



JULLYANNA NAIR DE CARVALHO

**SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE UVA SEM SEMENTE PARA
MÚLTIPLAS CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS,
RESISTÊNCIA AO CANCRO BACTERIANO E AO MÍLDIO**

**LAVRAS - MG
2022**

JULLYANNA NAIR DE CARVALHO

**SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE UVA SEM SEMENTE PARA MÚLTIPLAS
CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS, RESISTÊNCIA AO CANCRO
BACTERIANO E AO MÍLDIO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/ Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

Prof. Dr. Rafael Pio
Orientador

Dra. Patrícia Coelho de Souza Leão
Coorientadora

Dra. Maria Angélica Guimarães Barbosa
Coorientadora

**LAVRAS – MG
2022**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Carvalho, Jullyanna Nair de.

Seleção de híbridos de uva sem semente para múltiplas características agronômicas, resistência ao cancro bacteriano e ao míldio / Jullyanna Nair de Carvalho. - 2022.

165 p. : il.

Orientador(a): Rafael Pio.

Coorientador(a): Patrícia Coelho de Souza Leão, Maria
Angélica Guimarães Barbosa.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2022.
Bibliografia.

1. Melhoramento da videira. 2. Apirenia. 3. Resistência a
doenças. I. Pio, Rafael. II. Leão, Patrícia Coelho de Souza. III.
Barbosa, Maria Angélica Guimarães. IV. Título.

JULLYANNA NAIR DE CARVALHO

**SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE UVA SEM SEMENTE PARA MÚLTIPLAS
CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS, RESISTÊNCIA AO CANCRO
BACTERIANO E AO MÍLDIO**

**SELECTION OF SEEDLESS GRAPE HYBRIDS FOR AGRONOMIC MULTI-
TRAITS, RESISTANCE TO BACTERIAL CANKER AND DOWNY MILDEW**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/ Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 14 de junho de 2022.

Dr. Rafael Pio	UFLA
Dra. Maria Angélica Guimarães Barbosa	EMBRAPA
Dra. Francine Hiromi Ishikawa	UNIVASF
Dra. Patrícia Coelho de Souza Leão	EMBRAPA
Dra. Leila Aparecida Salles Pio	UFLA
Dr. Antônio Decarlos Neto	UFLA


Prof. Dr. Rafael Pio
Orientador


Dra. Patrícia Coelho de Souza Leão
Coorientadora


Dra. Maria Angélica Guimarães Barbosa
Coorientadora

**LAVRAS – MG
2022**

*Aos meus pais, Sebastião e Marcia,
ao meu avô João, às minhas irmãs Mariana e Pollyanna, ao meu
filho Gabriel e ao meu noivo Daniel, com amor.*

Dedico

*A Deus,
Ofereço*

AGRADECIMENTOS

Agradeço a DEUS, à Santa Terezinha e a todos os santos e anjos por me iluminar e oferecer força em todas as horas.

A minha mãe, Marcia, e ao meu pai, Sebastião, pelo exemplo de vida, fé, determinação e coragem, obrigada por sempre acreditarem e confiarem em mim.

Ao meu avô João, às minhas irmãs Mariana e Pollyanna, ao meu filho Gabriel e ao meu noivo Daniel pelas orações, ensinamentos, pela constante torcida, pela paciência e pelo apoio em todos os momentos.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), pela oportunidade de realizar a pós-graduação.

Ao Prof. Samuel Pereira de Carvalho, pela breve orientação.

Ao meu orientador, Dr. Rafael Pio, pela confiança, orientação e contribuições.

À Embrapa Semiárido, pela parceria estabelecida com a UFLA e oportunidade de desenvolver este trabalho vinculado ao projeto “Desenvolvimento de novas cultivares para a competitividade e sustentabilidade da vitivinicultura brasileira”, nas instalações da instituição.

Às minhas coorientadoras, Dra. Patrícia Coelho de Souza Leão e Dra. Maria Angélica Guimarães Barbosa, pelos ensinamentos, orientação, confiança e contribuições oferecidas a este trabalho.

Aos funcionários da Embrapa Semiárido, em especial ao Cícero Barbosa, ao Cícero Costa e ao Francisco.

À Banca examinadora.

Aos colegas da Fitotecnia.

A todos que, direta ou indiretamente, fizeram parte da minha caminhada até aqui.

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

Muito obrigada!

SUMÁRIO

PRIMEIRA PARTE	09
1 INTRODUÇÃO.....	10
2 REFERENCIAL TEÓRICO	12
2.1 Cultivo da videira.....	12
2.1.1 Aspectos botânicos	14
2.2 Importância socioeconômica da viticultura	16
2.2.1 A viticultura no Vale do Submédio São Francisco	18
2.3 Melhoramento genético da videira.....	21
2.3.1 Melhoramento da videira visando apirenia	28
2.4 Parâmetros genéticos.....	33
2.5 Modelos Lineares Mistos – REML/BLUP.....	37
2.6 Índice de seleção – FAI-BLUP	42
2.7 Doenças da videira	46
SEGUNDA PARTE – ARTIGOS*.....	76
ARTIGO 1 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE UVA DE MESA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO.....	77
ARTIGO 2 - SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA EM HÍBRIDOS DE UVA SEM SEMENTES PARA O SEMIÁRIDO BRASILEIRO.....	108
ARTIGO 3 - RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS DE VIDEIRA AO CANCRO BACTERIANO	129
ARTIGO 4 - REAÇÃO DE HÍBRIDOS DE UVA SEM SEMENTE AO MÍLDIO DA VIDEIRA	148
APÊNDICES	162

RESUMO

O melhoramento genético de videira busca o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições ambientais de regiões específicas, que apresentem alta produtividade, resistência a doenças e qualidade adequada às exigências do mercado. Neste sentido, os objetivos do presente estudo foram selecionar híbridos superiores de uva de mesa sem semente para múltiplas características agronômicas, resistência ao cancro bacteriano (*Xanthomonas campestris* pv. *viticola*) e ao míldio (*Plasmopara viticola*). A estrutura da tese está dividida em quatro artigos. No primeiro artigo, foram avaliados duzentos híbridos de uvas de mesa durante seis safras para doze variáveis quantitativas morfo agronômicas. A metodologia de modelo misto (REML/BLUP) foi utilizada para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos. A seleção genotípica individual permite altos ganhos genéticos para características do cacho e da baga e ganhos satisfatórios para características de qualidade. Além disso, foram identificados três genótipos ('BRS Tainá', CPATSA 05.168 e CPATSA 79.100) superiores, simultaneamente, para oito características, sendo um deles ('BRS Tainá') classificado como apirênico. No segundo artigo, foram avaliados cento e dez genótipos de uva sem sementes em relação à múltiplas características de interesse agrônomo. A metodologia de modelos mistos foi utilizada para prever os valores genéticos e o índice FAI-BLUP para a seleção de genótipos superiores. O índice FAI-BLUP permitiu a seleção de dez híbridos de uva de mesa sem sementes superiores e pode ser utilizado no melhoramento genético de videira. No terceiro artigo, dois experimentos foram realizados, um em condições de campo, onde foram avaliados 569 híbridos quanto aos sintomas do cancro bacteriano e selecionados utilizando metodologia de modelo misto (REML/BLUP); e outro, conduzido em casa de vegetação, onde foram avaliados dez híbridos de uva sem semente em relação à resistência ao cancro bacteriano da videira, utilizando parâmetros epidemiológicos. Foram selecionados quarenta híbridos de uva com menores valores genotípicos visando resistência ao cancro bacteriano. Os híbridos CPATSA 49.25 e CPATSA 49.86 apresentaram maior resistência ao cancro bacteriano em todos os parâmetros epidemiológicos avaliados, em condições de casa de vegetação. No quarto artigo, foram avaliados 15 híbridos de uva sem semente e a cultivar 'Thompson Seedless' (padrão de suscetibilidade) em relação à resistência ao míldio, em condições de casa de vegetação, por meio de infecção natural e infecção artificial. O híbrido CAPTSA 28.14 apresentou maior resistência ao míldio da videira, tanto sob infecção natural quanto sob infecção artificial.

Palavras-chave: *Vitis* spp. Melhoramento genético. Apirenia. Resistência. *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. *Plasmopara viticola*.

ABSTRACT

The genetic breeding of grapevines seeks to develop cultivars adapted to the environmental conditions of specific regions, which have high yield, resistance to diseases and quality adequate to market requirements. The objectives of the present study were to select superior seedless table grape hybrids for multiple agronomic traits, resistance to bacterial canker (*Xanthomonas campestris* pv. *viticola*) and downy mildew (*Plasmopara viticola*). The thesis structure is divided into four papers. In the first paper, two hundred hybrids of table grapes were evaluated during six harvests for twelve quantitative morphoagronomic traits. The mixed model methodology (REML/BLUP) was used to estimate variance components and predict breeding values. Individual genotypic selection allows high genetic gains for bunch and berry traits and satisfactory gains for quality traits. In addition, three superior genotypes ('BRS Tainá', CPATSA 05.168 and CPATSA 79.100) were simultaneously identified for eight traits, one of them ('BRS Tainá') classified as seedless. In the second paper, one hundred and ten seedless grape genotypes were evaluated in relation to multiple traits of agronomic interest. The mixed models methodology was used to predict the breeding values and the FAI-BLUP index for the selection of superior genotypes. The FAI-BLUP index allowed the selection of ten superior seedless table grape hybrids and can be used in grapevine genetic breeding. In the third paper, two experiments were carried out, one under field conditions, where 569 hybrids were evaluated for symptoms of bacterial canker and selected using mixed model methodology (REML/BLUP); and another, conducted in a greenhouse, where ten seedless grape hybrids were evaluated in relation to resistance to bacterial canker of the vine, using epidemiological parameters. Forty grape hybrids with lower breeding values were selected for resistance to bacterial canker. The hybrids CPATSA 49.25 and CPATSA 49.86 showed greater resistance to bacterial canker in all epidemiological parameters evaluated, under greenhouse conditions. In the fourth paper, 15 seedless grape hybrids and the cultivar 'Thompson Seedless' (susceptibility pattern) were evaluated in relation to resistance to downy mildew, under greenhouse conditions, through natural infection and artificial infection. The hybrid CAPTSA 28.14 showed greater resistance to downy mildew on grapevine, both under natural and artificial infection.

Keywords: *Vitis* spp. Genetic breeding. Apyrenia. Resistance. *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. *Plasmopara viticola*.

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO

A videira (*Vitis* spp.) é uma das frutíferas economicamente e culturalmente mais importantes no mundo, apresenta distribuição cosmopolita e se fez presente em importantes marcos históricos da humanidade. A videira pertence à família Vitaceae (latim *viere* que significa fixar), e *Vitis vinifera* é a espécie de maior importância econômica, diversidade morfológica e genética, constituindo a base da vitivinicultura mundial (MA *et al.*, 2021). Os principais países produtores de uvas do mundo, em 2020, tanto em área cultivada quanto em volume produzido foram China, Itália, Espanha, França, Estados Unidos e Turquia (FAOSTAT, 2022).

No Brasil, a uva é a terceira fruta mais produzida e possui grande participação no agronegócio brasileiro. O Brasil destaca-se por ser o 15º maior produtor mundial de uva, contribuindo com aproximadamente 1,7 milhões de toneladas, em uma área de 7,5 milhões de hectares, sendo a 21ª maior área vitícola do mundo. A produtividade média é aproximadamente 23 t/ha (FAOSTAT, 2022). Mais de 50% da produção é comercializada *in natura* e o restante, destinada ao processamento (IBGE, 2022).

O Vale do Submédio São Francisco é a principal região produtora de uvas de mesa no Brasil. Destaca-se no cenário nacional, não apenas pela expansão da área cultivada e pelo volume de produção, mas principalmente pelos elevados rendimentos alcançados, em torno de 39 t/ha por ano, 73% superiores à média nacional (IBGE, 2022), e qualidade da uva produzida. A uva é uma das principais frutas da pauta de exportação desta região, a qual representa em torno de 98% do volume total das exportações de uva do país (IBGE, 2022).

A introdução e adaptação de novas cultivares mais competitivas no mercado global, buscando maior diversidade genética e aumento da oferta de tipos de uvas nos diferentes mercados são uma importante estratégia adotada na última década pelo setor produtivo (LEÃO *et al.*, 2018). Entretanto, a região enfrenta sérios problemas com o cancro bacteriano, de incidência expressiva e responsável por danos severos, sendo considerada uma das mais importantes bacterioses da videira na região nordeste (GAMA *et al.*, 2018); e também com o míldio da videira, principal doença da viticultura nacional, ocorre em todas as fases do cultivo e pode causar perdas de até 100% na produção (ANGELOTTI *et al.*, 2017).

Nesse contexto, os programas de melhoramento genético de videira trabalham para o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições ambientais de regiões específicas, e devem apresentar alta produtividade, resistência a doenças e qualidade adequada às exigências do mercado. Na seleção de genótipos superiores, as estimativas de parâmetros genéticos são

fundamentais para compreender a ação dos genes envolvidos no controle de determinada característica, sendo caracterizada como uma importante ferramenta para melhoristas por permitirem prever o ganho genético com a seleção (VIANA; RESENDE, 2014).

Dentre os métodos recomendados para a obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos, destaca-se a metodologia REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear não Viciada). Esse procedimento confere maior acurácia e precisão às estimativas, especialmente aquelas obtidas de ensaios desbalanceados, situação comum em espécies perenes e quando se dispõe de grande número de plantas (RESENDE, 2016).

Entretanto, existe uma dificuldade na seleção de genótipos superiores para múltiplas características pelo fato de os caracteres de importância agrônômica, em sua maioria, apresentarem baixa herdabilidade e correlação entre si (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Os índices de seleção são ferramentas que auxiliam o melhorista a realizar seleção simultânea de várias características de interesse, sendo o índice FAI-BLUP muito eficiente (ROCHA; MACHADO; CARNIERO, 2018).

Neste sentido, os objetivos do presente trabalho foram selecionar híbridos superiores de uva de mesa sem semente para múltiplas características agrônômicas, resistentes ao cancro bacteriano (*Xanthomonas campestris* pv. *viticola*) e ao míldio (*Plasmopara viticola*).

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Cultivo da videira

A videira (*Vitis* spp.) é a mais antiga planta cultivada ligada ao desenvolvimento cultural da humanidade e apresenta distribuição cosmopolita. Originalmente, a videira atraía o homem com seus saborosos frutos, frescos ou secos. Posteriormente, com o desenvolvimento da tecnologia de fermentação, foi iniciada a vinificação, datada do período Neolítico, cerca de 7.000 a 7.400 anos atrás, no norte do Iraque (FORNI, 2012). A importância das uvas foi retratada em uma infinidade de imagens históricas, moedas antigas, templos, cerâmica e esculturas.

Atualmente, a uva é uma das frutas de maior relevância econômica e amplamente cultivada no mundo. Além de utilizada na alimentação humana, *in natura* ou processada, apresenta propriedades farmacológicas, terapêuticas e cosméticas (MARTIN *et al.*, 2020). São fontes naturais de nutrientes e compostos bioativos, os quais trazem inúmeros benefícios à saúde (SALEHI *et al.*, 2019; XU *et al.*, 2017). É uma das frutas mais ricas em carboidratos; apresenta quantidades consideráveis de minerais como Manganês, Cálcio, Potássio, Fósforo e Cobre e de vitaminas como Vitaminas do complexo B, Vitamina C e Vitamina E; e constitui uma das maiores fontes de compostos fenólicos (flavonoides e não flavonoides) como antocianina, ácidos fenólicos e resveratrol (DE LORENZI *et al.*, 2015; PASINI *et al.*, 2019). No entanto, a qualidade e composição das bagas (casca, polpa e semente) varia conforme a cultivar, manejo e condições edafoclimáticas (MARTIN *et al.*, 2020).

