa de coloração amarela. ⁵primeiros dois dígitos identificam o cruzamento, dois dígitos seguintes o ano do cruzamento e os dígitos após o ponto identificam o número da planta.

O pomar foi implantado em julho de 2008 em espaçamento 7m entre linhas e 3,5m entre plantas no pomar experimental de fruticultura da Universidade Federal de Viçosa, no município de Viçosa-MG. As plantas foram obtidas por enxertia de garfagem tipo 'fenda cheia' em porta-enxertos provenientes de sementes do cultivar Okinawa.

O pomar situa-se a uma altitude aproximada de 650 metros. O clima local é classificado com Cwa, mesotérmico úmido com verões chuvosos e invernos secos.

A forma de condução das plantas foi a do tipo 'vaso', com 3 a 5 ramos utilizados para a formação da copa. Os tratamentos culturais foram realizados de acordo com as práticas agrícolas recomendadas para a cultura, tais como adubações parceladas, controle de plantas daninhas através de aplicação de herbicidas nas linhas e por roçada mecânica nas entrelinhas. O controle fitossanitário foi feito de forma preventiva e, ou, corretiva dependendo da praga/doença e época. Anualmente foi realizado tratamento para quebra de dormência com cianamida hidrogenada (Dormex®) a 0,8% e óleo mineral a 1%. O tratamento foi realizado cerca de um mês de antecedência ao florescimento natural das plantas, o que correspondeu à primeira quinzena do mês de Junho em todos os anos desde o plantio. Foram realizadas podas verdes quando necessário (2 a 3 vezes por ano) e poda anual de frutificação no período de dormência das plantas. Foi utilizada irrigação localizada com emissores tipo 'bailarina' para manutenção da umidade do solo no período de déficit hídrico (principalmente nos meses de Julho a Setembro).

As características avaliadas na planta foram taxa de brotação de gemas em ramos mistos, número de nós por ramo misto, perímetro do tronco e produção.

Para a obtenção da taxa de brotação e número de nós por ramo misto, doze ramos do terço médio da copa de cada planta, sendo três em cada quadrante, foram utilizados para a contagem do número de nós, gemas e brotações. A taxa de brotação foi obtida da relação percentual das gemas vegetativas brotadas em relação ao total de gemas vegetativas (brotadas + não brotadas). O perímetro do tronco foi obtido com auxílio de fita métrica, correspondendo à medida da circunferência do tronco a 10 centímetros do nível do solo. A variável produção foi obtida da contagem do número de frutos por planta antes do início do período de colheita.

Para avaliação das características dos frutos, foram coletadas 15 unidades por planta (exceto seis árvores que não produziram quantidade suficiente de frutos, sendo coletados, nestes casos, de 3 a 14 frutos) na safra 2012/2013. Foram realizadas duas coletas de frutos por semana a

partir do início do amadurecimento dos primeiros frutos do clone mais precoce (1 de novembro 2012) até a coleta do genótipo mais tardio (11 de dezembro). Os frutos foram coletados quando se encontravam no ponto de colheita, com máximo desenvolvimento e coloração de fundo da epiderme característicos, de acordo com a coloração da polpa (CANTILLANO; SACHS, 1984).

Os caracteres avaliados em frutos individuais foram: época de colheita, massa, diâmetro médio, comprimento, firmeza da polpa, teor de sólidos solúveis totais, acidez total titulável, relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável, percentual de vermelho na cobertura da epiderme, coordenadas de cor CIE ($L^*a^*b^*C^*h^\circ$) da epiderme, proeminência do ápice do fruto e proeminência da região sutural do fruto.

A variável época de colheita foi obtida do número de dias da data de coleta de cada fruto em relação à data de colheita dos primeiros frutos maduros no experimento somados à unidade (+1). O diâmetro médio de frutos foi obtido através da média dos diâmetros sutural (distância máxima na região mediana da linha de sutura ao extremo oposto) e equatorial (região mediana perpendicular à linha de sutura). O comprimento do fruto foi obtido pela medida de distância entre a região da inserção do pedúnculo e o ápice do fruto. As medidas de comprimento foram obtidas com paquímetro digital e os resultados expressos em milímetros (mm). A firmeza da polpa foi obtida com o auxílio de penetrômetro digital com ponteira de 8 mm. A avaliação foi feita na posição equatorial do fruto após a retirada da epiderme. Os resultados foram expressos em Newton (N). O teor de sólidos solúveis totais foi obtido de cada fruto com uso de pequena alíquota de suco, obtida por compressão manual de porção da polpa, em refratômetro digital. A acidez titulável foi determinada por titulometria (AOAC, 1990). Os resultados foram expressos em grama de ácido málico/100g de peso fresco. O percentual de vermelho na cobertura da epiderme foi avaliado visualmente, com valores variando de 0 a 100 e resultados expressos em porcentagem. As coordenadas de cor CIE ($L^*a^*b^*C^*h^\circ$) foram obtidas da epiderme do fruto utilizando colorímetro (marca MINOLTA CR-10). Uma única medida foi tomada na face do fruto com maior pigmentação de cobertura (face vermelha para frutos com pigmentação vermelha, amarela ou amarelo-

esverdeada para frutos sem pigmento vermelho na epiderme). A proeminência do ápice do fruto representa o tamanho do “bico” do fruto sendo avaliada em escala de notas de 0 - 3, onde: (0) reentrante; (1) ausente; (2) pequena e (3) pronunciada (DALL’ORTO et al., 1994). A proeminência da região sutural representa o crescimento da região de sutura do fruto sendo avaliada por escala de notas de 1 - 3 , sendo: (1) pequena; (2) média e (3) pronunciada.

Os dados resultantes de uma observação planta foram submetidos à análise REML/BLUP e o modelo linear misto utilizado foi $y = Xm + Zg + e$, em que:

y, m, g, e: vetores de dados, escalar referente à média geral (efeito fixo), vetor de valores genotípicos totais de clones (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente.

X e Z : matrizes de incidência para **m** e **g** , respectivamente.

Equações de Modelo Misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I^{-1}(\sigma_e^2/\sigma_g^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

Estimador REML

O modelo conduz aos seguintes estimadores de σ_g^2 e σ_e^2 :

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{m}'X'y - \hat{g}'Z'y]/[N - r(X)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'I^{-1}\hat{g} + \sigma_e^2 \text{tr } C^{22}]/N_g, \text{ em que:}$$

$r(X)$: posto ou número de colunas linearmente independentes de X.

$$C^{22} \text{ é da forma } \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I^{-1}(\sigma_e^2/\sigma_g^2) \end{bmatrix}^{-1}.$$

Os dados referentes à biometria de frutos, obtidos a partir de várias observações por planta, foram submetidos à análise REML/BLUP e o modelo linear misto utilizado foi $y = Xm + Zg + Wc + Tp + e$, em que:

y é o vetor de dados, **m** é o escalar referente ao efeito de colheitas (efeitos fixos), **g** é o vetor dos efeitos genotípicos de clones (assumidos como

aleatórios), \mathbf{c} é o vetor dos efeitos da interação clones x medições (aleatórios), \mathbf{p} é o vetor dos efeitos permanentes de ambiente (aleatórios) e \mathbf{e} é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). X , Z , W e T representam as matrizes de incidência para os efeitos \mathbf{m} , \mathbf{g} , \mathbf{c} e \mathbf{p} , respectivamente.

Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{g} \\ \hat{c} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2}; \quad \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2}.$$

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido amplo.}$$

$$\rho = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{repetibilidade individual.}$$

$$p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de ambiente.}$$

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.}$$

Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{m}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{c}' W'y - \hat{p}' T'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}' A^{-1} \hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} (I^{-1} C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}' c + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}] / s$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = [\hat{p}' \hat{p} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{44}] / q, \text{ em que:}$$

C^{22} , C^{33} e C^{44} advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

Após a obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos pelo método REML/BLUP foram determinadas as correlações genéticas entre as variáveis e a diversidade genética dos clones.

Para a discussão dos valores de correlação genética foi utilizada a classificação de magnitudes de correlação sugerida por Souza et al. (1998) modificada (conforme descrição no capítulo 1) na qual os valores dos coeficientes de correlação genética ou fenotípica foram tidos como de magnitude alta ou muito alta quando acima de 0,70; moderadamente alta, quando entre 0,50 e 0,70; moderadamente baixa ou baixa quando entre 0,30 e 0,49 e, muito baixa quando inferiores a 0,30.

A divergência genética entre as famílias foi avaliada com base nas distâncias euclidianas genéticas médias padronizadas dos valores genotípicos e agrupamento realizado pelo método de Tocher.

As características da planta e produção foram analisadas e discutidas separadamente das características biométricas dos frutos.

As análises foram realizadas pela metodologia REML/BLUP utilizando o Software SELEGEN - Seleção Genética Computadorizada (RESENDE, 2007).

4.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de parâmetros genéticos referentes à avaliação das características da planta e produção são apresentadas na Tabela 2. Os resultados revelam a presença de variabilidade genética entre os clones para as características avaliadas conforme pode ser comprovado pelas estimativas das variâncias e coeficientes de variação genotípica.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres taxa de brotação em ramos mistos (BROT), número de nós por ramo misto (NR), perímetro do tronco (PT) e produção (PR) em 22 clones pessegueiros aos 4 anos cultivados em Viçosa-MG

ESTIMATIVAS	BROT ¹	NR ²	PT ³	PR ⁴
V _g	82,7587	6,8410	15,4833	5444,5382
V _e	52,1277	5,5578	37,5958	2135,0262
V _f	134,8864	12,3988	53,0790	7579,5644
h ² _g	0,614±0,27	0,552±0,26	0,292±0,19	0,718±0,30
Acclon	0,783	0,743	0,540	0,848
CVgi (%)	23,80	13,71	8,39	54,94
CVe (%)	18,89	12,36	13,08	34,40
CVr	1,26	1,11	0,64	1,60
PEV	31,9826	3,0665	10,9668	1533,6279
SEP	5,66	1,75	3,31	39,16
Média Geral	38,22	19,08	46,89	134,30

V_g: variância genotípica; V_e: variância residual; V_f: variância fenotípica individual; h²_g herdabilidade individual no sentido amplo (efeitos genotípicos totais); Acclon: acurácia da seleção de genótipos (assumindo ausência de perda de parcelas); CVgi (%): coeficiente de variação genotípica; CVe (%): coeficiente de variação residual; CVr=CVg/CVe: coeficiente de variação relativa; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos (assumindo sobrevivência completa); SEP: desvio padrão do valor genotípico predito (assumindo sobrevivência completa). Unidades: ¹porcentagem, ²número total, ³centímetros, ⁴frutos/planta.

Os coeficientes de variação genotípica (CVgi%) representam a porcentagem de variação genética acessível nos genótipos avaliados (MAIA et al., 2011). Para as variáveis taxa de brotação e produção os coeficientes de variação genotípicos são consideravelmente superiores às estimativas para as demais características. Para essas duas características, também são observados os maiores coeficientes de variação relativa dentre as variáveis analisadas.

A pequena variabilidade observada para o caráter perímetro do tronco (CVg=8,39%) pode ter sido causada pela utilização do porta-enxerto

Okinawa considerado indutor de aumento de porte das copas sobre ele enxertadas (RODRIGUES et al., 2004; ROCHA et al., 2007). O diâmetro e volume de copa são influenciados pela interação copa x porta-enxerto. Infere-se, portanto, que não houve interação copa x porta-enxerto relevante.

O coeficiente de variação residual (CVe%) representa a proporção da média devido às variações de ambiente, sendo indicativo para a precisão do experimento. Caracteres complexos, governados por vários genes e muito influenciados pelas condições do ambiente de cultivo apresentam, via de regra, altas magnitudes de CVe%. Neste trabalho, de modo geral, foram obtidas estimativas baixas para CVe, exceto para produção (Cve=34,40).

As variáveis taxa de brotação, número de nós por ramo e produção apresentam estimativas de coeficiente de variação relativa superiores à unidade, condição favorável à seleção. Já para a variável perímetro do tronco foi observado valor de variância ambiental superior a variância genotípica (Cvr menor que 1), dificultando a seleção dos genótipos superiores.

As maiores estimativas de herdabilidade individual no sentido amplo foram obtidas para as variáveis produção (0,718), taxa de brotação em ramos mistos (0,614) e número de nós por ramo (0,552), indicando que para estas características a fração genotípica da variância fenotípica é proporcionalmente maior que para a variável diâmetro do tronco, cujo coeficiente de herdabilidade foi 0,292.

O coeficiente de herdabilidade individual no sentido amplo representa a porção de variância aditiva mais aquela devido à dominância presentes na variância fenotípica entre as unidades de seleção. Como na seleção de clones aproveita-se a variância genotípica, a herdabilidade no sentido amplo é útil na seleção (RESENDE, 2002).

A acurácia seletiva para taxa de brotação e número de nós por ramo misto foi de 0,783 e 0,743, respectivamente. Já para a variável produção de frutos por planta, a estimativa da acurácia foi de 0,848. Para essas variáveis de maior acurácia de seleção, o número de nós por ramo apresentou menor estimativa do desvio padrão dos erros de predição (SEP). Altos valores de acurácia indicam segurança e certeza matemática na prática de seleção. A precisão da seleção com base em caracteres com elevada acurácia e baixos

desvios padrões dos erros de predição (SEP), como para a variável produção, será alta (MAIA et al., 2011).

O agrupamento de Tocher com base na distância média genética das variáveis taxa de brotação em ramos mistos, número de nós por ramo misto, perímetro do tronco e produção propiciou a separação do clone 4 (3301.08) dos demais em relação às características da planta e produção (Tabela 3).

Tabela 3. Grupos de similaridade genética formados pelo método de Tocher com base nas variáveis taxa de brotação em ramos mistos, número de nós por ramo misto, perímetro do tronco e produção para 22 clones de pessegueiro com 4 anos de idade, baseada na distância euclidiana média dos valores genotípicos

Grupo	Clones
I	C1; C2; C3; C5; C6; C7; C8; C9; C10; C11; C12; C13; C14; C15; C16; C17; C18; C19; C20; C21; C22
II	C4

O clone C4 apresenta valor genotípico para taxa de brotação próximo da média geral (37,17%) e estimativas de valores genotípicos elevadas para produção (261,07 frutos/planta), número total de nós em ramos mistos (22,68) e perímetro do tronco (52,64 cm).

As variáveis brotação em ramos mistos e produção são as de maior importância entre as avaliadas e apresentaram maior variabilidade genética (CVg), por isso tiveram seus valores genotípicos e respectivos intervalos de confiança apresentados na Tabela 4. O clone com maior valor genotípico para taxa de brotação foi o C11. Porém considerando a sobreposição dos intervalos de confiança dos valores genotípicos preditos, dez clones apresentaram-se semelhantes estatisticamente, a 95% de confiança. Para a variável produção o clone C4 apresentou maior valor genotípico, sendo estatisticamente semelhante a outros oito clones a 95% de confiança.

Tabela 4. Valores genotípicos (VG) e seus intervalos de confiança (IC-95%) para taxa de brotação em ramos mistos (BROT) e produção (PR) nos 22 clones de pessegueiro cultivados em Viçosa-MG

Ordem	BROT (%)			PR (frutos/planta)		
	CLONE	VG	IC-95%*	CLONE	VG	IC-95%
1	C11	54,71	47,18 - 62,23	C4	261,07	208,41 - 313,73
2	C22	51,68	42,38 - 60,98	C21	242,32	177,57 - 307,07
3	C18	46,62	38,41 - 54,83	C12	237,62	184,96 - 290,28
4	C13	44,12	32,73 - 55,50	C15	203,02	138,28 - 267,77
5	C7	43,50	35,29 - 51,71	C5	202,10	149,44 - 254,76
6	C20	43,11	35,58 - 50,63	C8	191,23	134,02 - 248,43
7	C5	42,73	35,21 - 50,25	C19	159,55	94,80 - 224,29
8	C14	42,71	33,41 - 52,01	C3	156,11	103,45 - 208,77
9	C21	42,18	32,88 - 51,48	C16	152,31	95,11 - 209,51
10	C9	40,71	31,41 - 50,01	C20	146,32	93,66 - 198,98
11	C2	40,04	32,99 - 47,08	C17	145,53	88,33 - 202,73
12	C17	37,93	29,72 - 46,14	C2	135,88	86,28 - 185,48
13	C4	37,17	29,64 - 44,69	C13	111,82	31,47 - 192,16
14	C15	36,88	27,58 - 46,18	C11	108,07	55,41 - 160,73
15	C16	32,99	24,78 - 41,20	C22	105,21	40,46 - 169,95
16	C8	32,83	24,62 - 41,04	C6	86,87	29,67 - 144,07
17	C12	32,54	25,02 - 40,06	C18	84,80	27,6 - 142,01
18	C3	32,46	24,94 - 39,98	C7	55,03	-2,17 - 112,23
19	C10	31,76	22,46 - 41,06	C1	48,54	-8,66 - 105,75
20	C19	26,82	17,52 - 36,12	C9	42,50	-22,24 - 107,25
21	C1	26,11	17,90 - 34,31	C10	41,66	-23,08 - 106,41
22	C6	21,31	13,10 - 29,52	C14	37,07	-27,68 - 101,81
	Média Geral	38,22			134,30	

* intervalo de confiança (95%)

Os coeficientes de correlação genética entre as variáveis taxa de brotação, número de nós em ramos mistos, perímetro do tronco e produção são apresentados na Tabela 5. A variável número de nós por ramo misto apresenta correlação genética de alta magnitude com a produção de frutos (0,7334). Genótipos que apresentem maior número de nós por ramo possuem, possivelmente, maior quantidade de gemas floríferas por ramo, seja devido a maior densidade de gemas floríferas, seja por possuírem maior comprimento de ramo.

Tabela 5. Coeficientes de correlação genética entre os caracteres taxa de brotação em ramos mistos (BROT), número de nós por ramo misto (NR), perímetro do tronco (PT) e produção (PR) em clones de pessegueiros cultivados em Viçosa-MG

	BROT	NR	PT	PR
BROT	1	-0,3907	0,2223	-0,0720
NR		1	0,0096	0,7344
PT			1	0,4067
PD				1

A taxa de brotação em ramos mistos apresenta correlação genética de magnitude muito baixa com perímetro do tronco (0,2223) e correlação negativa de magnitude moderadamente baixa com o número de nós por ramo (-0,3907) e correlação praticamente nula com produção (-0,0720).

Nos clones avaliados, os genótipos que apresentaram os maiores perímetros de tronco possivelmente são aqueles que tiveram maior crescimento vegetativo anual. Esse maior crescimento pode ocorrer de duas formas: (i) o genótipo apresenta maior número de brotações por planta, como consequência da menor necessidade de frio dos genótipos, que resulta em maior taxa de brotação. Nesse caso o crescimento de cada ramo (com frutificação no inverno seguinte) pode ser pequeno e com poucas ramificações durante a fase de crescimento e; (ii) o genótipo apresenta maior crescimento vegetativo de cada brotação e maior capacidade de desenvolvimento de ramificações secundárias dos ramos que frutificariam no inverno seguinte. Nesse caso o genótipo pode apresentar maior crescimento vegetativo mesmo que não tenha apresentado elevada taxa de brotação. O observado neste experimento é que existe pequena tendência dos genótipos que apresentem maiores taxas de brotação apresentem os maiores diâmetros, dada a correlação genética entre as características de pequena magnitude. É importante ressaltar que a utilização das podas comumente empregadas na cultura pode influir na magnitude dessa correlação, bem como a interação copa x porta-enxerto. O crescimento vegetativo também está muito relacionado à partição dos fotoassimilados. Nesse sentido, genótipos pouco produtivos podem apresentar maior crescimento vegetativo e resultar em maior incremento em diâmetro do tronco. Um exemplo para essa situação é o clone C1 que apresenta diâmetro do tronco

moderadamente alto (VG=48,33 cm) e baixa produção (VG=48,54 frutos/planta). Apresenta, ainda, baixa taxa de brotação (VG=26,11%). Nesse caso o maior incremento em diâmetro está associado ao observado em (ii).