A maioria das cultivares de uva pertence a espécie *Vitis vinifera*, com frutos formado por cachos de pequenas bagas redondas ou elípticas, que podem ou não apresentar sementes. Em todo o mundo existem cerca de 14.000 cultivares de videira, utilizadas principalmente para a produção de vinho (56%), para uvas de mesa (27%), dupla finalidade (7,3%) e uvas secas (0,7%), além de muitas outras cultivares usadas como porta enxertos para superar estresses bióticos e abióticos (MA *et al.*, 2021; SALEHI *et al.*, 2019; VINCENT *et al.*, 2019). O destino final da produção (mesa, vinho, suco ou passas) determina a escolha da cultivar copa. Já a escolha do porta enxerto é feita em função da compatibilidade com a cultivar copa e das características desejáveis da planta como vigor, adaptação as condições edafoclimáticas da região e resistência a pragas e doenças (MOTOIKES; BORÉM, 2019; SANTAROSA *et al.*, 2016).

A videira, como toda espécie de clima temperado, apresenta um ciclo vegetativo condicionado aos fatores climáticos, ou seja, o clima é o principal fator que influencia a fisiologia da videira (KISHIO; CARVALHO; ROBERTO, 2021). Dessa forma, a radiação solar, temperatura, umidade do ar, ventos e umidade do solo interferem no crescimento e desenvolvimento, na produção e na qualidade das uvas. A intensidade da radiação solar influi diretamente no teor de sólidos solúveis dos frutos, quanto maior a radiação incidente maior a concentração de açúcares nas uvas. As plantas se desenvolvem melhor em climas secos, com temperaturas entre 20° e 30°C. Regiões com temperaturas mais elevadas possibilitam duas safras por ano, já regiões com temperaturas mais amenas permitem apenas uma safra por ano. Em relação aos ventos, as parreiras são muito sensíveis a ventos fortes, fazendo-se, quase sempre, necessária a utilização de quebra ventos (LEÃO *et al.*, 2016; NUNES; LEITE; CASTRO, 2016).

O solo também tem grande influência sobre a qualidade das uvas. A videira adapta-se a diversos tipos de solo, exceto solos encharcados, compactados e rasos. No entanto, os solos mais indicados são de textura média e ricos em matéria orgânica (LEÃO *et al.*, 2016). O manejo da adubação da videira envolve adubação de plantio, para correção inicial do solo; de crescimento, que confere maior vigor a planta; e de produção, a qual visa a manutenção dos nutrientes do solo. Os nutrientes mais importantes para a cultura são nitrogênio, fósforo, potássio, magnésio, boro e zinco, além da matéria orgânica (MOTOIKES; BORÉM, 2019).

A produção de uvas também requer a realização de práticas culturais intensivas, que consistem, em sua maioria, de operações manuais. A execução correta dos diferentes tipos de poda e, no momento adequado, é de extrema importância na formação e manutenção dos parreirais e indispensável para o alcance de produtividades satisfatórias (KISHIO; CARVALHO; ROBERTO, 2021; LEÃO *et al.*, 2016; MOTOIKES; BORÉM, 2019).

A depender das condições de clima e solo de cada região, bem como da disponibilidade de recursos, pode-se empregar diferentes sistemas para a irrigação da videira. A maior parte das áreas vitícolas irrigadas nas regiões tropicais do Brasil, localiza-se em terrenos de topografia elevada e em solos de textura média a arenosa. Por isso, a irrigação é realizada, principalmente, empregando-se sistemas sob pressão, como a aspersão, a microaspersão e o gotejamento (KISHIO; CARVALHO; ROBERTO, 2021). Além do manejo da adubação, irrigação e poda, também devem ser realizados, o manejo de plantas daninhas e o manejo fitossanitário a fim de evitar perdas na produção e na qualidade da uva.

2.1.1 Aspectos botânicos

As diversas espécies de videira pertencem à família Vitaceae (latim *viere* que significa fixar). As espécies de Vitaceae são geralmente lianas, lenhosas ou herbáceas, raramente arbustos ou árvores; monóicas ou raro dióicas; gavinhas geralmente opostas às folhas, ramificadas ou não (representando inflorescência modificada); folhas alternas, simples ou compostas, estipuladas, pecioladas, lobadas ou não; inflorescência cimosa ou racemosa, em cimeira, panícula ou tirso, quase sempre opostas às folhas, axilares ou extra-axilares, ramos e pedicelos subtendidos por brácteas diminutas; flores pediceladas ou subsésseis, bissexuadas ou raro funcionalmente unissexuadas, actinomorfas, diclamídea; sépalas 4-5, unidas; pétalas 4-5, valvares, unidas pelo ápice em *Vitis* (formando caliptra) ou livres entre si, geralmente caducas na antese, ou raro persistentes no fruto; estames 4-5, opostos às pétalas, livres entre si, anteras bitecas; disco nectarífero ausente ou presente; ovário súpero, bilocular, ascendentes, placentação basal; fruto do tipo baga; sementes 1-4, embrião diminuto, endosperma abundante e comumente trilobado ou ruminado (GERRATH *et al.*, 2017; SOUZA; LORENZI, 2019; PICANÇO; LOMBARDI, 2020; WEN *et al.*, 2018a; WEN *et al.*, 2018b).

A família Vitaceae compreende aproximadamente 950 espécies e 16 gêneros (*Acareosperma*, “*Afrocayratia*”, *Ampelocissus*, *Ampelopsis*, *Causonis*, *Cayratia*, *Cissus*, *Clematicissus*, *Cyphostemma*, *Nekemias*, *Parthenocissus*, *Pseudocayratia*, *Rhoicissus*, *Tetrastigma*, *Vitis* e *Yua*) (MA *et al.*, 2021; WEN *et al.*, 2018). Os gêneros *Vitis*, principalmente, e *Cissus* se destacam pela relevância socioeconômica. *Vitis*, por concentrar as espécies cultivadas para produção de uvas para consumo *in natura*, vinhos, sucos e passas e *Cissus*, por possuir espécies de interesse medicinal e ornamental e espécies representativas da flora brasileira, com distribuição em todos os biomas (MA *et al.*, 2021; VINCENT *et al.*, 2019; WEN *et al.*, 2018b).

O gênero botânico *Vitis* abrange cerca de 70 espécies distribuídas geograficamente pelos continentes Asiático, Americano e Europeu (SALEHI *et al.*, 2019; Ma *et al.*, 2020). Ásia e América são considerados importantes centros de diversidade genética, com espécies adaptadas a diferentes condições ambientais. No continente europeu ocorre a espécie *Vitis vinifera*. Entre as espécies americanas, apresentam cultivares: *Vitis labrusca*, *Vitis bourquina*, *Vitis rotundifolia*, *Vitis riparia*, *Vitis berlandiere* e *Vitis aestivalis*. As espécies asiáticas não possuem cultivares comerciais (MA *et al.*, 2016; LIU *et al.*, 2016; WAN *et al.*, 2013)

As espécies de *Vitis* são plantas perenes, lianas, com caule sarmentoso, ramos com casca aderente ou que se desprende e gavinhas ramificadas ou não. As folhas são simples, alternas,

pecioladas, cordiformes, com cinco lóbulos, glabras na face adaxial e tomentosa na face abaxial. Flores hermafroditas, em espécies cultivadas, ou díclinas, em espécies silvestres; inflorescência do tipo racemo; corola com pétalas unidas distalmente formando caliptra; disco floral na forma de anel na base do ovário; prefloração valvar e gineceu bicarpelar e bilocular; pequenas e de coloração branca esverdeada. Fruto do tipo baga e estão reunidos em cachos. Sementes com tegumento liso; podem estar presentes, de uma a quatro por fruto, ou ausentes (WEN *et al.*, 2018a; WEN *et al.*, 2018b).

O gênero *Vitis* divide-se em dois subgêneros, *Euvitis* (*Vitis*) e *Muscadinia*, cujas as espécies estão agrupadas de acordo com a morfologia e a origem (WEN *et al.*, 2018b). *Muscadinia* ($2n = 40$ cromossomos) geralmente possui ramos com casca que não se desprende na maturidade, lenticelas proeminentes, medula do caule contínua com nós sem diafragma, madeira dura, gavinhas simples, pequenas inflorescências, bagas que se destacam à medida que amadurecem e sementes oblongas. Esse subgênero compreende três espécies, a saber, *Vitis rotundifolia*, *Vitis munsoniana* e *Vitis popenoei*, sendo a primeira a única espécie de importância comercial. Em contraste, *Euvitis* ($2n = 38$ cromossomos) apresenta casca longitudinalmente estriada e fibrosa que se desprende na maturidade, lenticelas imperceptíveis, medula do caule descontínua e interrompida nos nós por um diafragma, madeira secundária macia, gavinhas bifurcadas, inflorescências alongadas, bagas aderidas ao caule na maturidade e sementes piriforme. As espécies mais importantes desse subgênero são *Vitis vinifera* e *Vitis labrusca* (ARADHYA *et al.*, 2013; CHEN; MANCHESTER 2007; GERRATH *et al.*, 2017; MOORE; WEN, 2016; VINCENT *et al.*, 2019).

Vitis labrusca é a segunda espécie mais cultivada no mundo. As cultivares de uvas *Vitis labrusca* e híbridas interespecíficas são denominadas uvas americanas, também conhecidas como ‘uvas rústicas’ ou ‘uvas comuns’. Geralmente são plantas menos exigentes, mais rústicas e adaptáveis e de menor qualidade, possuem bagas maiores e casca mais fina. São utilizadas como variedade copa para o cultivo de uvas de mesa, passas, uvas destinadas ao processamento (suco ou vinho comum) e ainda como porta-enxerto, por ser fonte de resistência a diversos estresses bióticos e abióticos (McGOVERN, 2003).

Vitis vinifera é a espécie de maior importância econômica, diversidade morfológica e genética, constituindo a base da vitivinicultura mundial. Duas subespécies, *V. vinifera* L. subsp. *sylvestris* (Gmel.) Hegi, representada por populações silvestres, e *V. vinifera* L. subsp. *vinifera* (sativa) (DC.) Hegi, representada por variedades cultivadas obtidas a partir de indivíduos silvestres, por meio de um processo de domesticação, são consideradas coexistentes (ABIRI *et al.*, 2020; GRASSI; DE LORENZIS, 2021). Fenotipicamente, as duas subespécies diferem em

algumas características relacionadas à morfologia da flor, semente e folha, tamanho da baga e do cacho e teor de açúcar. Contudo, o traço mais distintivo entre as subespécies é o sexo da flor. As flores dos indivíduos silvestres são unissexuais enquanto as dos cultivados são bissexuais (hermafroditas) (DE LORENZIS *et al.*, 2015; GRASSI; DE LORENZIS, 2021; MASSONET *et al.*, 2020).

As cultivares de *Vitis vinifera* são chamadas de ‘uvas europeias’ ou ‘uvas finas’, pois apresentam qualidade superior. Comumente são plantas mais sensíveis a doenças, mais exigentes e apresentam bagas menores com casca mais espessa. A característica de formar raízes adventícias permite a reprodução vegetativa, por meio de estacas. Essa facilidade de propagação assexuada possibilitou a origem de aproximadamente 14 mil cultivares, com distintas finalidades: consumo *in natura*, passas, sucos e vinhos finos (DE LORENZIS *et al.*, 2015; GRASSI; LORENZIS, 2021; McGOVERN 2003). Entre as cultivares destacam-se também os híbridos, advindos do cruzamento entre uvas europeias e americanas (VIANA *et al.*, 2016).

2.2 Importância socioeconômica da viticultura

A videira é uma das frutíferas economicamente e culturalmente mais importantes no mundo e se fez presente em importantes marcos históricos da humanidade. As uvas estão entre as frutas mais cultivadas, com produção estimada de 78 milhões de toneladas (t) em uma área de aproximadamente 7 milhões de hectares (ha). Embora esta espécie esteja historicamente associada a climas mediterrâneos secos e quentes, hoje em dia o cultivo de videiras se espalha por todo o mundo, sendo cultivada em mais de 90 países (PERMANHANI *et al.*, 2016).

A área mundial com videiras não apresentou alteração significativa nos últimos dez anos. Em 2020, a área mundial com videiras era de 6,95 milhões de hectares, com produção de 78,03 milhões e produtividade média de 11,23 t/ha (FAOSTAT, 2022).

A Ásia foi o continente que apresentou maior área plantada com videiras (29,82 milhões de hectares), com produção de 2,02 milhões de toneladas ou 29,06% da produção mundial. A Europa foi o segundo continente com maior área vitícola do mundo, 28,27 milhões de hectares. No entanto, foi o primeiro em produção de uvas no mundo (3,46 milhões de toneladas). O continente Americano vem ocupando a terceira posição tanto em área plantada quanto em volume de uvas produzido, durante a última década. África e Oceania apresentaram as menores áreas vitícolas e as menores produções de uvas (FAOSTAT, 2022).

Os principais países produtores de uvas do mundo, em 2020, tanto em área cultivada quanto em volume produzido foram China, Itália, Espanha, França, Estados Unidos e Turquia, não necessariamente nessa ordem. O Brasil ocupou a 15ª posição no ranking mundial de produtores de uvas e a 21ª posição no ranking de área vitícola. A produção brasileira de uvas cresceu 5,92%, enquanto que a área plantada com videiras reduziu 9,87%, de 2010 para 2020. O Brasil produziu 1,84% das uvas do mundo e ocupou 1,06% da área mundial destinada a viticultura, no ano de 2020. Em se tratando de produtividade, o Brasil foi o país que mais se destacou durante o período, aumentando o rendimento médio das videiras em 16,84% e se mantendo na liderança (FAOSTAT, 2022).

O Brasil exporta quantidades pequenas de frutas em relação à sua produção e também ao seu potencial. Além disso, tem oportunidade para modificar seu atual cenário em relação à exportação de uva (GAZZOLA *et al.*, 2020). Em 2020, o país esteve na 19ª posição no ranking mundial de exportação de uva com participação de aproximadamente 1% no mercado global de uva. Entre 2010 e 2020, o Brasil reduziu a quantidade de uva exportada em 16,6%. O país vendeu 0,99 milhões de toneladas ao mercado externo e arrecadou US\$ 0,11 bilhões, em 2020 (FAOSTAT, 2022).

A viticultura apresenta uma grande relevância socioeconômica para o Brasil. Representa a principal fonte de renda na maioria das regiões produtoras, principalmente onde prevalecem pequenas propriedades de agricultura familiar. Em alguns locais coexistem pequenas, médias e grandes propriedades vitícolas, cuja atividade têm contribuído para a sustentabilidade da viticultura como geradora de emprego e renda para o país (MELLO; MACHADO, 2020; SILVA *et al.*, 2019).

O Brasil possui a peculiaridade de ser o único país onde se encontram os três tipos de viticultura (temperada, subtropical e tropical), associadas às diferentes condições edafoclimáticas e aos manejos da videira (CAMARGO; TONIETTO; HOFFMANN, 2011; PEREIRA, 2020; SILVA *et al.*, 2019). Assim, no Brasil, a viticultura apresenta características que variam conforme a região, com especificidades no ciclo de produção, época de colheita, cultivares, manejo, tipo de produto e foco de mercado (MELLO; MACHADO, 2020).