A brotação de gemas vegetativas está associada principalmente a superação da dormência devido ao adequado acúmulo de frio no período de inverno, sendo importante tanto o aspecto qualitativo quanto quantitativo do frio. O nível de dormência está associado à quantidade de substâncias inibidoras no órgão, neste caso na gema vegetativa e, fatores como estresses bióticos e abióticos influenciam no nível de substâncias inibidoras acumuladas durante a fase de crescimento.

A correlação negativa entre taxa de brotação e o número de nós do ramo pode ocorrer porque, possivelmente, os ramos com maior número de nós apresentavam maior quantidade de gemas vegetativas. A brotação de determinado número de gemas pode ter inibido a brotação das demais devido ao efeito de paradormência, resultando em menor brotação em termos percentuais.

A correlação genética praticamente nula entre o percentual de brotação e a produção não era esperada. Wagner Júnior et al. (2009, 2010), demonstram que a seleção de genótipos base na capacidade de florescimento e brotação dos mesmos apresenta grande concordância, demonstrando haver correlação entre as variáveis. A aplicação de produtos para a quebra de dormência, o abortamento de flores e frutos e a execução de raleio dos frutos são alguns dos prováveis fatores que afetam a correlação entre essas variáveis.

As estimativas de parâmetros genéticos para época de colheita e para características biométricas dos frutos são apresentadas na Tabela 6. As características época de colheita, acidez titulável, relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável, percentual de vermelho na cobertura da epiderme e as coordenadas colorimétricas CIE $L^*a^*b^*C^*h^\circ$ apresentaram variância genotípica maior que a residual, com coeficientes de variação relativa superiores à unidade, facilitando a seleção dos genótipos superiores. Os CVr's são maiores para época de colheita (4,44), acidez titulável (2,58) e relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável (2,21).

Tabela 6. Estimativas de parâmetros genéticos para época de colheita (EC) e caracteres biométricos de frutos: massa (MF), diâmetro médio (DMF), comprimento (CF), firmeza da polpa (FP), teor de sólidos solúveis (TSS), acidez titulável (AT), relação TSS/AT, percentual de vermelho na cobertura da epiderme (VER), coordenadas de cor CIE (L*a*b*C*h°), proeminência do ápice do fruto (PD) e proeminência da região sutural do fruto (PS), em clones de pessegueiro cultivados em Viçosa-MG

	EC ¹	MF ²	DMF ²	CF ²	FP ³	TSS ⁴	AT ⁵	TSS/AT	VER ⁶	Coordenadas colorimétricas CIE L*a*b*					PD	PS
										L*	a*	b*	C*	h°		
V _g	82,0113	213,3432	11,5826	12,1960	42,4307	0,9059	0,0710	458,3238	173,1271	26,3756	16,2540	51,6414	27,7884	341,4627	0,1668	0,0283
V _{int}	6,2313	13,7659	1,1136	2,0736	2,0081	0,0104	0,0002	2,2925	4,5789	0,1334	0,1655	0,4069	0,4226	1,7332	0,0041	0,0120
V _{perm}	5,2936	31,1931	1,6212	1,1751	23,9628	0,2264	0,0040	13,8229	79,6229	6,0009	4,7221	15,4144	7,9487	95,0743	0,0147	0,0091
V _e	4,1545	235,7820	13,1346	19,0654	257,3248	0,9524	0,0106	93,9746	126,6527	11,3120	13,7206	18,2826	12,1877	156,7023	0,2295	0,2013
V _f	97,6907	494,0843	27,4521	34,5101	325,7263	2,0952	0,0858	568,4137	383,9816	43,8218	34,8621	85,7454	48,3474	594,9725	0,4151	0,2508
h ² _g	0,84 ± 0,08	0,43 ± 0,06	0,42 ± 0,06	0,35 ± 0,05	0,13 ± 0,03	0,43 ± 0,06	0,83 ± 0,08	0,81 ± 0,08	0,45 ± 0,06	0,60 ± 0,07	0,47 ± 0,08	0,60 ± 0,07	0,57 ± 0,07	0,57 ± 0,07	0,40 ± 0,06	0,11 ± 0,03
C ² _{int}	0,064	0,028	0,041	0,060	0,006	0,005	0,002	0,004	0,012	0,003	0,005	0,005	0,009	0,003	0,010	0,048
C ² _{perm}	0,05	0,06	0,06	0,03	0,07	0,11	0,05	0,02	0,21	0,14	0,14	0,18	0,16	0,16	0,04	0,04
ρ	0,89 ± 0,09	0,49 ± 0,07	0,48 ± 0,07	0,39 ± 0,06	0,20 ± 0,04	0,54 ± 0,07	0,87 ± 0,09	0,83 ± 0,08	0,66 ± 0,08	0,74 ± 0,08	0,60 ± 0,09	0,78 ± 0,08	0,74 ± 0,08	0,73 ± 0,08	0,44 ± 0,06	0,15 ± 0,04
rg _{med}	0,93	0,94	0,91	0,85	0,95	0,99	1,00	1,00	0,97	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,70
CV _{gi} (%)	82,01	19,92	6,76	6,62	14,24	8,00	49,99	65,22	105,74	8,86	56,90	30,13	20,18	24,98	27,08	8,39
CVe (%)	18,46	20,94	7,20	8,28	35,07	8,20	19,36	29,53	90,44	5,80	52,28	17,93	13,37	16,92	31,76	22,39
CV _r	4,44	0,95	0,94	0,80	0,41	0,98	2,58	2,21	1,17	1,53	1,09	1,68	1,51	1,48	0,85	0,37
Média Geral	11,04	73,33	50,31	52,76	45,74	11,90	0,53	32,83	12,44	57,96	7,09	23,85	26,12	73,97	1,51	2,00

V_g: variância genotípica; V_{int}: variância da interação genótipo x medição; V_{perm}: variância de ambiente permanente; V_e: variância residual; V_f: variância fenotípica individual; h²_g: herdabilidade individual no sentido amplo (efeitos genotípicos totais); C²_{int}: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x medição; c²_{perm}: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de parcela; ρ: coeficiente de repetibilidade; rg_{med}: correlação genotípica através das medições; CV_{gi} (%): coeficiente de variação genotípica; CV_e (%): coeficiente de variação residual; CV_r=CV_g/CV_e: coeficiente de variação relativa. Unidades: ¹dias após primeira coleta, ²gramas, ³N (utilizando ponteira de 8 mm), ⁴°Brix, ⁵g. de ácido málico/100g de polpa, ⁶porcentagem.

Os caracteres com CVr maior que 1 apresentaram coeficientes de variação genotípica superiores a 20%, com exceção da variável de cor L*. Os maiores valores de CVg foram obtidos para as variáveis percentual de vermelho na cobertura da epiderme (105,74), época de colheita (82,01), relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável (65,22), coordenada de cor a* (56,90) e acidez titulável (49,99). Esse panorama indica ótima possibilidade para a prática de uma seleção efetiva nessas variáveis.

Os coeficientes de variação residual foram altos para o percentual de vermelho na cobertura da epiderme (90,44), coordenada de cor a* (52,28), firmeza da polpa (35,07), proeminência da porção apical do fruto (31,76), relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável (29,53) e proeminência da região sutural do fruto (22,39). Para essas características a influência do ambiente é alta e/ou a técnica de avaliação foi imprecisa.

As herdabilidades individuais no sentido amplo (efeitos genotípicos totais) foram de magnitude elevada para os caracteres época de colheita (0,84), acidez titulável (0,83) e relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável (0,81), coordenadas colorimétricas L* (0,60), b* (0,60), C* (0,57) e h° (0,57). Valores intermediários de herdabilidade foram obtidos para os caracteres massa de fruto (0,43), diâmetro médio do fruto (0,42), comprimento do fruto (0,35), teor de sólidos solúveis (0,43), percentual de vermelho na cobertura da epiderme (0,45), coordenada colorimétrica a* (0,47), proeminência do ápice do fruto (0,40).

Valores de herdabilidade de pequena magnitude foram obtidos para firmeza da polpa (0,13) e proeminência da região sutural do fruto (0,11).

Os maiores coeficientes de determinação dos efeitos da interação genótipo x medição foram observados para época de colheita (0,064) e comprimento do fruto (0,060). O maior coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente foi observado para percentual de vermelho na cobertura da epiderme (0,21). Valores superiores a 10% foram observados para teor de sólidos solúveis e as coordenadas colorimétricas CIE L*a*b*C* e h°.

Os menores coeficientes de repetibilidade foram obtidos para as variáveis proeminência da região sutural (0,15) e firmeza da polpa (0,20)

(Tabela 6). Para essas características a avaliação de mais frutos por planta pode ser recomendada para a obtenção de maior precisão.

A partição proporcionada pelo agrupamento de Tocher baseada nas distâncias euclidianas médias obtidas a partir das 16 características biométricas dos frutos resultou na formação de cinco grupos (Tabela 7). O primeiro foi constituído de 11 clones (C3, C4, C5, C9, C12, C13, C14, C15, C18, C19 e C21), o segundo por sete clones (1, 2, 6, 7, 8, 17 e 20), o terceiro por dois clones (C11 e C22) e os dois últimos por um clone cada (clones C10 e C16).

Tabela 7. Grupos de similaridade genética (Tocher) baseados na distância euclidiana média dos valores genéticos entre 16 caracteres em 22 clones de pessegueiro cultivados em Viçosa-MG

GRUPO	CLONES
I	C3; C4; C5; C9; C12; C13; C14; C15; C18; C19; C21
II	C1; C2; C6; C7; C8; C17; C20
III	C11; C22
IV	C10
V	C16

Os coeficientes de correlação genética entre os caracteres biométricos dos frutos são apresentados na Tabela 8.

Tabela 8. Coeficientes de correlação genética entre as variáveis época de colheita (EC), massa do fruto (MF), diâmetro médio do fruto (DMF), comprimento do fruto (CF), firmeza da polpa (FP), teor de sólidos solúveis (TSS), acidez titulável (AT), relação TSS/AT, percentual de vermelho na cobertura da epiderme (VER), coordenadas de cor CIE (L*a*b*C*h°), proeminência do ápice (PD) e proeminência da região sutural (PS) em frutos de 22 clones de pessegueiro cultivados em Viçosa-MG

	MF	DMF	CF	FP	TSS	AT	TSS/AT	VER	L*	a*	b*	C*	h°	PD	PS
EC	0,2731	0,3228	0,1460	0,2027	0,0305	-0,3970	0,3034	-0,3522	0,1647	-0,2647	0,1952	0,1232	0,2639	-0,1860	0,1372
MF		0,9870	0,8550	0,2200	-0,2611	-0,0275	-0,1387	-0,1494	0,0789	-0,0772	0,0339	0,0048	0,1617	-0,0747	0,1242
DMF			0,8398	0,2534	-0,2365	-0,0648	-0,1045	-0,2225	0,1485	-0,1227	0,0957	0,0670	0,2222	-0,0911	0,1534
CF				0,1264	-0,2699	-0,0095	-0,1731	-0,1940	0,1511	-0,1191	0,1777	0,1663	0,1989	0,3824	0,3058
FP					0,3797	-0,4435	0,5285	-0,4169	0,2903	-0,2524	0,2066	0,1561	0,3605	-0,1849	0,2281
TSS						-0,5289	0,7265	-0,3672	0,4609	-0,3580	0,3329	0,3317	0,4224	-0,0321	-0,2960
A							-0,8953	0,3910	-0,3815	0,3939	-0,2732	-0,2221	-0,4016	0,1128	0,1467
TSS/AT								-0,3557	0,3761	-0,2859	0,2515	0,2284	0,3439	-0,1353	-0,2512
VER									-0,9313	0,8797	-0,9192	-0,8669	-0,9648	-0,1309	-0,1039
L*										-0,8801	0,9633	0,9488	0,9590	0,1914	0,0383
a*											-0,8655	-0,8008	-0,9363	-0,1318	-0,0977
b*												0,9888	0,9276	0,2970	0,1330
C*													0,8764	0,3277	0,1352
h°														0,1104	0,0371
PD															0,4586

A variável massa de fruto apresenta correlação genética de magnitude muito alta com diâmetro médio de fruto (0,9870) e comprimento de fruto (0,8550).

O percentual de vermelho na cobertura da epiderme apresentou correlação genética de alta magnitude com a coordenada colorimétrica a^* (0,8797) e elevada correlação negativa com L^* (-0,9313), b^* (-0,9192), C^* (-0,8669) e h° (-0,9648).

A correlação positiva entre o percentual de vermelho na cobertura da epiderme com a^* é explicada pelo fato de a leitura ter sido feita sobre a área do fruto com coloração vermelha (quando presente). Valores positivos de a^* representam tons de vermelho, enquanto valores negativos representam tons de verde (McGUIRE, 1992). Assim sendo, frutos que apresentam alguma porção da epiderme, mesmo que pequena, com coloração vermelha apresentaram valores positivos para a^* . Valores positivos da coordenada b^* representa tons de amarelo enquanto valores negativos representam tons de azul (McGUIRE, 1992). Frutos, mesmo com coloração de fundo amarela, apresentam, comparativamente, menores valores de b^* quando a leitura é realizada sobre região com pigmentação vermelha.

Nos genótipos avaliados, aqueles com maior área de vermelho apresentaram também tons mais escuros da cor, expressos por menores valores de L^* .