A viticultura de clima temperado, caracteriza-se por um ciclo anual, seguido de um período de dormência induzido pelas baixas temperaturas do inverno. A viticultura subtropical é praticada em regiões de invernos amenos e curtos com um ciclo vitícola por ano, contudo, com a utilização de práticas diferenciadas de manejo, realizam-se dois ciclos vegetativos, obtendo duas colheitas por ano. A viticultura tropical é típica de regiões onde as temperaturas mínimas não são suficientemente baixas para induzir a videira à dormência. Todavia com a

utilização de tecnologia apropriada, é possível obter duas ou mais colheitas por ano. A viticultura tradicional está localizada nas regiões Sul e Sudeste do Brasil. A viticultura tropical está sendo praticada no Nordeste, enquanto que, a viticultura subtropical, está localizada nas regiões Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste (CAMARGO; TONIETTO; HOFFMANN, 2011; TONIETTO *et al.*, 2020).

A produção é diferenciada segundo a região de cultivo: no Sul, predomina o cultivo de uvas americanas e híbridas para a fabricação de sucos e vinhos e, nas outras regiões, o cultivo é de uvas americanas e europeias de mesa, tanto para o mercado interno como para exportação (GAZOLLA *et al.*, 2020). A tendência é que o Brasil continue a especializar a sua produção em termos de uva de mesa sem sementes para atender ao mercado internacional e que, no Sul, aumente a área cultivada de uva vinífera em detrimento ao cultivo de uvas americanas e híbridos (FACHINELLO *et al.*, 2011; GAZOLLA *et al.*, 2020).

A uva é a terceira fruta mais produzida no Brasil. Atualmente, a viticultura ocupa uma área em torno de 7,5 mil de hectares, com produtividade média de 22,9 t/ha e produção anual cerca de 1,7 milhões de toneladas, que corresponde a um valor estimado de 3,6 bilhões de reais. Aproximadamente 55% da produção total é comercializada como uvas *in natura* e 45% destinada ao processamento (vinhos, sucos e derivados de uva) (IBGE, 2022). A viticultura brasileira é representada pela uva, pelo suco de uva, pelos vinhos e pelos espumantes, mas o principal item das exportações são as uvas de mesa. As exportações brasileiras de uvas frescas estão por volta 77 mil toneladas e geram uma receita de aproximadamente US\$ 160 milhões, enquanto que as importações ficam perto de 5 mil t, com despesa aproximada de US\$ 7 milhões, resultando em um balanço superavitário estimado de US\$ 153 milhões (MDIC, 2022).

2.2.1 A viticultura no Vale do Submédio São Francisco

O Vale do Submédio São Francisco, na região Nordeste do Brasil, abrange quatro municípios de Pernambuco: Petrolina, Lagoa Grande, Orocó e Santa Maria da Boa Vista; e quatro municípios da Bahia: Juazeiro, Casa Nova, Curaçá e Sobradinho. Trata-se de uma região exclusiva no mundo, onde a atividade vitivinícola é desenvolvida em zona intertropical, localizada entre os paralelos 8° e 9° de latitude sul, em uma altitude abaixo de 400 m em relação ao nível do mar (SOARES; LEÃO, 2009). Por essa razão, o Vale do Submédio São Francisco é considerado o principal centro produtor com características de viticultura tropical e o polo vitícola irrigado do Nordeste (SILVA *et al.*, 2019), além de apresentar uma aptidão natural para a produção de uvas finas de mesa (LEÃO *et al.*, 2020).

O início da viticultura no Vale do Submédio São Francisco ocorreu com a expansão da fronteira vitícola do Brasil no início dos anos 1960. Entretanto, foi a partir da década de 1980 que incidiu o aporte tecnológico para desenvolvimento do setor na região, a qual se expandiu rapidamente, devido às vantagens comparativas, em especial as condições de clima semiárido tropical, com temperaturas elevadas, alta insolação e grande disponibilidade de água de qualidade para irrigação (SOARES; LEÃO, 2009). É importante dizer que devido às condições edafoclimáticas específicas da região, o comportamento fisiológico da videira é diferenciado e seu metabolismo é acelerado. Assim, o ciclo produtivo da videira pode variar de 90 a 130 dias, a depender da cultivar e conseqüentemente, pode-se obter até duas safras e meia por ano, com manejo adequado.

Ademais, salienta-se que o desenvolvimento de novas cultivares, diferentes tecnologias de manejo para regiões tropicais, certificação de produtos vitivinícolas como produção integrada, indicações geográficas e produção orgânica foram fundamentais para o progresso da viticultura na região, sobretudo no polo Petrolina/Juazeiro (CAMARGO; TONIETTO; HOFFMANN, 2011). O apoio técnico e científico para esse desenvolvimento foi fornecido por algumas instituições de pesquisa, dentre elas a Embrapa, e órgãos regionais de desenvolvimento (SOARES; LEÃO, 2009).

Em relação ao progresso em cultivares, no Vale do Submédio São Francisco, a cv. ‘Piratininga’ teve área significativa na década de 1980, mas foi substituída pela cv. ‘Red Globe’, que se expandiu rapidamente na região, na década de 1990. Contudo, a cv. ‘Red Globe’, devido à sua alta suscetibilidade ao cancro bacteriano, sofreu drástica redução da área plantada a partir de 1996, sendo substituída pela cv. ‘Benitaka’. A partir do ano de 2000, as cultivares de uvas sem sementes ‘Festival’ (Superior ou Sugraone), ‘Crimson Seedless’ e ‘Thompson Seedless’ tiveram extensas áreas plantadas.

Os progressos nas técnicas de cultivos foram muito importantes para a viticultura do Vale do Submédio São Francisco. O cultivo em regime de irrigação foi primordial para a região. A definição do sistema de manejo da copa para promover a indução e a diferenciação floral em uvas sem sementes foi um grande diferencial na produção de uvas de mesa. Este sistema possibilitou a produção comercial de uvas sem sementes, o que alavancou as exportações brasileiras de uva de mesa a partir do ano de 2000 (CAMARGO; TONIETTO; HOFFMANN, 2011).

Sobre as certificações, o programa de produção integrada de uvas foi regulamentado no Vale do Submédio São Francisco, em 2003. Desde então, a produção integrada se expande constantemente oferecendo grande suporte para a exportação de uvas de mesa da região

(OLIVEIRA et al., 2009). Outros protocolos privados de certificação de qualidade também vêm sendo adotados pelos produtores do Vale do Submédio São Francisco para atendimento de alguns mercados, como é o caso da GLOBALGAP, do sistema de Análise de Perigos e Pontos Críticos de Controle (APPCC) e Indicação de Procedência (IP) (CAMARGO; TONIETTO; HOFFMANN, 2011). Todas essas certificações buscam atender os padrões de qualidade exigidos pelo mercado, principalmente, o internacional.

A viticultura na região do Vale do Submédio São Francisco, destaca-se no cenário nacional, não apenas pela expansão da área cultivada e pelo volume de produção, mas principalmente pelos elevados rendimentos alcançados e qualidade da uva produzida (SILVA; COELHO, 2010). Além disso, a cultura da videira irrigada sobressai como a atividade agrícola que mais gera empregos diretos e indiretos na região (SOARES; LEÃO, 2009; SILVA; COELHO, 2010). Foram essas peculiaridades que permitiram com que a viticultura se destacasse como uma alternativa econômica e social para a agricultura irrigada do Vale do Submédio São Francisco (SOARES; LEÃO, 2009).

A área cultivada com uvas no Vale do Submédio São Francisco, no ano de 2010, era da ordem de 9 mil ha, que correspondiam a cerca de 10,97% da área vitícola nacional. No período entre 2010 e 2021, essa área teve um crescimento de 11% e passou a representar 13,51% da área com plantio de uvas no Brasil. Em comparação à área vitícola do Nordeste, verifica-se que o Vale do Submédio São Francisco manteve aproximadamente 90% dessa área, entre 2010 e 2021. O Polo Petrolina/Juazeiro detém maior área cultivada com uvas nessa região. Em 2021, Petrolina possuía 6290 ha com plantação de uva e Juazeiro, 1125 ha, respectivamente, 62,25% e 10,81% da área cultivada com videira na região (IBGE, 2022). Ressalta-se que entre as culturas irrigadas, exploradas no Vale do Submédio São Francisco, a uva aparece como a segunda mais importante em termos de área cultivada (SILVA; COELHO, 2010)

O Vale do Submédio São Francisco é a principal região produtora de uva de mesa no Brasil. No período de 2010 a 2021, observou-se que a produção de uvas na região teve um elevado crescimento (89,62%), passando de 241 para 457 mil toneladas. Esse mesmo aumento, mas em maior proporção, também foi observado no valor da produção que, em 2010 era de R\$589 milhões e, em 2021, foi de R\$1428 milhões, um acréscimo de 142,44%. A produção de uva, em 2021, foi na ordem de 457 mil toneladas, com participação de 99,34% na produção do Nordeste e 26,83% na produção brasileira (IBGE, 2022). Vale destacar que nessa região predomina a produção de uvas de mesa. E quando se considera a produção de uvas finas para mesa, ou seja, uvas da espécie europeia *Vitis vinifera L.*, estima-se que a participação desta região pode chegar a 90% da produção nacional (SOUZA; LEÃO, 2009; SILVA; COELHO,

2010). Já em valor, a região produziu R\$1428 milhões de reais, o que representa 96,03% do valor de produção do Nordeste e 39,40% da produção (em valor) do Brasil (IBGE, 2022).

Os vinhedos do Vale do Submédio São Francisco apresentam produtividade bem acima das médias nacional e mundial, com colheitas cada vez maiores e uvas de excelente qualidade (SOARES; LEÃO, 2009). Em 2022, o rendimento médio da produção de uvas foi de 39,8 t/ha, 73,64% e 209,11% superior às médias do Brasil e do mundo, respectivamente. Verifica-se que a produtividade média de uva na região tem aumentado a cada ano. No período de 2010 a 2021 o crescimento foi de 53,4%. Petrolina foi o município que apresentou maior rendimento médio (47,6 t/ha) em 2021. Nesse mesmo ano, a Bahia produziu cerca de 31,9 t/ha. A partir desses dados, pode-se inferir que o destaque mundial para o aumento da produtividade brasileira deve-se as produtividades alcançadas no Vale do Submédio São Francisco, especialmente no município de Petrolina (IBGE, 2022).

A uva constitui uma das principais frutas da pauta de exportação da região do Vale do Submédio São Francisco. A participação, da uva produzida nessa região, no mercado externo sempre apresentou uma tendência crescente e desde 2010 representa em torno de 98% do volume total das exportações do país. No período de 2010 a 2021 a região aumentou em 23% a quantidade de uva exportada. A cultura da uva proporcionou um volume de exportação no ano de 2021, na ordem de 76,61 mil t arrecadando aproximadamente 156,23 milhões de dólares, que correspondeu a 98% do volume e do valor das exportações brasileira de uva. Todavia, é válido destacar a importância do mercado interno na dinâmica da viticultura regional, pois estima-se que o mesmo absorveu cerca de 381,8 mil t de uva, o que correspondeu a 83,56% da produção, no ano de 2021.

Por fim, acompanhando a tendência de consumo do mercado mundial de frutas frescas e a fim de oferecer novas alternativas de cultivares ao mercado interno, os viticultores do Vale do Submédio São Francisco, atualmente, concentram-se na produção de uvas sem sementes. Ademais, é importante destacar que o Polo Petrolina/Juazeiro, é considerada principal região produtora de uvas sem sementes do Brasil, tanto para o mercado interno quanto o externo.

2.3 Melhoramento genético da videira

A videira (*Vitis* spp.), além de ser uma das primeiras culturas domesticadas, é uma das frutíferas economicamente mais importantes e amplamente cultivada no mundo. Esta ocorrência em diversos climas mostra a grande variabilidade genética natural da videira (DE OLIVEIRA *et al.*, 2015). A variabilidade é a base de qualquer programa de melhoramento e os

recursos genéticos são a matéria-prima necessária para que ele aconteça. Essa variabilidade genética presente no gênero *Vitis*, especialmente na espécie *Vitis vinifera* tem subsidiado o trabalho de melhoristas de diversos programas de melhoramento da cultura. Por meio de diferentes métodos e tecnologias foi possível a obtenção de inúmeros genótipos de porta enxertos e uvas com diferentes finalidades: mesa, passas, vinho e suco, adaptados a uma grande diversidade de ambientes e manejo, possibilitando um grande avanço no cultivo da videira (POMMER, 2003; DE OLIVEIRA *et al.*, 2015).

Em 1860, a história da viticultura mundial foi modificada devido a uma praga denominada filoxera - pulgão que ataca as raízes - que levou a morte de muitas plantas francesas de *Vitis vinifera*. Fontes de resistência foram encontradas nos Estados Unidos, em cultivares americanas, sobretudo *Vitis riparia* e *Vitis rupestris*, e foram importadas pelo governo francês para realizar seleção local (POMMER, 2003). Então, ainda no século XIX, a hibridação interespecífica passou a ser utilizada com o objetivo de se obter híbridos de porta-enxertos resistentes à filoxera a fim de manter preservada as qualidades das cultivares copa europeias. A partir do século XX, com o desenvolvimento de produtos químicos para o controle de pragas e doenças e devido à baixa qualidade dos vinhos produzidos pelas cultivares híbridas, passou-se a dar grande ênfase à criação de cultivares tradicionais através da seleção clonal (CAMARGO; RITSCHHEL, 2008).

O melhoramento de uvas para o desenvolvimento de novas cultivares para mesa, vinho, suco e passas, bem como porta-enxertos, tem sido tradicionalmente realizado por países como Estados Unidos, Alemanha, França, Hungria, África do Sul, Austrália e Brasil, entre outros. Os programas de melhoramento trabalham para o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições ambientais de regiões específicas, com alta produtividade, resistência a doenças e pragas, qualidade adequada às exigências do mercado, menores custos de produção (CAMARGO; RITSCHHEL, 2008), bem como redução no uso de agroquímicos (CINDRIC; KORAC; KOVAC, 2003). Em resumo, o melhoramento contemporâneo além de buscar melhorias nas características agronômicas e de qualidade em resposta aos diversos ambientes agrícolas em que são cultivadas e às demandas dos consumidores, preocupa-se com questões ambientais e de saúde pública (CAMARGO; RITSCHHEL, 2008; MAIA *et al.*, 2015; ZHANG *et al.*, 2021).

Conforme mencionado, o ponto de partida de qualquer programa de melhoramento de uma espécie é a variabilidade genética, seja ela espontânea ou criada (DE OLIVEIRA *et al.*, 2015). A manipulação dessa variabilidade com métodos adequados leva à obtenção segura de genótipos superiores em relação às características agronômicas de interesse. Os bancos de

germoplasma têm papel fundamental na preservação dessa variabilidade genética, mas requerem a manutenção dos acessos (NASS et al., 2012). A quantificação da magnitude da variabilidade genética e sua distribuição entre e dentro dos grupos de acessos, que constituem os bancos de germoplasma, é essencial para promover seu uso racional e manejo adequado (MANECHINI et al., 2018).

O método clássico de conservação de germoplasma da videira é a manutenção das coleções no campo (ex situ) (SOARES; LEÃO, 2009; DE OLIVEIRA et al., 2015). No entanto novas técnicas como cultura in vitro, criopreservação, embriões somáticos, entre outras, têm sido sugeridas para preservação de genótipos de videira (VINCENT et al., 2019). Já a identificação de cultivares de videira tem sido tradicionalmente baseada na ampelografia, que é a análise e comparação das características morfológicas da planta, mas esse é um processo demorado pois só pode ser realizado em plantas adultas. Dessa forma, o uso de marcadores moleculares, tornou-se uma estratégia eficaz para este fim devido ao alto conteúdo de informação detectadas diretamente ao nível do DNA, sem influência ambiental e nas fases iniciais de desenvolvimento da planta, permitindo uma identificação mais rápida e precisa das cultivares. Os Marcadores Moleculares Microssatélites (SSRs) tem sido utilizados para caracterização de recursos genéticos, análise de parentesco, mapeamento genético, detecção de loci de características quantitativas (QTLs) e seleção assistida (BUHNER-ZAHARIEVA et al., 2010; DE LORENZIS et al., 2014; GUO et al., 2014; SAIFERT et al., 2018).

O Relatório da FAO sobre o Estado dos Recursos Genéticos Vegetais do Mundo para Alimentos e Agricultura relatou que aproximadamente 60.000 acessos pertencentes ao gênero *Vitis* são mantidos em bancos de germoplasma em todo o mundo (VINCENT et al., 2019). Provavelmente, a diversidade de videira mais antiga e mais rica é mantida pelo Conselho de Pesquisa Agrícola-Centro de Pesquisa Vitícola (CRA-VIT) na Itália, fundado em 1923, que contém mais de 3600 acessos de 45 países diferentes e inclui 20 espécies silvestres de *Vitis* (BAVARESCO et al., 2015).

Estima-se que 3225 acessos de espécies de uva selvagem são mantidos como ex situ pelo Sistema Nacional de Germoplasma de Plantas (NPGS) e a maioria desses acessos se encontra no Repositório Nacional de Germoplasma Clonal (NCGR), Davis, Califórnia. Outra grande coleção de videiras formada por 2.323 genótipos únicos com representantes de todo o mundo está em Vassal (INRA, França). Na Geórgia, um dos principais centros de domesticação da videira, formas cultivadas e selvagens de *Vitis vinifera* são mantidas na Universidade de Milano (VINCENT et al., 2019).

Existem vários métodos de melhoramento genético de videira, tais como introdução de novos genótipos, seleção massal, seleção clonal e hibridações. Todavia, esses métodos convencionais de melhoramento da videira despendem um longo período de tempo para desenvolver novas cultivares, pois, a maturidade de plantas perenes geralmente exige vários ciclos de crescimento antes da avaliação (SÁNCHEZ-MORA *et al.*, 2017).

Os avanços tecnológicos associados às técnicas de genética molecular fornecem uma alternativa às abordagens convencionais de melhoramento para o desenvolvimento de novas cultivares de videira com melhor desempenho de rendimento, qualidade, tolerância ao estresse e resistência a doenças (ZHANG *et al.*, 2021). O uso de tecnologias transgênicas, para introdução de genes de características específicas desejáveis em cultivares existentes, pode ser uma alternativa para o melhoramento da videira. Até o momento, o método mais eficaz de transformação genética da videira foi mediado por *Agrobacterium*, embora também haja relatos do uso de biobalística (ZHANG *et al.*, 2021). Essas técnicas têm contribuído para o aprimoramento da tolerância ao estresse abiótico, qualidade dos frutos e resistência de patógenos (SAPORTA *et al.*, 2016; WANG *et al.*, 2018). Nesse sentido, o uso de ferramentas biotecnológicas incluindo cultura de tecidos (micropropagação e resgate de embriões) e genética molecular (marcadores moleculares, mapeamento de QTLs e seleção assistida), pode reduzir consideravelmente o tempo no melhoramento clássico da videira (TÖPFER *et al.*, 2011).

A introdução de videiras no Brasil teve início com cultivares de *Vitis vinifera* trazida pelos portugueses no século XVI. Embora difundida no Brasil colonial, a viticultura não era uma atividade comercialmente importante. Isso porque, as condições climáticas brasileiras não foram favoráveis às cultivares europeias. Os problemas só foram superados com a incorporação de outras espécies de *Vitis*, nativas da América do Norte, na produção comercial (CAMARGO *et al.*, 2014). Essas espécies de videira são mais resistentes que as cultivares européias e começaram a ser utilizadas a partir do século XIX, quando os americanos desenvolveram as primeiras cultivares híbridas ‘Catawba’, ‘Isabel’, ‘Norton’, ‘Ives’ e ‘Concord’ (MAIA *et al.*, 2015). No entanto, a introdução de espécies de uvas americanas trouxe novas pragas e doenças como a filoxera (*Phylloxera vitifoliae*), o míldio (*Plasmopara viticola*) e o oídio (*Uncinula necator*) (CAMARGO *et al.*, 2014). Os problemas fitossanitários comprometeram o cultivo de videiras e exigiram a adoção de novas tecnologias visando à prevenção de pragas e doenças, como o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes, o uso de controle químico e a adoção de porta-enxertos (MAIA *et al.*, 2015).

Até meados dos anos 1900, a viticultura brasileira se restringia ao cultivo de uvas americanas em climas temperados. Somente com o desenvolvimento dessas tecnologias, tornou-se possível o cultivo generalizado de uvas europeias ('Barbera', 'Bonarda', 'Peverella', 'Marzemino', 'Trebiano', 'Cabernet Franc', 'Merlot' e 'Riesling'), mas a partir da década de 1970 foram substituídas por cultivares francesas ('Pinot Noir', 'Cabernet Sauvignon', 'Chardonnay', 'Gamay' e 'Sauvignon Blanc') (CAMARGO; TONIETTO; HOFFMANN, 2011). A viticultura tropical comercial foi iniciada na década de 1960 com a introdução de uvas de mesa europeias no Vale do Submédio São Francisco, no semiárido do Nordeste do Brasil. Posteriormente, também foi possível o cultivo de uvas americanas em áreas tropicais (MAIA *et al.*, 2015).

A viticultura tropical é caracterizada por não apresentar inverno definido, sem o mínimo acúmulo de horas de frio necessárias à quebra de dormência fisiológica das gemas, por isso necessita-se de práticas diferenciadas de manejo de poda e irrigação para a ocorrência dos ciclos vegetativos. Ressalta-se que o comportamento fisiológico e fitossanitário das cultivares são distintos em regiões tropicais e temperadas (SOARES; LEÃO, 2009). O melhoramento genético tem sido uma das abordagens utilizadas para resolver as dificuldades de adaptação de cultivares de uvas introduzidas de regiões temperadas ao clima brasileiro. Assim, a implantação e evolução de novas tecnologias, como o desenvolvimento de cultivares, juntamente com o aprimoramento das práticas vitícolas, têm contribuído para o sucesso e expansão da viticultura tropical brasileira, que atualmente é praticada desde o extremo sul (paralelo 30°) até o nordeste (paralelo 9°) do Brasil (CAMARGO *et al.*, 2014).

As primeiras notas sobre o melhoramento genético da videira no Brasil foram de iniciativa privada do final do século XIX (SOUSA, 1969). As instituições públicas começaram suas atividades no melhoramento da videira, na década de 1940, primeiramente no estado de São Paulo, e posteriormente no Rio Grande do Sul (CAMARGO *et al.*, 2009; MAIA *et al.*, 2015; SOUSA, 1969). O programa de melhoramento da videira iniciado no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), em 1943, com o objetivo de desenvolver novas cultivares de porta-enxertos, uvas de mesa, passas, vinho e sucos adaptados às condições locais, constituiu-se um marco para a viticultura tropical brasileira (CAMARGO; RITSCHER, 2008). Os primeiros cruzamentos controlados foram realizados na Estação Experimental de São Roque, originando as primeiras plantas brasileiras de *V. vinifera* a partir do cruzamento de 'Aligoté' com 'Pinot Blanc' (POMMER, 1995; SOARES; LEÃO, 2009). O programa desenvolveu diversas uvas viníferas, como 'Rainha' (IAC 116-31) e 'Máximo' (IAC 138-22) e uvas de mesa como 'Piratininga' e 'Patrícia'. No entanto, os principais resultados do programa foram o

desenvolvimento de porta-enxertos tropicais, tais como de ‘IAC 313’ (‘Tropical’); ‘IAC 572’ (‘Jales’), e ‘IAC 766’ (‘Campinas’) (SANTOS NETO, 1971). Esses genótipos são amplamente utilizados na viticultura tropical com *V. Vinifera*, cultivares americanas e híbridas, sendo o ‘IAC 313’ muito importante no estabelecimento da viticultura no Vale do Submédio São Francisco (MAIA *et al.*, 2015; SOARES; LEÃO, 2009).

A Embrapa Uva e Vinho iniciou o programa de melhoramento, em 1977, em Bento Gonçalves, focado principalmente na hibridação, para desenvolver cultivares de uva para diferentes finalidades: vinho, suco e mesa e, mais recentemente, porta-enxertos (CAMARGO; RITSCHHEL, 2008). Neste programa é utilizada uma ampla base genética composta por cultivares de *Vitis vinifera* e *Vitis labrusca*, várias outras espécies de *Vitis* e muitos híbridos interespecíficos (CAMARGO *et al.*, 2009). Na Estação Experimental de Caxias do Sul foram desenvolvidas as primeiras cultivares de uva a partir de cruzamentos, denominadas ‘Dona Zilá’ e ‘Tardia de Caxias’ (CAMARGO *et al.*, 2014; RITSCHHEL; MAIA, 2009). O maior número de cultivares de uva desenvolvida por este programa foi para elaboração de vinhos de mesa de qualidade superior representadas pelas cultivares ‘Moscato Embrapa’, ‘BRS Lorena’ e ‘BRS Margot’, bem como de dupla finalidade, aptas para a produção de vinhos de mesa e de suco de uva, tais como, ‘BRS Rubea’, ‘BRS Cora’, ‘BRS Magna’, ‘BRS Violeta’, ‘BRS Carmem’, ‘Concord clone 30’ e ‘Isabel Precoce’. As primeiras cultivares de uvas de mesa sem sementes foram desenvolvidas em 2003, são elas ‘BRS Clara’, ‘BRS Linda’ e ‘BRS Morena’ (MAIA *et al.*, 2015; SOARES; LEÃO, 2009). Posteriormente, já foram lançadas mais quatro cultivares de uva de mesa sem sementes (‘BRS Vitória’, ‘BRS Ísis’, ‘BRS Tainá’ e ‘BRS Melodia’) e uma com semente (‘BRS Núbia’) (LEÃO *et al.*, 2020; MAIA *et al.*; 2012, 2019; ZILIO *et al.*, 2019).

No Brasil, o melhoramento genético da videira visando o desenvolvimento de novas cultivares é baseado na diversidade mantida no Banco de Germoplasma de Videira (RITSCHHEL *et al.*, 2015). O Banco de Germoplasma de Videira, conservado pela Embrapa Uva e Vinho, é atualmente a principal coleção da América do Sul, composta por aproximadamente 1500 acessos, incluindo espécies silvestres do gênero *Vitis*, cultivares, e híbridos interespecíficos (MAIA *et al.*, 2015; RITSCHHEL *et al.*, 2015). Outras coleções ampelográficas, com menor número de acessos, são mantidas por instituições públicas de pesquisa em vitivinicultura no Brasil, como Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), Instituto Agrônômico de Campinas (IAC), Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR) e Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI) (SOARES; LEÃO, 2009; MAIA *et al.*, 2015).

O Banco de Germoplasma da Embrapa Semiárido merece destaque por ser a única coleção mantida na região Nordeste do país (LEÃO, 2008). Está localizado no Campo Experimental de Mandacaru, Juazeiro, BA, cujas coordenadas geográficas são 9°24"S, 40°26"O e 365,5 m de altitude. Foi implantado em 1965 pela Superintendência de Desenvolvimento do Nordeste (SUDENE), constituído por acessos coletados no Nordeste e, em 1968, ampliado com cultivares importadas da Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), Itália e do IAC. A partir de 1979 esta coleção foi expandida com cultivares de vinho e passa. Sua principal finalidade é dar suporte aos trabalhos de melhoramento em relação à adaptabilidade às condições semiáridas (LEÃO, 2008).

Atualmente, a coleção está composta por 268 acessos que contemplam cultivares de *Vitis vinifera* L e *Vitis labrusca* L., híbridos interespecíficos e espécies americanas de *Vitis* (*Vitis rupestris*, *Vitis riparia*, *Vitis champinini*, *Vitis cinerea*, *Vitis gigas* Fennel, *Vitis candicans* Engelmann, *Vitis doaniana* Munson, *Vitis shuttleworthi* House). Vale destacar que a maior parte dos acessos são de *Vitis vinifera* e híbridos interespecíficos. Em relação aos tipos comercializados, há acessos de cultivares de uvas de mesa, uvas para passas, uvas para vinho, uvas para suco e porta-enxertos. A caracterização molecular dos acessos dessa coleção foi realizada com a utilização marcadores microssatélites (LEÃO, 2019).

Em termos gerais, as demandas do setor vitivinícola brasileiro estão relacionadas com adaptação de cultivares às diferentes regiões produtoras, resistência a doenças e pragas, alto rendimento, fertilidade de gemas e qualidade da uva (MAIA *et al.*, 2015; RITSCHER *et al.*, 2015, LEÃO *et al.*, 2020). O melhoramento de uvas de porta enxertos visa a resistência às doenças e pragas que atingem a cultura. O melhoramento de uvas para vinhos busca cultivares de uvas brancas que sejam produtivas, resistentes às doenças fúngicas, principalmente às podridões do cacho, com elevado teor de açúcares e acidez equilibrada, aroma e sabor típicos e aptas à elaboração de vinhos brancos aromáticos. Já o melhoramento de uvas para sucos busca o desenvolvimento de cultivares com características do tipo labrusca em cor, aroma e sabor e alto teor de açúcar, aptas à elaboração de suco e adaptadas a climas tropicais. O melhoramento de uvas de mesa considera características como aparência (cachos grandes, bem formados e com coloração uniforme), sabor agradável (equilibrada relação entre açúcar e acidez), resistência pós colheita (resistência da película, firmeza da polpa, aderência o pedicelo e resistência do engaço à desidratação) e ausência de sementes. Mais especificamente, o melhoramento de uvas de mesa pode ser dividido em uvas de mesa fina, que possuem bagas grandes e carnosas, e uvas de mesa comum, cuja polpa é mucilaginosa e se desprende da película (CAMARGO; RITSCHER, 2008).

2.3.1 Melhoramento da videira visando apirenia

Há séculos, a ausência de sementes tem sido uma das características de qualidade mais valorizadas nas uvas destinadas ao consumo in natura (MALABARBA *et al.*, 2017). Durante a história de domesticação da videira, o método de propagação vegetativa, utilizado para reprodução de videiras, permitiu que variedades somáticas sem sementes espontâneas fossem propagadas e cultivadas (ROYO *et al.*, 2018). Entretanto, a demanda mundial por cultivares de uvas de mesa sem sementes está em plena ascensão e os viticultores estão cada vez mais necessitados de novas cultivares apirênicas para se manterem competitivos no mercado (AKKURT; TAHMAZ; VEZIROGLU, 2019).