A variável época de colheita, que representa o número de dias após a primeira coleta de frutos maduros na planta mais precoce, apresenta correlação genética de baixa magnitude com diâmetro médio de frutos (0,3228) e com a relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável (0,3034) e correlação negativa com acidez (-0,3970) e percentual de vermelho na cobertura da epiderme (-0,3522). Quanto maior o período de desenvolvimento dos frutos do clone avaliado, os mesmos apresentaram ganhos em diâmetros e redução em acidez, conseqüentemente maior relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável, uma vez que não foi observada correlação genética entre época de colheita e teor de sólidos solúveis. Entre os clones avaliados, os mais precoces apresentaram pequena tendência em terem maior percentual de vermelho na cobertura da epiderme, dado o coeficiente de correlação negativo de baixa magnitude

entre as variáveis época de colheita e percentual de vermelho na cobertura da epiderme.

Genótipos com frutos que apresentaram maior teor de sólidos solúveis, em geral, apresentaram menor acidez ($r_g=-0,5289$), menor percentual de vermelho na cobertura da epiderme ($r_g=-0,3672$) e menor coordenada a^* (vermelho) ($-0,4652$).

As variáveis proeminência do ápice do fruto e proeminência da região sutural do fruto apresentam correlação genética de magnitude moderadamente baixa entre si ($0,4586$), indicando que parte dos valores fenotípicos observados pode ocorrer pela ação de genes comuns.

Embora os genótipos possam ser selecionados por diversos critérios, indivíduos mais precoces, com bom tamanho de frutos, epiderme colorida, polpa firme e elevada relação entre o teor de sólidos solúveis totais e acidez são os mais desejados. Para a variável firmeza de frutos todos os genótipos avaliados apresentaram valores genotípicos relativamente altos, variando de 33,77 a 55,85 N (Tabela 9), que proporcionam resistência ao transporte e manuseio do produtor ao consumidor final. Albuquerque et al. (2000), avaliaram nove dos treze genótipos utilizados como genitores ou progenitores dos clones avaliados neste trabalho e obtiveram valores de pressão de ruptura dos tecidos variando de 707,19 a 2287,02 Kilopascal, sendo o maior menor valor obtido no cultivar Colibri e o maior em Alô-Doçura. Os valores obtidos pelos autores corresponde à valores de pressão de 34,87 a 112,78 considerando a utilização de ponteira de 8 mm conforme a metodologia empregada neste trabalho.

Os genótipos avaliados apresentaram firmeza semelhantes aos frutos dos principais cultivares utilizados atualmente na região sudeste do Brasil, como Aurora 1 (34,6 N), Dourado 2 (37,9 N) e Douradão (41,68 N) (BRON; JACOMINO; APPEZZATO-DA-GLÓRIA, 2002; SANTOS et al., 2008).

Tabela 9. Valores genotípicos e seus intervalos de confiança (95%) para as variáveis época de colheita (EC), massa de fruto (MF), firmeza da polpa (FP), relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável (TSS/AT) e percentual de vermelho na cobertura da epiderme (VER) nos 22 clones (CLON) de pessegueiro cultivados em Viçosa-MG

ORDEM	EC (dias após 1ª colheita)			MF (g)			FP (N)			TSS/AT			VER (%)		
	CLON	VG	IC*	CLON	VG	IC	CLON	VG	IC	CLON	VG	IC	CLON	VG	IC
1	C16	36,02	31,28 - 40,76	C16	106,16	96,29 - 116,03	C11	55,85	49,63 - 62,07	C10	82,89	72,07 - 93,72	C17	38,06	26,94 - 49,18
2	C21	26,98	21,93 - 32,03	C9	92,21	80,24 - 104,17	C10	55,10	47,41 - 62,78	C11	71,91	61,95 - 81,88	C1	34,18	23,04 - 45,31
3	C12	20,85	16,27 - 25,43	C18	91,02	81,30 - 100,74	C9	52,28	43,85 - 60,71	C12	58,14	48,17 - 68,10	C7	31,61	20,49 - 42,73
4	C11	19,22	14,64 - 23,80	C13	90,73	77,41 - 104,04	C18	51,56	44,77 - 58,35	C22	55,37	44,58 - 66,15	C8	29,52	18,40 - 40,64
5	C6	15,37	10,63 - 20,12	C1	85,67	75,93 - 95,41	C15	51,20	43,58 - 58,81	C8	54,29	44,04 - 64,54	C20	20,17	9,96 - 30,39
6	C10	14,18	9,12 - 19,24	C14	85,38	74,17 - 96,58	C8	50,56	43,78 - 57,33	C13	51,76	39,54 - 63,97	C6	19,05	7,90 - 30,20
7	C18	13,02	8,28 - 17,76	C4	82,40	73,33 - 91,46	C3	49,97	43,75 - 56,19	C21	45,67	34,89 - 56,46	C2	17,12	7,52 - 26,71
8	C15	12,93	7,88 - 17,98	C3	77,99	68,93 - 87,06	C13	48,23	39,13 - 57,34	C9	37,14	25,78 - 48,51	C16	17,00	5,88 - 28,12
9	C3	12,22	7,65 - 16,80	C21	73,16	61,63 - 84,69	C1	45,63	38,82 - 52,44	C16	35,15	24,90 - 45,40	C19	16,87	4,28 - 29,46
10	C14	11,67	6,59 - 16,75	C15	71,93	61,12 - 82,74	C5	45,31	39,09 - 51,53	C3	29,63	19,66 - 39,60	C4	12,64	2,43 - 22,86
11	C9	11,10	5,92 - 16,27	C20	70,11	61,05 - 79,18	C4	45,11	38,89 - 51,33	C18	23,22	12,96 - 33,47	C10	8,11	-4,51 - 20,73
12	C2	9,69	5,22 - 14,16	C17	69,28	59,58 - 78,98	C16	44,68	37,91 - 51,46	C17	22,57	12,33 - 32,82	C18	5,25	-5,88 - 16,38
13	C13	8,39	2,54 - 14,25	C22	69,16	58,35 - 79,97	C12	44,36	38,14 - 50,58	C19	18,95	8,17 - 29,73	C13	4,21	-11,31 - 19,72
14	C5	8,07	3,49 - 12,64	C6	66,58	56,82 - 76,35	C21	43,79	36,17 - 51,41	C6	16,63	6,36 - 26,91	C9	3,93	-9,27 - 17,13
15	C7	7,84	3,10 - 12,59	C19	66,30	55,49 - 77,11	C14	43,40	35,47 - 51,33	C2	16,50	6,71 - 26,29	C14	2,77	-10,27 - 15,81
16	C17	5,16	0,42 - 9,90	C10	65,92	55,04 - 76,81	C19	42,75	35,13 - 50,37	C14	16,46	5,49 - 27,43	C15	2,54	-10,05 - 15,13
17	C1	3,77	-0,98 - 8,51	C5	61,51	52,45 - 70,58	C6	42,47	35,63 - 49,30	C4	15,73	5,76 - 25,69	C21	2,54	-10,05 - 15,13
18	C19	1,38	-3,67 - 6,43	C8	60,97	51,27 - 70,67	C22	40,49	32,87 - 48,11	C7	15,03	4,78 - 25,28	C22	2,54	-10,05 - 15,13
19	C22	1,38	-3,67 - 6,43	C2	60,48	51,84 - 69,13	C20	40,40	34,18 - 46,62	C15	15,02	4,24 - 25,81	C3	1,42	-8,79 - 11,64
20	C8	1,27	-3,47 - 6,01	C11	59,07	50,01 - 68,14	C7	40,02	33,24 - 46,79	C20	14,63	4,67 - 24,60	C11	1,42	-8,79 - 11,64
21	C20	1,22	-3,36 - 5,79	C12	56,57	47,50 - 65,63	C17	39,44	32,67 - 46,22	C5	14,12	4,15 - 24,08	C12	1,42	-8,79 - 11,64
22	C4	1,22	-3,36 - 5,79	C7	50,72	41,02 - 60,42	C2	33,77	27,94 - 39,59	C1	11,37	1,11 - 21,63	C5	1,42	-8,79 - 11,64
Média Geral		11,04			73,33			45,74			32,83			12,44	

* intervalo de confiança

Os clones avaliados apresentaram período de maturação dos frutos entre 1 de novembro a 11 de dezembro de 2012, classificados como de maturação mediana, segundo BARBOSA et al. (1990). Genótipos mais precoces, com produção a partir dos meses de agosto e setembro são desejáveis para a obtenção de melhores preços no mercado. Mesmo não sendo o ideal, os clones mais precoces devem ser selecionados e a aplicação de técnicas para a quebra de dormência antecipada pode ser testada como o intuito de antecipar a colheita.

Embora o preço de pêssegos seja menor na época de maior oferta (pico de produção na região sul), o cultivo de genótipos destinados a atender mercados locais distantes dos centros fornecedores podem garantir bom retorno econômico mesmo nessa época. O valor pago a pêssegos vindos de áreas distantes é encarecido pelo valor de frete o que dá ao produtor local maior competitividade em relação ao produtor de áreas distantes, com possibilidade de maior margem de lucro.

Os valores genotípicos para as variáveis época de colheita, massa de fruto, relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável e percentual de vermelho na cobertura da epiderme e seus respectivos intervalos de confiança a 95% de probabilidade são apresentados na Tabela 9.

Como foi mencionado anteriormente, os clones avaliados apresentaram firmeza de polpa adequada e pouca variabilidade foi observada para esta característica. O clone C11 apresentou maior firmeza (55,85 N). Este genótipo não diferiu estatisticamente de outros 15 genótipos, quando feita a sobreposição dos intervalos de confiança (95% de confiança).

Os genótipos mais precoces foram os clones C4 e C20 que por sua vez foram estatisticamente semelhantes a outros oito clones (C8, C22, C19, C1, C17, C7, C5, C13, C2, C9, e C14).

Para a variável massa do fruto, o clone C16 foi o que apresentou maior valor genotípico predito. Este genótipo foi o mais tardio entre os avaliados. Outros três clones (C9, C18 e C13) apresentaram valores genotípicos preditos para massa de fruto semelhante aos obtidos em C16.

Dois genótipos se destacaram por apresentar polpa com elevada relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável, sendo eles os clones C10 e C11. Os frutos do clone C10 são de polpa branca com valores genotípicos

para teor de sólidos solúveis igual a 12,83°BRIX e baixa acidez (0,17 g ácido málico/100g de polpa) enquanto C11 é de polpa amarela com teor de sólidos solúveis de 14,54° BRIX (o maior entre os genótipos avaliados) e acidez de 0,22 g ácido málico/100g de polpa. Tanto C10 quanto C11 são da primeira geração de autofecundação (S₁) a partir do cruzamento entre os cultivares Real e Premier. Segundo Raseira e Nakasu (1998) o cultivar Premier apresenta teores de sólidos solúveis entre 9 - 11° BRIX e firmeza não muito adequada, sendo sensível a danos mecânicos. O Cultivar Real é classificado como doce-acidulado (OJIMA et al., 1983).

Os genótipos avaliados apresentaram deficiência para a característica percentual de vermelho na cobertura da epiderme. O genótipo com maior valor genotípico predito foi o clone C17, com valor genotípico predito de 38,06%. Os outros genótipos com sobreposição de valores de intervalo de confiança com o clone C17 foram os clones C1, C7, C8, C20 e C6.

Nenhum dos clones apresentou superioridade em todas as características avaliadas, entretanto alguns deles se destacaram muito em uma ou poucas características. Genótipos como C10, com elevada relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável e C9, com frutos de maior massa apresentaram baixa produção de frutos por planta.

O genótipo C13 apresenta valores genotípicos altos para massa de fruto, relação teor de sólidos solúveis/acidez titulável e está entre os mais precoces entre os avaliados. No entanto, apresenta epiderme amarela sem pigmentação vermelha, considerada pouco atraente para o consumo *in natura*, e produção de frutos por planta inferior à média.

Dos clones com maior percentual de vermelho na cobertura da epiderme, o clone C8 se destaca por apresentar alta relação teor sólidos solúveis/acidez titulável e produção, além de ter época de colheita mais precoce.

Características de herança poligênica são muito afetadas pelas alterações no ambiente em função de local e anos. Caracteres como produção em plantas perenes sofrem flutuações de ano para ano. Excessos de produção de uma safra podem causar redução em produção na safra seguinte. Em pessegueiros é usual a execução de prática de raleio de frutos com a finalidade de promover o aumento do tamanho dos frutos

remanescentes e estabilizar a produção na safra seguinte, evitando a alternância de produção. Por último, é importante destacar que para a seleção de clones com maior confiabilidade, é recomendado fazer a avaliação dos genótipos em mais anos e locais, sendo estes os passos a serem tomados para a recomendação de genótipos como novos cultivares.

4.4. CONCLUSÕES

Existe considerável variabilidade genética entre os clones avaliados, especialmente para as características dos frutos.

O clone C4 foi o mais produtivo entre os clones avaliados.

Não houve um clone que fosse superior em todas as características desejáveis, mas houve clones excelentes para algumas características específicas.

O clone C8 apresenta maior possibilidade de ser utilizado com sucesso como nova cultivar de polpa branca para consumo *in natura* para ser cultivados em regiões com clima semelhante ao de Viçosa-MG

O número de nós em ramos mistos apresenta correlação genética de magnitude muito alta com produção.

4.5. REFÊRENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, A. S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SALOMÃO, L. C. C. Avaliação de cultivares de pêssego e nectarinas em Araponga, Minas Gerais. **Revista Ceres**, v. 47, n. 272, p. 401-410, 2000.