Uma cultivar é considerada apirênica quando é capaz de produzir frutos sem sementes, com traços de sementes ou com sementes reduzidas em número e tamanho (VAROQUAUX, 2000). Essa ausência de sementes pode ter origem a partir de dois processos biológicos distintos: partenocarpia e estenospermocarpia (STOUT, 1939). Na partenocarpia o fruto desenvolve sem fertilização, há ausência total de semente, como por exemplo, na cultivar ‘Black Corinth’. Já na estenospermocarpia, ocorre a fertilização, mas o embrião é abortado, é o caso da cultivar ‘Sultanina’ (ROYO *et al.*, 2016). Vale ressaltar que o tamanho rudimentar da semente pode variar de ano para ano e também parece ser influenciado pela idade da videira e porta-enxerto (CHRISTENSEN *et al.* 1983). Além disso, o tamanho das bagas das uvas apirênicas é menor do que em uvas com sementes, mas pode ser melhorado por tratamentos químicos de ácido giberélico ou por seleção genética (BANQUET; DANGLLOT, 1996).

A utilização de genótipos partenocárpicos na criação de uvas sem sementes é complexa e, além disso, os descendentes dos cruzamentos apresentam frutos pequenos não atrativos ao mercado consumidor (AKKURT; TAHMAZ; VEZIROGLU, 2019). Em contrapartida, os genótipos estenospermocárpicos são geralmente usados como material parental na reprodução (ZHU *et al.*, 2020).

Diferentes hipóteses têm sido propostas para determinar a herança da ausência de sementes em videiras. Enquanto alguns autores afirmaram que a ausência de sementes é controlada por genes recessivos (LOOMIS; WEINBERGER, 1979; SPIEGEL-ROY *et al.*, 1990; WEINBERGER; HARMON., 1964), outro grupo de pesquisadores relatou que ela é controlada por diferentes números de genes dominantes (LEDBETTER; BURGOS, 1994; SATO *et al.*, 1994; STOUT, 1939). Contudo, qualquer hipótese sobre a herança da ausência de sementes deve levar em conta o fato de que esse caráter está sujeito a mutação (BOUQUET; DANGLLOT, 1996). Nos últimos anos, o modelo mais aceito para a herança da ausência de

sementes em videira é que é controlada por três genes recessivos independentes que são regulados por um gene dominante denominado SDI (inibidor do desenvolvimento de sementes) (BOUQUET; DANGLLOT, 1996).

Segundo Li *et al.*, (2017), a presença ou ausência de sementes depende da expressão e interação gênica do homeobox de videira, que é composto por 73 genes divididos em 11 famílias filogenéticas (LI *et al.*, 2017). Considerando que o caráter estenospermocárpico da semente é determinado pelo gene dominante SDI, em estudo envolvendo análises de sequências, caracterização de sequências e análises transcricionais, Mejía *et al.* (2011) relataram que VvAGL11 foi o principal gene para a ausência de sementes nas cultivares de *Vitis vinifera*. Royo *et al.* (2018) também afirma que o aborto de sementes causado por uma substituição de aminoácidos em VviAGL11 é a principal causa de ausência de sementes em videiras cultivadas. Dessa forma, o P3-VvAGL11, que é um dos marcadores desenvolvidos, foi determinado para ser utilizado de forma eficaz na detecção precoce da ausência de sementes estenospermocárpicas em videiras (AKKURT; TAHMAZ; VEZIROĞLU, 2019). BERGAMINI *et al.* (2013) utilizaram o marcador VvAGL11 nos genótipos F1 de 475 cruzamentos estenospermocárpicos e indicaram que o marcador pode ser utilizado em todos os fenótipos sem sementes.

Contudo, o uso de marcadores moleculares pode otimizar o processo e aumentar a eficiência no melhoramento de uvas sem sementes, pois permite que as características alvo sejam identificadas ainda no estágio de plântula reduzindo o ciclo de reprodução (LIU *et al.* 2016; ZHU *et al.*, 2020). Alguns marcadores moleculares associados ao gene de ausência de sementes de uva já foram identificados e usados no melhoramento de uvas sem sementes, por meio da técnica de seleção assistida por marcadores (SAM), com resultados satisfatórios (AKKURT *et al.*, 2012; LI *et al.*, 2015; LI *et al.*, 2018; LIU *et al.*, 2016;).

Sementes estenospermocárpicas apresentam inúmeras variações de tamanho, forma, textura e lignificação e, independente das características apresentadas, essas sementes não germinam por meio de práticas convencionais (LI; WNAG; WANG, 2015). Isso porque o abortamento de embriões zigóticos que ocorre nas uvas estenospermocárpicas impossibilita a utilização direta das sementes para a formação de novos indivíduos. Então, esse seria um fator limitante para o desenvolvimento de cultivares sem sementes (LI *et al.*, 2014).

Para superar os obstáculos inerentes ao cruzamento de seleções sem sementes em genótipos estenospermocárpicos, o resgate de embriões foi desenvolvido e utilizado com sucesso por melhoristas de plantas para resgatar embriões imaturos, a fim de obter progênie de cruzamentos de genitores sem sementes. O resgate de embriões em óvulo normalmente envolve

a remoção dos óvulos, a excisão dos embriões dos óvulos em desenvolvimento e a cultura dos mesmos *in vitro* até a formação das plântulas (LI; WNAG; WANG, 2015). A aplicação da cultura de embriões para o melhoramento de uvas sem sementes foi relatada pela primeira vez por Emershad e Ramming (1984) e, desde então, a técnica de resgate de embriões para o desenvolvimento de uvas apirênicas tem sido amplamente utilizada no melhoramento de uvas sem sementes em todo o mundo (BOUQUET; DANGLLOT 1996; JI *et al.*, 2013; LEDBETTER; RAMMING, 1989; LI; WANG; WANG, 2015; MEJIA; HINRICHSEN, 2003; SPIEGEL-ROY *et al.*, 1990), inclusive no Brasil (LEÃO *et al.*, 2021).

A eficácia no resgate de embriões depende de vários fatores, como o genótipo das cultivares de uva utilizadas, momento de remoção dos óvulos das bagas de uva (idade do óvulo após remoção), composição do meio de cultura utilizado para cultivar os óvulos, embriões e plântulas, método e condição de cultivo, aplicação de reguladores de crescimento de plantas. (EBADI *et al.*, 2016; KHOSHANDAM *et al.*, 2017; LI; WANG; WANG, 2015; RAZI *et al.*, 2013). Devido à complexidade e às interações entre esses diversos fatores que influenciam o processo de resgate de embriões, o melhoramento de uva sem sementes ainda não é tão eficiente (LIU *et al.*, 2016; ZHU *et al.*, 2020).

Em comparação às técnicas usadas nos métodos convencionais de reprodução, a técnica de resgate de embriões utilizada para o desenvolvimento de cultivares de uva sem semente é mais eficiente e econômica. Otimiza o tempo e os gastos necessários para criar uma geração, além de permitir a hibridação direta dos genótipos estenospermocárpicos, evitando uma diluição por genes de uma fêmea com semente e, por conseguinte a proporção de progênie sem sementes também é relativamente maior (LI; WANG; WANG, 2015; ZHU *et al.*, 2020). Essa técnica também permite a obtenção de novas cultivares de uva sem sementes a partir do cruzamento entre uvas de diferentes ploidias. Dentre os avanços técnicos, o uso da cultura de embriões é uma das contribuições mais importantes para o melhoramento da uva no século XX (AKKURT; TAHMAZ; VEZIROGLU, 2019).

A determinação da característica de apirenia entre os indivíduos da progênie, obtida a partir da técnica de resgate de embriões, ocorre principalmente em campo, quando as videiras jovens entram em produção, a velocidade de reprodução é restrita.

Vários métodos têm sido propostos para determinar com mais precisão o nível de ausência de sementes em genótipos de uvas estenospermocárpicas. Segundo Ledbetter e Shonnard (1991) os métodos de detecção do caráter apirenia geralmente requerem algum grau de subjetividade ou avaliação sensorial. Alguns autores utilizaram análise sensorial, ou seja,

basearam sua classificação na detectabilidade da semente rudimentar (LOOMIS; WEINBERGER, 1979; SPIEGEL-ROY *et al.*, 1990).

Métodos químicos também têm sido empregados para quantificar as diferenças entre cultivares com sementes e estenospermocarpicas (EBADI; MOGHADDAM; FATAHI, 2008). Em extratos de bagas inteiras, o conteúdo total de polifenóis da semente de uva também foi medido para quantificar as diferenças nos tamanhos dos traços da semente (MERIN *et al.*, 1983). Com o mesmo objetivo, a inibição da atividade da luciferase foi utilizada como medida quantitativa do tamanho do traço da semente de uva (PERL *et al.*, 1989).

Ledbetter e Shonnard (1991) conduziram um estudo, no qual examinou inúmeras variáveis de sementes e bagas que podem estar associadas ao caráter estenospermocárpico, com o objetivo de estabelecer uma metodologia quantitativa para determinar se um genótipo de uva apresenta ou não semente. Os autores utilizaram como parâmetros a frequência de ‘sinkers’ (sementes que afundam), massa relativa das sementes (frequência de ‘sinkers’ multiplicada pelo seu peso médio) e razão semente/fruto (peso total de sementes dividido pelo peso total de frutos). Assim, concluíram que as uvas sem sementes podem ser diferenciadas das uvas com sementes por apresentarem frequências de menos de um ‘sinkers’ por baga (LEDBETTER; SHONNARD, 1991).

Ramming *et al.* (1990) consideraram peso fresco de 25 mg como a separação entre genótipos com e sem sementes, mas estipularam como tamanho máximo do traço de semente para aceitação do consumidor cerca de 10 mg de peso fresco. Striem *et al.* (1992) usaram quatro classes para tamanho do traço da semente e consideraram a dureza do tegumento e o grau de desenvolvimento do endosperma como subclasses da ausência de sementes. Além disso, os autores correlacionaram a percepção do traço da semente com a dureza do tegumento e não com o tamanho.

A metodologia mais empregada mundialmente é a citada nos descritores para videiras (IPGR, 1997), a qual baseia-se em classes de separação de sementes por peso. Esse método classifica as sementes de acordo com a massa seca de uma amostra composta por cem sementes: I – massa muito baixa ($\leq 10 \text{ mg.semente}^{-1}$); II – massa baixa (21 a 29 mg.semente^{-1}); III – massa média (36 a 44 mg.semente^{-1}); IV – massa alta (51 a 59 mg.semente^{-1}) e V – massa muito alta ($> 65 \text{mg.semente}^{-1}$). As classes I e II são consideradas apirênicas de acordo com a norma regulamentadora 243 da OIV (1983).

Levando em consideração esses aspectos, pode-se inferir que considerando a visão botânica apenas as cultivares partenocárpicas seriam verdadeiramente sem sementes (JAIN; PRIYADARSHAN, 2009). Já na concepção do consumidor, uvas sem sementes seriam aquelas

com sementes rudimentares (traços de sementes), ou seja, são aquelas em que as sementes são imperceptíveis na degustação (EBADI; MOGHADDAM; FATAHI, 2008; JAIN; PRIYADARSHAN, 2009). A percepção da semente é influenciada por características da baga, como tamanho e consistência, e também por características da própria semente, como tamanho, grau de desenvolvimento, esclerificação do tegumento e desenvolvimento do endosperma (LEDBETTER; RAMMING, 1989). Dessa forma, classificação da uva pelos consumidores, quanto a presença ou ausência de semente, é uma avaliação sensorial marcada por certo grau de subjetividade.

Em resumo, pode-se dizer que a hibridização é o método clássico de melhoramento da uva de mesa sem sementes, compreendendo as seguintes etapas: seleção dos genitores, hibridizações controladas, resgate de embriões imaturos *in vitro*, aclimação e plantio em campo, avaliações e seleção agrônômica, e ensaios de validação em empresas comerciais (LEÃO; BORGES, 2009). Essa metodologia é amplamente utilizada entre os programas de melhoramento de uvas de mesa sem sementes nos Estados Unidos, Israel, África do Sul, Chile e Austrália (AKKURT; TAHMAZ; VEZIROGLU, 2019) e Brasil (LEÃO *et al.*, 2021).

Em todo o mundo muitas cultivares de uvas sem sementes obtidas por meio de hibridação e do resgate de embriões têm sido oferecidas ao mercado de uvas: ‘Autumn Royal’, ‘Beauty Seedless’, ‘Crimson Seedless’, ‘Fantasy Seedless’, ‘Flame Seedless’, ‘Ruby Seedless’, ‘Scarlet Royal’, ‘Sunred Seedless’, ‘Sweet Scarlet’; ‘Superior Seedless’ (AKKURT; TAHMAZ; VEZIROGLU, 2019). Cultivares, como ‘Honey Seedless’, ‘King Dela’ e ‘Mirei’, são exemplos de cultivares triploídes sem sementes cultivadas na Ásia (AKKURT; TAHMAZ; VEZIROGLU, 2019). De acordo com esses autores, um total de 67 cultivares de uvas sem sementes foram criadas desde 2000, sendo que a maioria delas foi registrada nos EUA, seguida pela Turquia, Brasil, China, Coreia do Sul e África do Sul.

No Brasil, os esforços de pesquisa em melhoramento genético de uvas apirênicas concentrados na Embrapa tem como principal objetivo características qualitativas superiores e ser adaptado às condições tropicais, deve apresentar reduzida dominância apical e brotação uniforme de gemas sem a necessidade de aplicação de reguladores de crescimento, resistência ou tolerância a doenças como míldio, oídio e ao cancro bacteriano, resistência ao excesso de chuvas durante a maturação e tolerância à salinidade do solo, ao estresse hídrico e à altas temperaturas (LEÃO; BORGES, 2009).

Mais de 20 cultivares de uva de mesa são cultivadas atualmente nessa região, principalmente uvas de mesa sem sementes desenvolvidas pela Embrapa e por empresas privadas internacionais de melhoramento. Entretanto, apesar do aumento e da importância

econômica das cultivares exóticas introduzidas na região, a suscetibilidade a doenças e a falta de adaptação às condições ambientais de alguns desses materiais genéticos, além do alto custo (royalties) para sua produção tem aumentado a demanda por novas cultivares públicas de uva de mesa sem sementes desenvolvidas no Brasil e adaptadas às condições ambientais do Semiárido brasileiro (LEÃO *et al.*, 2020).

2.4 Parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos apresentam grande relevância nos programas de melhoramento. Sua importância deve-se ao fato de permitir quantificar os efeitos genéticos, ambientais e também da interação genótipo x ambiente das características no fenótipo, além de determinar a precisão e acurácia da avaliação fenotípica, a qual impacta diretamente nos ganhos genéticos e na eficiência seletiva (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Além disso, possibilitam a tomada de decisões relacionadas a escolha do método de seleção mais apropriado e permitem um conhecimento mais aprofundado dos caracteres de interesse econômico (OTOBONI *et al.*, 2020). Dessa forma, os parâmetros genéticos de uma população fornecem as informações básicas para o melhoramento. No entanto, as estimativas dos parâmetros genéticos são válidas apenas para a população em estudo, em que o material experimental constitui uma amostra, bem como nas condições ambientais a qual está submetida (ALLARD, 1999).

As metodologias utilizadas para estimativas dos parâmetros genéticos direcionam as estratégias e admitem maiores ganhos devido à predição dos valores genéticos aditivos dos candidatos à seleção, viabilizando seleções com maior acurácia (RESENDE, 2000). Isso porque, a seleção de genótipos potenciais é feita com base nos valores genéticos aditivos dos indivíduos, tornando-se necessária a obtenção da estimativa da variância genética aditiva para a predição de ganhos. Então, a identificação de indivíduos que possuem genes desejáveis é realizada por meio da estimativa dos parâmetros genéticos (RESENDE, 2009). A obtenção dessas estimativas se dá por meio dos componentes de médias e componentes das variâncias das populações. Os componentes de variâncias são as variâncias associadas aos efeitos aleatórios de um modelo estatístico, no qual a média sempre é fixa e o erro aleatório (RESENDE, 2007).

A quantidade da variação de uma população é expressa pela variância em torno das médias. Essa variância pode ser dividida em componentes atribuídos a fatores ambientais, genéticos e as interações. Assim, a variação fenotípica total de uma característica é dada pela

soma da variação ambiental e da variação genética. A variância ambiental representa o quanto da variação é devido a causas não genéticas e não controladas, incluindo o erro experimental. Já a variância genética ou valor genético inclui as diferenças genéticas entre os indivíduos de determinada população, contém toda a porção que é herdável. A variação genética se decompõe em aditiva, em razão do efeito médio dos alelos; dominante, devido à interação entre os alelos do mesmo loco; e epistática ou interativa, proveniente das interações entre alelos de locos distintos. A variância aditiva é o único componente que pode ser estimado diretamente pelas observações feitas na população (BORÉM; MIRANDA; FRITSCH NETO, 2017).

Nesse contexto, as estimativas de parâmetros genéticos permitem obter informações sobre herdabilidades, repetibilidade, correlações genéticas, acurácia seletiva e ganhos esperados com seleção, demonstrando grande importância no melhoramento genético de plantas (RESENDE, 2009).

A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos mais importantes. É a razão entre a variância genética e a variância fenotípica, ou seja, a porção da variância fenotípica equivalente à origem genética, onde fenótipo e genótipo são relacionados. O principal papel da herdabilidade é prever a eficiência da seleção, ao expressar a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genético. No sentido amplo, essa herdabilidade engloba todos os três componentes da variação genética (aditivo, dominante e epistático) e pode ser calculada através da Equação 1.

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_i^2}{\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2} \quad (1)$$

onde σ_a^2 é a variância aditiva, σ_d^2 é a variância de dominância, σ_i^2 é a variância epistática e σ_e^2 é a variância ambiental. Já no sentido restrito, apenas a variância aditiva é considerada, logo $h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2}$, onde σ_a^2 é a variância aditiva, σ_d^2 é a variância de dominância, σ_i^2 é a variância epistática e σ_e^2 é a variância ambiental. Para fins de melhoramento genético, a herdabilidade no sentido restrito é a mais adequada, uma vez que considera somente o componente aditivo, que é a porção herdável da variância genética (RESENDE, 2009).

O coeficiente de herdabilidade pode variar de 0 a 1. Valores de herdabilidade próximo ou igual a um, indicam que o fenótipo é inteiramente determinado pelo genótipo, sem influências ambientais. Por outro lado, coeficiente de herdabilidade nulo, indica ausência de variabilidade genética para o caráter, isto é, as diferenças fenotípicas observadas são,

exclusivamente, não genéticas ou ambientais (ALLARD, 1999). Assim, quanto maior for a herdabilidade, maior será o ganho por seleção. De acordo com Viana e Resende (2014), a herdabilidade pode ser considerada de baixa magnitude quando $h^2 < 0,15$, magnitude média quando $0,15 < h^2 < 0,50$ e alta magnitude quando $h^2 > 0,50$.

Para uma mesma característica, as estimativas de herdabilidade podem variar dentro de um intervalo, o qual pode ser afetado pelo ambiente, diversidade da população, unidade experimental e, também, pela precisão na condução do ensaio e coleta dos dados (BORÉM, MIRANDA; FRITSCH NETO, 2017). A herdabilidade é usualmente estimada a partir da análise de variância de uma população em um determinado ambiente. Portanto, é comum a ocorrência de variações associadas a estimativas da herdabilidade e de outros parâmetros genéticos.

A repetibilidade é um parâmetro definido como a correlação entre medidas repetidas de um determinado caráter em um mesmo indivíduo, no tempo ou no espaço (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Isto é, expressa a variância total que é explicada pelas variações proporcionadas pelos genótipos e pelas alterações permanentes do ambiente comum que atuam nos genótipos. O coeficiente de repetibilidade mede a capacidade de um indivíduo em repetir a expressão do caráter, ao longo de vários períodos de tempo (RESENDE, 2009). O coeficiente de repetibilidade pode ser calculado a partir da Equação 2.

$$r = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_{perm}^2}{\sigma_f^2} \quad (2)$$

onde σ_g^2 é a variância genética, σ_{perm}^2 é a variância ambiental permanente e σ_f^2 é a estimativa da variância fenotípica individual (VIANA; RESENDE, 2014).

Na prática, com o coeficiente de repetibilidade são estimados o número de medições necessárias para prever o valor real de um genótipo (DELLA BRUNA *et al.*, 2012). O coeficiente de repetibilidade de m medidas é dado por (VIANA; RESENDE, 2014) (EQUAÇÃO 3).

$$r_m = [(mr)/(mr) + 1 - r] \quad (3)$$

onde m é o número de medidas repetidas e r é o coeficiente de repetibilidade.

Além disso, este coeficiente fornece o valor máximo que a herdabilidade no sentido amplo pode alcançar, pois expressa a proporção da variância inerente às diferenças genéticas confundidas com os efeitos permanentes que atuam no genótipo (CARGNIN, 2016). Dessa forma, quanto menores as variações proporcionadas pelo efeito permanente mais próximos serão os coeficientes de repetibilidade e de herdabilidade (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

O coeficiente de repetibilidade pode variar de 0 a 1, sendo 1 repetibilidade máxima. Segundo Resende (2009), a repetibilidade pode ser classificada em alta ($r > 0,60$), média ($0,30 < r < 0,60$), e baixa ($r < 0,30$). Assim, quando a repetibilidade do caráter é alta são necessárias poucas medições para predizer o valor real dos indivíduos, pois haverá pouco incremento da acurácia com o aumento do número de medições. Por outro lado, quando a repetibilidade do caráter é baixa, são necessárias várias repetições para que se alcance um valor de determinação satisfatório. Pois, com o aumento do número de medidas há redução nos valores das variâncias ambiental e fenotípica, o que representa ganho em precisão. Geralmente, para valores de repetibilidade medianos, não é vantajoso aumentar o número de medidas para aumentar a precisão (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

O uso do coeficiente de repetibilidade é extremamente útil no melhoramento de plantas perenes, devido ao longo ciclo dessas espécies. Nesse sentido, o coeficiente de repetibilidade tem sido estimado no melhoramento de muitas espécies frutíferas como a uva (CARGNIN, 2016; LEÃO *et al.*, 2018; SALES *et al.*, 2019), pêssego (DELLA BRUNA *et al.*, 2012), caju (SILVA *et al.*, 2013; MAIA *et al.*, 2016a), pupunha (FARIAS NETO *et al.*, 2013), bacuri (MAIA *et al.*, 2016b), manga (MAIA *et al.*, 2017), graviola (SANCHÉZ *et al.*, 2017), limão (MALIKOUSKI *et al.*, 2021), mamão (VIVAS *et al.*, 2014) e castanha do pará (PEDROZO *et al.*, 2015).

A acurácia seletiva demonstra a eficácia da inferência acerca dos valores genotípicos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Mede o quanto o valor genético predito é similar ao valor genético real dos genótipos. A acurácia do uso de m medidas em cada planta comparada com o uso de apenas uma em termos de ganho genético com seleção (A_{cm}) é expressa por (VIANA; RESENDE, 2014) (EQUAÇÃO 4).

$$A_{cm} = \sqrt{[(mr)/(mr) + 1 - r]} \quad (4)$$

onde m é o número de medidas repetidas e r é o coeficiente de repetibilidade. Esse parâmetro é influenciado pelo número de repetições, pela variância residual e ainda pela proporção entre a variância residual e variância genética, sendo recomendado acurácia superior a 0,70 para seleção em programas de melhoramento (RESENDE; ALVES, 2020).

Outro parâmetro importante é a correlação genética existentes entre as características. As correlações genéticas medem o nível de associação entre duas características, podendo ser positiva ou negativa. Quando positivas, o aumento de um determinado caráter significa a ocorrência de aumento no caráter associado. Caso sejam negativas, o incremento de um caráter ocasiona a redução de seu par correlacionado.

Conforme mencionado, os parâmetros genéticos apresentam grande importância para a efetividade do melhoramento de plantas. Nesse sentido, inúmeros trabalhos tem utilizado a metodologia de modelos lineares mistos para estimação dos parâmetros genéticos de populações de espécies frutíferas, visando a seleção de indivíduos seja para diferentes caracteres morfoagronômicos, fitossanitários, estabilidade ou adaptabilidade: acerola (PAIVA *et al.*, 2000), cupuaçu (ALVES *et al.*, 2008, MAIA *et al.*, 2011), coco (FARIAS NETO *et al.*, 2009), pêssego (DELLA BRUNA *et al.*, 2012), caju (MAIA *et al.*, 2009; MAIA *et al.*, 2016a; SILVA *et al.*, 2013), pupunha (FARIAS NETO *et al.*, 2013), castanha do pará (PEDROZO *et al.*, 2015) maracujá (FERREIRA *et al.*, 2016; SANTOS *et al.*, 2015; SILVA *et al.*, 2017a), bacuri (MAIA *et al.*, 2016b), manga (ARRIEL *et al.*, 2016; MAIA *et al.*, 2014; MAIA *et al.*, 2017), goiaba (BERTOLDO *et al.*, 2017; SANTOS *et al.*, 2017; SILVA *et al.*, 2017b), graviola (SANCHÉZ *et al.*, 2017), limão (MALIKOUSKI *et al.*, 2021), mamão (CARDOSO *et al.*, 2017, MOREIRA *et al.*, 2018; OLIVEIRA *et al.*, 2012; VIVAS *et al.*, 2014) e uva (LEÃO *et al.*, 2018; SALES *et al.*, 2019).

2.5 Modelos Lineares Mistos – REML/BLUP

O melhoramento genético de plantas perenes, como a videira, apresenta características específicas como a utilização do material genético selecionado por vários anos, uso de avaliações repetidas em cada indivíduo ao longo do tempo e redução na taxa de sobrevivência dos experimentos durante sua vida útil, fatos que tendem a gerar dados desbalanceados para uso na estimação dos componentes de variância (parâmetros genéticos) e na predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos (RODRIGUES *et al.*, 2020). A existência de experimentos ou campos de progênies na ausência de delineamento experimental, sem repetições, isto é, experimentos desbalanceados, são uma situação comum no melhoramento de

plantas perenes. No caso de dados desbalanceados, a ANOVA conduz a estimativas imprecisas de componentes de variância, sendo, portanto, a predição de valores genéticos equívoca (RESENDE, 2016). Por esses motivos, recomenda-se o uso de técnicas especiais de avaliação genética para estimar os parâmetros genéticos e predizer os valores genéticos na seleção tanto no melhoramento intrapopulacional quanto interpopulacional, propiciando uma seleção mais acurada (RESENDE, 2000).

A metodologia de modelos lineares mistos é uma importante ferramenta para selecionar genótipos superiores em programas de melhoramento de plantas (MEIER *et al.*, 2021). É considerada uma metodologia padrão para a prática da seleção de plantas perenes (RESENDE, 2001), por ser um dos procedimentos genético-estatísticos mais refinados e devido a sua grande acurácia no processo de seleção (PIMENTEL *et al.*, 2014). A metodologia dos modelos lineares mistos foi proposta por Henderson (1949), sendo inicialmente utilizada no melhoramento genético de animais.

Um modelo linear é denominado misto quando é composto por efeitos fixos, além da média geral, e efeitos aleatórios, além do erro experimental. Esses modelos possuem um ou mais efeitos fixos, além da média geral, e um ou mais efeitos aleatórios, além do erro experimental. Efeito fixo possui um número finito de níveis e é, portanto, estimável. Em contrapartida, efeito aleatório consiste em uma amostra da população, ou seja, uma amostra de um número infinito de níveis. Os efeitos aleatórios são preditos, uma vez que não possuem um valor real. A equação geral do modelo é representada na forma matricial e dada por: $y = Xm + Zp + e$, em que y é o vetor das observações; m é o vetor dos efeitos fixos; p é o vetor de efeitos aleatórios; X e Z são as matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente; e é o vetor residual. Assume-se que o efeito residual e , que inclui o efeito aleatório ambiental e o efeito genético não-aditivo, tem distribuição independente (RESENDE, 2007; VIANA; RESENDE, 2014).

No melhoramento genético de plantas perenes, a seleção de genótipos superiores geralmente é baseada na expressão fenotípica, que envolve efeitos genéticos e ambientais (MEIER *et al.*, 2021). Dessa forma, os efeitos de genótipos devem ser considerados aleatórios para realizar seleção genética, pois representam uma amostra da população, caso contrário, a seleção é fenotípica (RESENDE, 2004). Além disso, tratar genótipos como efeitos aleatórios permite a correção dos efeitos ambientais e a minimização de erros de previsão não dependente de valores genéticos (RESENDE, 2004). Portanto, quando se utiliza o modelo misto, considera-se médias genéticas preditas ao invés de médias fenotípicas observadas (RESENDE; DUARTE 2007). Isto é, a seleção deve ser baseada nos valores genotípicos, pois são estes os valores

preditos. Assim, é possível prever os valores genotípicos para toda população a partir de uma amostra avaliada (RESENDE, 2007).

Nesse sentido, a metodologia de modelos mistos facilita a predição de valores genotípicos e melhora a eficiência de seleção (PIMENTEL *et al.*, 2014). Essa abordagem permite a predição acurada e não enviesada dos valores genéticos mesmo sob desbalanceamento e também facilita o uso simultâneo das informações do indivíduo, da família e de medidas repetidas no tempo, propiciando estimativas mais precisas dos componentes da variação genética e predição dos valores genéticos individuais (PEREIRA *et al.*, 2013). Os valores genéticos individuais têm sido empregados como uma forma de aumentar os ganhos de seleção. A predição do valor genético aditivo levará a maximização da possibilidade de selecionar os melhores indivíduos e a maximização do ganho genético por ciclo de seleção (RESENDE, 2009).

No contexto da metodologia de modelos mistos, o método mais utilizado para prever valores genéticos associados aos efeitos aleatórios é o BLUP (melhor preditor linear não viesado) e o método padrão para estimar os componentes de variância é o REML (máxima verossimilhança restrita) (RESENDE, 2007; VIANA; RESENDE, 2014).

O método BLUP foi desenvolvido por Henderson (1975). A predição dos valores genéticos pelo BLUP é embasada em modelos lineares compostos por matrizes de incidência tanto de efeitos fixos como de aleatórios. A predição realizada pelo BLUP requer conhecimento prévio dos componentes de variância do modelo. Porém, na prática, os verdadeiros valores das variâncias genéticas e não genéticas são desconhecidos. Dessa forma, são utilizadas estimativas desses valores, que devem ser de alta precisão e elevada acurácia. Assim, a metodologia BLUP permite estimar, de forma aproximada, as variâncias genéticas, maximizando a correlação entre valores genéticos preditos e verdadeiros (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014; RESENDE, 2000). Então, não se tem BLUP, mas sim EBLUP, ou seja, BLUP empírico, já que os valores paramétricos são substituídos por suas estimativas. Com os BLUPs, obtém-se um ordenamento dos genótipos, pela ordem decrescente de seus valores genotípicos. Além disso, este procedimento minimiza os efeitos de dados desbalanceados, ponderando-os pela quantidade disponível para cada genótipo, fazendo o BLUP mais eficiente que as estimativas obtidas via método dos mínimos quadrados (RESENDE, 2000).