AOAC - Association of Official Analytical Chemists. **Official methods of Analysis of the AOAC**. v.2. HELRICH, K. C. (Ed.). Arlington: Association of Official Analytical Chemists Inc., 1990, 1298 p.

ATROCH, A. L.; RESENDE, M. D. V.; NASCIMENTO FILHO, F. J. Seleção clonal em guaranazeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revista de Ciências Agrárias**, n. 41, p. 193-201, 2004.

BARBOSA, W.; OJIMA, M.; DALL'ORTO, F. A. C.; MARTINS, F. P. Época de ciclo de maturação de pêssegos e nectarinas no estado de São Paulo. **Bragantia**, v.48, n.2, p. 221-226, 1990.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6.ed. Viçosa :Ed. UFV, 2013. 523p.

BRON, I. U.; JACOMINO, A. P.; APPEZZATO-DA-GLORIA, B. Alterações anatômicas e físico-químicas associadas ao armazenamento refrigerado de pêssegos 'Aurora-1' e 'Dourado-2'. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.10, p. 1349-1358, 2002.

CANTILLANO, R. F. F.; SACHS, S. Colheita, classificação, embalagem e armazenagem. EMBRAPA/ Centro Nacional de Pesquisa em Fruteiras de Clima Temperado. **A cultura do pessegueiro**. Pelotas: EMBRAPA/CNPFT, 1984. p.113-119.

DALL'ORTO, F. A. C.; BARBOSA, W.; OJIMA, M.; GRIDI-PAPP, I. L.; CAMARGO, C. E. O.; CHIAVEGATO, E. J.; NAGAI, H.; GODOY, I. J.; FAZUOLI, L. C.; VEIGA, R. F. A. **Descritores mínimos para o registro institucional de cultivares: frutíferas prunóideas**. Instituto agrônomo de Campinas: Instituto agrônomo, 1994. 10p. (Documentos IAC, 43).

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, L. C.; ÁLVARES, V. S.; MACIEL, V. T.; LIMA, A. C. Seleção de clones experimentais de cupuaçu para características agroindustriais via modelos mistos. **Revista agro@ambiente**, v.5, n.1, p. 35-43, 2011.

McGUIRE, R. G. Reporting of objective color measurements. **HortScience**, v.27, n.12, p.1254-1260, 1992.

MENCK, A. L. M.; ODA, S.; LOBOSQUE JÚNIOR, O.; KAGEYAMA, P. Y. Teste clonal a partir de árvores selecionadas em teste de progênie de

Eucalyptus saligna: resultados preliminares. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, v. 40, p. 27-31, 1988.

MITCHAM, B.; CANTWELL, M.; KADER, A. Methods for determining quality of fresh commodities. **Perishables Handling Newsletter**, v. 85, p. 1-6, 1996.

OJIMA, M.; DALL'ORTO, F. A. C.; RIGITANO, O.; TOMBOLATO, A. F. C.; BARBOSA, W. Melhoramento da nectarina em São Paulo. I. Cruzamento de 1970: seleção nas gerações F₁ e F₂. **Bragantia**, v.42, n.1, p. 1-14, 1983.

RASEIRA, M. C. B., NAKASU, B. H. Pessegueiro. In: BRUCKNER, C. H. (Ed.) **Melhoramento de Fruteiras de Clima Temperado**. Editora UFV, 2002. p. 89-126.

RASEIRA, M. C. B.; NAKASU, B. H. Cultivares: descrição e recomendação. In: MEDEIROS, C. A. B.; RASEIRA, M. C. B. (Ed.) **A cultura do pessegueiro**. Brasília: Embrapa, 1998. p. 29-99.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

ROCHA, M. S.; JOÃOBIANCHI, V.; FACHINELLO, J. C.; SCHMITZ, J. D.; PASA, M. S.; SILVA, J. B. Comportamento agrônômico inicial da cv. Chimarrita enxertada em cinco porta-enxertos de pessegueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 29, n. 3, p. 583-588, 2007.

RODRIGUES, A. C.; FACHINELLO, J. C.; SILVA, J. B.; FORTES, G. R. L.; STRELOW, E. Compatibilidade entre diferentes combinações de cvs. Copas e porta-enxertos de *Prunus* sp. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.10, n.2, p.185-189, 2004.

SANTOS, C.; CASTRO, J. V.; PICOLI, A. A.; ROLIM, G. S. Uso de quitosana e embalagem plástica na conservação pós-colheita de pêsegos 'Douradão'. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.30, n.1, p. 88-93, 2008.

SCORZA, R.; SHERMAN, W. B. Peaches. In: JANICK, J.; MOORE, J. N. (eds.). **Fruit Breeding: tree and tropical fruits**. New York: John Wiley & Sons, Inc., v. 01, 1996. p. 325-340.

SOUZA, V. A. B.; BYRNE, D. H.; TAYLOR, J. F. Heritability, genetic and phenotypic correlations, and predicted selection response of quantitative traits in peach I. An analysis of several reproductive traits. **Journal of the American Society for Horticulture Science**, v.123, p.598-603, 1998.

TOPP, B. L.; SHERMAN, W. B. Breeding strategies for developing temperate fruits for the subtropics, with particular reference to *Prunus*. **Acta Horticulturae**, v. 522, p.235-240, 2000.

WAGNER JÚNIOR, A.; BRUCKNER, C. H.; SILVA, J. O. C.; DOS SANTOS, C. E. M.; PIMENTEL, L. D.; MAZARO, S. M. Adaptação de genótipos de pessegueiro F₂ para condições de baixo acúmulo de frio hibernal. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 815-822, 2010.

WAGNER JÚNIOR, A.; BRUCKNER, C. H.; SALOMÃO, L. C. C.; PIMENTEL, L. D.; SILVA, J. O. C.; DOS SANTOS, C. E. M. Seleção de genótipos de pessegueiro F₁ com baixa necessidade de frio hibernal. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 31, n. 4, p. 1122-1128, 2009.

4.6. CONCLUSÕES GERAIS

Pela utilização dos modelos mistos (REML/BLUP) foi observada variabilidade genética entre populações, famílias e indivíduos de pessegueiro no germoplasma avaliado.

A correlação genética entre diâmetro de tronco e altura de planta é de magnitude muito alta. A correlação entre densidade de nós com altura e diâmetro do tronco é negativa e sua magnitude é moderadamente alta - favorável ao melhoramento visando obtenção de plantas produtivas e de baixo vigor.

A avaliação de seis frutos por planta em populações S_2 de pessegueiros proporcionou coeficiente de determinação acima de 80% para o valor fenotípico permanente dos genótipos para as variáveis comprimento, diâmetro, relação comprimento/diâmetro, percentual de vermelho na epiderme e proeminência da região apical do fruto.

Na avaliação genética de clones de pessegueiro via modelos mistos não houve genótipo superior em todas as características desejáveis, mas houve genótipos excelentes para algumas características específicas.