O método REML foi proposto por Patterson e Thompson (1971). Este método baseado na função de verossimilhança é recomendado para estimar componentes de variância em avaliações genéticas com dados desbalanceados, pois fornece estimativas não negativas dos componentes de variância e considera as perdas de graus de liberdade resultantes dos efeitos

fixos. Dessa forma permite gerar estimativas não viciadas e mais precisas dos componentes de variância e tem se mostrado mais eficiente do que o método de quadrados mínimos (RESENDE *et al.*, 2014).

Portanto, a metodologia dos modelos lineares mistos consiste em utilizar estes dois métodos juntos, denominado REML/BLUP, no qual os componentes de variância de uma população são estimados e os valores genéticos de indivíduos são preditos, maximizando a acurácia seletiva (RESENDE, 2016; RESENDE *et al.*, 2014).

Além de estimar os componentes de variância e fazer previsões e estimativas em torno dos valores genotípicos, a metodologia de modelos mistos permite testar a qualidade do ajuste do modelo. É possível testar a significância dos efeitos aleatórios do modelo através da análise de deviance (ANADEV), baseada no teste de razão de verossimilhança (LRT), porém a estrutura de efeitos fixos é mantida. A deviance consiste na razão entre as verossimilhanças do modelo completo em relação ao modelo sem o efeito que se deseja testar (RESENDE, 2007).

Para análise de deviance, deve-se primeiramente obter o logaritmo do ponto máximo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado. Em seguida, é preciso obter a deviance ($D = -2 \text{ Log L}$) para os modelos com e sem o efeito a ser testado. Posteriormente realiza-se a diferença entre as deviances dos modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo-se a razão de verossimilhança (LR). Por fim, a significância dessa diferença é feita, via LRT, usando a distribuição de χ^2 com um grau de liberdade. Os efeitos fixos do modelo podem ser testados com base no teste F (RESENDE, 2007).

O ganho predito com a seleção (GS) é obtido pela Equação 5.

$$GS = (\sum_{i=1}^n GV_i)/n \quad (5)$$

onde VG é o valor genotípico predito e n é o número de genótipos selecionados. Já o ganho predito com a seleção em porcentagem (GS%) é obtido pela Equação 6.

$$GS\% = \left[\frac{\bar{X}_m - \bar{X}_0}{\bar{X}_0} \right] x 100 \quad (6)$$

onde $GS\%$ é o ganho na seleção do melhor genótipo da população para a variável, \bar{X}_m é a média BLUP do genótipo selecionado para a variável e \bar{X}_0 é a média BLUP geral de todos os genótipos para a variável (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

As principais vantagens na utilização da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação simultânea de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos são: estima parâmetros genéticos e prediz de maneira precisa e não viesada os valores genotípicos, conduzindo à maximização da acurácia e do ganho genético com a seleção; permite analisar dados desbalanceados; não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; permite o uso simultâneo das informações do indivíduo, da família e de medidas repetidas no tempo, gerando estimativas mais precisas; corrige os dados para efeitos ambientais, permite comparar indivíduos através do tempo e espaço; permite lidar com estruturas complexas de experimentos e heterogeneidade de variâncias, maximiza a eficiência dos programas de melhoramento (RESENDE, 2007; RESENDE 2009; RESENDE *et al.*, 2014, VIANA; RESENDE, 2014).

Apesar das vantagens do emprego da metodologia de modelos mistos no melhoramento de plantas, ela passou a ser utilizada no Brasil só na década de 1990, e desde então tem sido aplicada. Atualmente, vem sendo amplamente utilizada no contexto melhoramento de plantas perenes e muito aplicada em espécies frutíferas (VIANA; RESENDE, 2014), por ser um procedimento ótimo de avaliação genotípica e permitir a seleção de indivíduos com os maiores valores genéticos (RESENDE, 2007).

Diversos autores relataram a eficiência de modelos lineares mistos, REML/BLUP, no melhoramento de plantas perenes como eucalipto (ROSADO *et al.*, 2012), café (CARIAS *et al.*, 2014, CARIAS *et al.*, 2016; RODRIGUES *et al.*, 2013), dendê (GOMES JUNIOR *et al.*, 2015), acerola (PAIVA *et al.*, 2000), cupuaçu (ALVES *et al.*, 2008, MAIA *et al.*, 2011), coco (FARIAS NETO *et al.*, 2009), pêssego (DELLA BRUNA *et al.*, 2012), caju (MAIA *et al.*, 2009; MAIA *et al.*, 2016a; SILVA *et al.*, 2013), pupunha (FARIAS NETO *et al.*, 2013), castanha do pará (PEDROZO *et al.*, 2015), maracujá (FERREIRA *et al.*, 2016; SANTOS *et al.*, 2015; SILVA *et al.*, 2017a), bacuri (MAIA *et al.*, 2016b), manga (ARRIES *et al.*, 2016; MAIA *et al.*, 2014; MAIA *et al.*, 2017), goiaba (BERTOLDO *et al.*, 2017; SANTOS *et al.*, 2017), graviola (SANCHÉZ *et al.*, 2017), limão (MALIKOUSKI *et al.*, 2021), mamão (CARDOSO *et al.*, 2017, MOREIRA *et al.*, 2018; OLIVEIRA *et al.*, 2012; VIVAS *et al.*, 2014), umbu-caja (MARQUES *et al.*, 2017).

Embora a metodologia dos modelos mistos seja amplamente utilizada no melhoramento genético de plantas perenes e espécies frutíferas, em uvas sua utilização se restringe aos trabalhos relacionados a estimativas de coeficiente de repetibilidade e ganhos genéticos em progênies de videira (LEÃO *et al.*, 2018; SALES *et al.*, 2019) e seleção de híbridos de uvas resistentes ao nematoide *Pratylenchus brachyurus* (SANTOS *et al.*, 2019).

Dado o exposto, com a utilização dos modelos mistos via REML/BLUP é possível aumentar a eficiência dos programas de melhoramento de uva, pois as inferências estatísticas são baseadas em médias genéticas com objetivo de ranquear os genótipos candidatos a serem lançados como cultivares. Essa metodologia permite obter estimativas com elevada acurácia (GOMES JUNIOR *et al.*, 2015).

2.6 Índice de seleção – FAI-BLUP

Os programas de melhoramento visam a obtenção de genótipos que superam os já existentes em várias características. Dessa forma, o processo de seleção de genótipos superiores implica na avaliação simultânea de uma série de características favoráveis que proporcionam um rendimento comparativamente superior (PEIXOTO *et al.*, 2021; VOLPATO *et al.*, 2021). No entanto, escolher genótipos de alto desempenho para múltiplas características simultaneamente pode ser uma tarefa complexa e difícil (PAIVA *et al.*, 2020; ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018; VOLPATO *et al.*, 2021), pois há uma redução nos ganhos de seleção à medida que o número de caracteres avaliados aumenta (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Se os caracteres considerados no melhoramento fossem correlacionados apenas em sentido favorável e com alta herdabilidade, a seleção simultânea de caracteres não seria mais difícil do que selecionar para cada característica individualmente. Todavia, correlações de elevadas magnitudes e em sentido desfavoráveis ou baixas correlações entre caracteres são muito comuns, tornando o melhoramento genético um trabalho mais desafiador e sendo necessário a utilização de metodologias que minimizem os efeitos indesejáveis da resposta correlacionada (YAN; REID, 2018).

Os índices de seleção representam uma combinação de diversas características sobre as quais se deseja obter respostas à seleção, permitindo melhorar diversas características simultaneamente, independentemente da existência ou não de correlação entre elas (ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018). É a combinação linear de vários valores fenotípicos, o qual resulta numa medida que concentra, num único valor, pontos positivos e negativos de cada genótipo para os caracteres avaliados (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Diferentes índices de seleção podem ser utilizados no melhoramento de plantas. Esses índices são construídos a partir de estimativas de parâmetros genéticos ou médias fenotípicas obtidas por meio de análise de variância. Além disso, uma forma de aumentar a eficácia da seleção seria utilizar valores genotípicos individuais, que são aditivos e têm maior precisão

(QUINTAL *et al.*, 2017). Esses valores genotípicos individuais podem ser estimados por meio de modelos lineares mistos do tipo máxima verossimilhança restrita e melhor tipo de predição linear não viesada (REML/BLUP) (FERREIRA *et al.*, 2016; RESENDE, 2009; RESENDE, 2016).

Assim, o uso de índice de seleção como alternativas de seleção de multicares tornou-se uma importante ferramenta no melhoramento de plantas e tem sido amplamente usada nos programas de melhoramento para a seleção de genótipos superiores (ALMEIDA *et al.*, 2021).

De modo geral, o uso dos índices de seleção propicia um menor ganho direto sobre determinada característica, contudo tal redução é compensada pelos ganhos favoráveis obtidos nos demais caracteres. Dessa maneira, o melhorista consegue selecionar genótipos mais competitivos em todos os aspectos mais rapidamente (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Por esse motivo, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta significativamente a eficiência em programa de melhoramento (REZENDE *et al.*, 2014).

Existem diversos índices de seleção citados na literatura que são usados no melhoramento vegetal e que levam a diferentes ganhos percentuais em cada característica de interesse, dentre os quais vale destacar os índices de Smith (1936) e Hazel (1943) e o de Mulamba e Mock (1978). O primeiro índice para seleção simultânea foi proposto por Smith (1936) para melhoramento de plantas, e por Hazel (1943), para melhoramento de animais. É um índice paramétrico onde se utiliza as matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica, contando ainda, com a habilidade do melhorista para definir os pesos econômicos para cada característica. Já o índice proposto por Mulamba e Mock (1978), denominado Soma de Rankings, é um índice não paramétrico que consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento (ranks), por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Em seguida, os valores atribuídos a cada característica são somados, para se obter a soma de ranking em que se define a classificação final dos genótipos.

Embora os índices clássicos de seleção linear multicares estejam disponíveis e sejam amplamente utilizados, há evidências de que a presença de multicolinearidade e a determinação arbitrária de coeficientes de ponderação das características podem prejudicar os ganhos genéticos (DALLÓ *et al.*, 2019; OLIVOTO *et al.*, 2019; OLIVOTO; NARDINO, 2020; VOLPATO *et al.*, 2021; WOYANN *et al.*, 2020). Nesse sentido, a combinação de técnicas multivariadas é eficiente para corrigir o problema de multicolinearidade em índices

multicaracterísticas clássicos como o SH (OLIVOTO *et al.*, 2019; ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018; ZUFFO *et al.*, 2020), permitindo que todas as características sejam selecionadas favoravelmente e com ganhos satisfatórios para aplicação em programas de melhoramento (BERMUDEZ; PINHEIRO, 2020).

Assim, abordagens para seleção de genótipos e recomendação de tratamento, com base em múltiplas características e proposição de ideótipo, que superam a fragilidade dos índices lineares clássicos, isto é, livre de coeficientes de ponderação e questões de multicolinearidade, como os índices FAI-BLUP e MGIDI (OLIVOTO; NARDINO, 2020; ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018), têm sido propostas.

A utilização de um ideótipo, definido com um genótipo alvo (DONALD, 1968), isto é, um modelo hipotético construído a partir de um conjunto de características agronômicas desejáveis, fornece aos melhoristas um alvo final de seleção, substituindo assim as tentativas e erros de aumentar gradativamente o desempenho da planta (VAN OIJEN; HÖGLIND, 2016). A ideia por trás do desenho de ideótipos é aumentar o desempenho das culturas, é claro, concentrando-se na seleção de genótipos com base em várias características simultaneamente (OLIVOTO; NARDINO, 2020).

Olivoto e Nardino (2020) propuseram um novo índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI), focado na seleção de genótipos e recomendação de tratamento com base em informações de múltiplas características. O desempenho do índice proposto é avaliado através de simulações de Monte Carlo onde o sucesso na seleção de caracteres com ganhos desejados é calculado para diversos cenários variando o número de genótipos e caracteres avaliados.

Rocha, Machado e Carneiro (2018) propuseram um índice multicaracterística, denominado índice FAI-BLUP, baseado em análise fatorial e desenho de ideótipos (distância genótipo-ideótipo). Esse índice considera a estrutura de correlação genética entre os caracteres obtida a partir dos dados (via análise fatorial exploratória de acordo com a descrição do método), direcionando o melhorista na seleção de genótipos mais próximos do ideótipo abrangendo múltiplas características, através da combinação ideológica de fatores desejáveis e indesejáveis, e ao longo de várias gerações. Este método é livre de multicolinearidade, não requer a atribuição de pesos econômicos às características, como no caso do índice clássico de Smith-Hazel e seus índices derivados, e considera a correlação genética - positiva ou negativa - dentro de cada fator, preservando a relação de seus traços e dando significado biológico aos ideótipos.

Além disso, esta metodologia permite combinar o uso de análise de fatores e modelos mistos (PEIXOTO *et al.*, 2021), ou seja, é capaz de incorporar os valores genéticos previstos (BLUPs) na análise (OLIVEIRA *et al.*, 2019, ROCHA *et al.*, 2019, WOYANN *et al.*, 2019). Assim, o cálculo desse índice multicaracterística prevê efeitos genéticos com modelos mistos, e o cálculo de valores genéticos usando REML/BLUP (REZENDE *et al.*, 2014), fazendo-se uma boa estratégia para seleção de genótipos.

De acordo com Rocha, Machado e Carneiro (2018), para utilização do índice de seleção FAI-BLUP o primeiro passo é definir o número de ideótipos com o seguinte algoritmo: $NI = 2n$, onde: NI é o número de ideótipos; n é o número de fatores.

O número de fatores é definido com base na combinação de fatores desejáveis e indesejáveis para o objetivo da seleção que deve ser igual ao número de autovalores (variância dos componentes principais) maiores ou igual a um. Após os ideótipos serem determinados é estimada a distância de cada genótipo de acordo com os seu ideótipo (genótipo – ideótipo) convertendo os valores em uma probabilidade espacial e ranqueamento do genótipo, com o seguinte algoritmo (ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018).

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1; j=1}^{i=n; j=m} \frac{1}{d_{ij}}}, \quad (5)$$

em que: P_{ij} é probabilidade do genótipo i ($i= 1, 2, \dots, n$) ser similar ao ideótipo j ($j= 1, 2, \dots, m$); d_{ij} é a distância genótipo – ideótipo, do genótipo i ao ideótipo j baseado na distância euclidiana padronizada.

A eficiência desse índice de seleção foi relatada para o melhoramento de diferentes culturas: sorgo (OLIVEIRA *et al.*, 2019; SILVA *et al.*, 2018,), feijão (ROCHA *et al.*, 2019), soja (VOLPATO *et al.*, 2021), abóbora (OLIVEIRA *et al.*, 2021), milho (PEIXOTO *et al.*, 2021) e trigo (MEIER *et al.*, 2021; WOYANN *et al.*, 2019;), mas apenas em uma frutífera, a mangaba (ALMEIDA *et al.*, 2021). Apesar da aplicabilidade dos índices de seleção ter sido demonstrada para diversas culturas, até o momento não foi relatado o uso desses índices em programas de melhoramento de videira. Uma alternativa a ser empregada na construção de índices e que pode resultar em um processo de seleção mais acurado é o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) (RESENDE, 2009).

2.7 Doenças da videira

A videira encontra-se amplamente distribuída em todo o mundo. No Brasil, a diversidade ambiental presente permite a existência de diferentes polos vitícolas, com características distintas de clima (temperado a tropical), solo, cultivares e manejo. O clima afeta diretamente o crescimento e desenvolvimento das plantas e a ocorrência de problemas fitossanitários. A maioria das regiões do país apresenta condições climáticas favoráveis ao desenvolvimento de doenças, as quais podem acometer as videiras durante todo o ciclo da cultura, afetando a produtividade.

As doenças de início de ciclo ocorrem somente em tecidos novos e atacam as folhas, os ramos e os cachos em desenvolvimento, por isso reduzem a produção e prejudicam a qualidade dos frutos. As doenças de final de ciclo, ocorrem nas folhas, podendo ocasionar sua queda precoce e, conseqüentemente, comprometer o armazenamento de energia necessária para brotação das gemas, afetando, portanto, a manutenção da videira no período de dormência. Tanto as doenças de início de ciclo quanto as de final merecem atenção pelos danos que podem causar à cultura (NOGUEIRA JÚNIOR; AMORIM; SPÓSITO, 2021). Nesse sentido, dentre as dificuldades no manejo da videira, está o controle de fitopatógenos, visto que algumas doenças podem causar graves prejuízos.

As doenças podem ser causadas por diferentes patógenos. No Brasil, as principais doenças da videira causadas por fungos são míldio (*Plasmopora viticola*), oídio (*Uncinola necator*), ferrugem (*Phakospora euvitis*), declínio (*Eutypa* sp.), antracnose (*Elsinoe ampelina*) e requeima (*Phytophthora infestans*). A doença bacteriana de grande importância econômica para esta cultura é o cancro bacteriano da videira e encontra-se com ocorrência limitada a alguns estados no Brasil. As viroses também acarretam importantes prejuízos ao viticultor, sendo as principais: enrolamento-da-folha, complexo-do-lenho-rugoso, mancha ou mosaico-das-nervuras, degenerescência-da-videira e necrose-das-nervuras (BARBOSA *et al.*, 2016). De modo geral, míldio e oídio são doenças disseminadas em todas as áreas vitícolas do mundo, enquanto outras são mais restritas a determinadas regiões, sendo influenciadas pelas cultivares plantadas e pelo clima (BARBOSA *et al.*, 2016).

O manejo integrado de doenças é a melhor alternativa para controle de doenças e evitar perdas na produtividade. Conhecer e identificar corretamente cada uma delas é o primeiro passo para um controle mais eficiente. Além disso, o controle não deve ser restrito apenas à aplicação de agroquímicos, uma vez que para algumas doenças esta medida não tem sido eficaz. A utilização de outros métodos, como controle cultural, biológico, genético, além de princípios

de regulação (adoção de medidas para alteração dos fatores ambientais favoráveis) e da proteção, proporcionam maior eficiência no controle das doenças (GARRIDO, 2019)

O cancro bacteriano da videira foi inicialmente classificado como *Pseudomonas viticola* Nayudu sp. nov. (NAYUDU, 1972). Após a alteração do sistema de classificação de bactérias fitopatogênicas, com a introdução do termo patovar, *Pseudomonas viticola* foi reclassificada como *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* (Nayudu) Dye (Xcv) (Young, Dye e Bradbury, 1978). Recentemente alguns estudos genômicos verificaram que *X. campestris* pv. *viticola* é um patovar de *Xanthomonas citri* (BANSAL *et al.*, 2017; MIDHA; PATIL, 2014;). Então, a reclassificação de *X. campestris* pv. *viticola* como *X. citri* pv. *viticola* (Nayudu) Dye comb. nov., foi proposta (GAMA *et al.*, 2018). Entretanto, ainda não se tem o reconhecimento do Comitê Internacional de Taxonomia de Fitobactérias da Sociedade Internacional de Fitopatologia e, portanto, *X. campestris* pv. *viticola* ainda é nomenclatura válida.

A morfologia de *X. campestris* pv. *viticola* é descrita como um bastonete, Gram-negativo, com dimensões de 0,6 x 1,2 - 2,5 µm, apresentando um flagelo polar e metabolismo aeróbico. As colônias formadas em meio ágar nutritivo são arredondadas, convexas, brilhantes, com borda lisa e coloração esbranquiçada, pois não produz o pigmento xantomonadina, que confere a coloração amarela as colônias, característico do gênero *Xanthomonas* (NAYUDU, 1972).

O cancro bacteriano da videira foi descrito pela primeira vez em 1969 na Índia, causando sintomas de cancro na cultivar Anab-e-Shahi (NAYUDU, 1972). A ocorrência mundial do cancro bacteriano da videira é restrita (TRINDADE *et al.*, 2005). Além da Índia, o cancro bacteriano da videira foi detectado na Ucrânia (KONCHENKO, 1993), Brasil (MALAVOLTA JUNIOR *et al.*, 1999), Tailândia (BUENSANTEAI, 2004) e África (MIDHA; PATIL, 2014). No Brasil, a doença foi relatada pela primeira vez em 1998, em parreirais da cultivar de *Vitis vinifera* 'Red Globe', no Vale do Submédio São Francisco, na cidade de Petrolina, Pernambuco (MALAVOLTA JUNIOR *et al.*, 1999), provavelmente introduzida a partir da importação de materiais propagativos contaminados originários da Índia (RODRIGUES NETO *et al.*, 2011).

Posteriormente a primeira detecção, a doença rapidamente foi disseminada para outras regiões do país, sendo detectada no mesmo ano nos Estados da Bahia e Piauí (LIMA *et al.*, 1999; MALAVOLTA JUNIOR *et al.*, 1999) e mais tarde nos Estados do Ceará (FRIERE; OLIVEIRA, 2001), Goiás (JUNQUEIRA *et al.*, 2006), Minas Gerais (MARQUES, 2007), Roraima (HALFELD-VIEIRA; NECHET, 2006; MALAVOLTA JUNIOR *et al.*, 2008), Paraná (TOMAZ *et al.*, 2011) e São Paulo (RODRIGUES NETO *et al.*, 2011). Apesar dos relatos da doença em diversos estados, medidas de erradicação foram adotadas na maioria deles e,

atualmente, sua distribuição é restrita à região nordeste (FERREIRA *et al.*, 2019). A *X. campestris* pv. *viticola* é classificada como praga quarentenária presente (A2) apenas nos estados da Bahia, Ceará, Pernambuco e Roraima (Instrução Normativa n° 38/2018), onde se encontra sob controle oficial (BRASIL, 2018).

Após ocorrência no Brasil, o cancro bacteriano da videira tornou-se uma das mais importantes bacterioses da videira na região nordeste, com incidência expressiva, responsável por danos severos e representando sério potencial de risco ao desenvolvimento da viticultura brasileira (ARAUJO *et al.*, 2005; GAMA *et al.*, 2018; GUERRA *et al.*, 2018;) e às exportações de uva do país (LIMA *et al.*, 2017). As cultivares severamente afetadas foram 'Red Globe' e as cultivares sem sementes originadas de 'Thompson Seedless', nas quais a incidência foi de até 100%, com perdas totais na produção em algumas áreas. Os sintomas da doença foram detectados com incidência variável em 'Italia', 'Festival', 'Piratininga', 'Patricia', 'Ribier', 'Catalunha', 'Brasil' e 'Benitaka' (LIMA *et al.*, 1999; RODRIGUES NETO *et al.*, 2011).

Além da videira, *X. campestris* pv. *viticola* também foi encontrada infectando naturalmente plantas de *Azadirachta indica* A. Juss. e *Phyllanthus maderaspatensis* L., na Índia (NAYUDU, 1972). No Brasil, algumas espécies de plantas daninhas como *Momordica charantia* L., e *Phyllanthus* sp., *Alternanthera tenella* Colla, *Amaranthus* sp., *Glycine* sp. e *Senna obtusifolia* L. Irwin & Barneby, têm sido identificadas como potenciais hospedeiros alternativos do patógeno (PEIXOTO *et al.*, 2007). Em inoculações artificiais, a bactéria se mostrou patogênica a diversas espécies de plantas da família Anacardiaceae como mangueira (*Mangifera indica* L.), cajueiro (*Anacardium occidentale* L.), umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arruda) e cajá-manga (*Spondias dulcis* Forst.) e aroeira (*Schinus terebenthifolus*) (Araujo, 2001). Santos *et al.* (2014) também verificaram sintomas nas espécies inoculadas *Glycine* sp., *Senna obtusifolia*, *Desmodium discolor*, *Amaranthus deflexus*, *Azadirachta indica*, *Solanum lycopersicum* e *Vigna unguiculata*.

Os sintomas da doença podem ser observados em várias partes das plantas (folhas, ramos, flores e frutos) e em qualquer estágio de desenvolvimento. Nas folhas surgem como pequenas lesões necróticas e angulares de 1 a 2 mm de diâmetro, com ou sem halos amarelados, algumas vezes coalescendo e causando a morte de extensas áreas do limbo foliar. Nas nervuras e pecíolos das folhas, nos ramos e ráquis dos frutos formam-se manchas escuras irregulares, alongadas, que evoluem para fissuras longitudinais de coloração escura, conhecidas como cancos e podem causar descoloração vascular. As bagas são desuniformes em tamanho e cor, podendo apresentar lesões escuras, deprimidas e necróticas, comprometendo a comercialização dos frutos. Com a evolução da infecção, os cancos dilatam-se formando rachaduras e expondo

os tecidos subjacentes. A infecção pode tornar-se sistêmica, ao alcançar o sistema vascular da planta (NAYUDU, 1972). No entanto, a intensidade dos sintomas causados por *X. campestris* pv. *viticola* varia de acordo com o nível de tolerância da cultivar à doença e segundo as condições ambientais (LIMA, 2001). Nesse sentido, Nascimento *et al.* (2004) elaboraram uma escala diagramática, que se mostrou adequada, para quantificação da severidade da doença no campo.

A reação de genótipos de videira e espécies de *Vitis* à *X. campestris* pv. *viticola* é bastante variável. Estudos já foram realizados na Índia (CHAND, 1992; KAMBLE., 2017) e no Brasil, nos estados de São Paulo (MALAVOLTA *et al.*, 2003), Pernambuco (NASCIMENTO *et al.*, 2006) e Bahia (ZUCAL *et al.*, 2016). Na Índia, Chand (1992) realizou estudo com oito gêneros da família Vitaceae, incluindo 14 espécies de *Vitis*, e 73 cultivares de *V. vinifera* L., em condições de infecção natural e artificial. Verificou que *V. vinifera* foi altamente susceptível, enquanto os outros gêneros, e algumas espécies de *Vitis* foram altamente resistentes. Além disso, entre as cultivares de *V. vinifera*, as sem sementes foram mais suscetíveis quando comparadas às com sementes e quando se trata apenas das sem sementes, as pigmentadas são mais suscetíveis do que as brancas (CHAND, 1992).

No Brasil, Malavolta Junior (2003), avaliaram as reações de cultivares de videira pertencentes às espécies *Vitis vinifera* L. e *V. labrusca* L. x *V. vinifera* L. a *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*, por meio das inoculações artificiais. Observaram que embora as cultivares de *V. vinifera* ('Red Globe', 'Benitaka', 'Rubi', 'Itália') tenham se mostrado mais suscetíveis a esse patógeno, os híbridos de *V. labrusca* x *V. vinifera* ('Niagara Branca' e 'Niagara Rosada'), também podem ser infectados. Lopes e Nascimento (2004) notaram diferenças na susceptibilidade de clones de uvas apirênicas ao patógeno, em campo. Nascimento *et al.* (2006) observaram que os clones 'Brasil' e 'Isabel' apresentam maior intensidade da doença, enquanto que o porta-enxerto 'Paulsen 1103' essa intensidade foi menor. Kample *et al.* (2017) examinaram diferentes graus de suscetibilidade em germoplasmas *V. vinifera*, *V. labrusca* e outros híbridos multiespécies de *Vitis* contra *X. campestris* pv. *viticola* em casa de vegetação. 'Thompson Seedless' e suas variedades mutantes pertencentes a *V. vinifera* foram altamente suscetíveis. Entre os germoplasmas de *V. labrusca* testados, apenas Bangalore roxo apresentou alta suscetibilidade. Outros germoplasmas de *V. labrusca* e outros híbridos multiespécies apresentaram baixo grau de suscetibilidade ou resistência ao patógeno.

Em condições favoráveis ao desenvolvimento da doença, alta umidade e elevada temperatura, esse patógeno é capaz de sobreviver de um ciclo para outro em plantas, bacelos ou mudas infectadas ou de forma epifítica em órgãos da parte aérea de plantas assintomáticas

(ARAÚJO, 2001; NASCIMENTO; MARIANO, 2004), em hospedeiros alternativos (PEIXOTO *et al.*, 2007; SANTOS *et al.*, 2014), em ferramentas de corte de videira (NAUE *et al.* 2014), em restos de culturas infectados por pelo menos 80 dias (SILVA *et al.*, 2012). A principal maneira de introdução e disseminação a longas distâncias da bactéria ocorre através de materiais propagativos (mudas e bacelos) infectados (NASCIMENTO; MARIANO, 2004, PEIXOTO *et al.*, 2007). Nos parreirais, a disseminação pode ocorrer por meio de chuvas ou respingos de água de irrigação, pulverizações, de restos culturais infectados espalhados pelo pomar, aderidos em roupas, veículos e instrumentos agrícolas não desinfestados, tais como luvas, tesouras de poda e contentores (NASCIMENTO; MARIANO, 2004).

Para o manejo do cancro bacteriano da videira é recomendado um conjunto de medidas preventivas, uma vez que não existem produtos registrados para o controle do cancro bacteriano no Brasil (MALAVOLTA JUNIOR *et al.*, 1999). A pulverização de compostos de cobre é recomendada como método protetivo, uma vez que são capazes de inibir ou retardar a multiplicação bacteriana e, conseqüentemente, minimizar os danos e a disseminação da doença (MALAVOLTA JUNIOR *et al.*, 1999). Oxicloreto de cobre, sulfato de estreptomicina, tetraciclina, bacterinol, carbonato cúprico de amônio, cobre + calda bordalesa, apresentaram eficiência na redução de infecções da bactéria (GITATTIS *et al.*, 1986). Contudo, já foi relatada tolerância adquirida em estirpes de *X. campestris* pv. *viticola* (MARQUES *et al.*, 2009). Além disso, observou-se que a erradicação da bactéria presente em bacelos de videira pelo uso de termoterapia, bactericidas e sanitizantes não é eficiente (NAUE *et al.*, 2014). O patógeno se mostrou resistente à antibióticos como vancomicina, penicilina e oxacilina (KAMBLE *et al.*, 2019).

Considerando que o controle químico é ineficiente e a erradicação do patógeno é inviável, medidas preventivas são as mais recomendadas, destacando-se: poda de ramos doentes, eliminação de plantas severamente atacadas, desbaste e raleio, queima de restos de cultura e eliminação de hospedeiros alternativos do patógeno (LOPES; NASCIMENTO, 2004), compostagem dos restos culturais durante 10 dias (SILVA *et al.*, 2012). Além disso, o emprego da cultura de tecidos para propagação de plantas livres de patógenos foi considerada uma prática eficiente (SILVA *et al.*, 2013). O uso de cultivares resistentes também pode ser uma importante alternativa de controle, devido à sua praticidade de adoção e custo para o produtor, além de reduzindo a densidade populacional do patógeno (CHAND, 1992).

Devido ao fato de *X. campestris* pv. *viticola* ser para o Brasil uma praga quarentenária presente, a Instrução Normativa n° 2/ 2014 estabelece o manejo do cancro bacteriano (BRASIL, 2014). Coloca quais medidas fitossanitárias devem ser adotadas pelo produtor, importador,

comerciante ou detentor de plantas e partes de plantas de espécies do gênero *Vitis*, para prevenção, controle e erradicação da praga *X. campestris* pv. *viticola*, bem como pelo produtor, proprietário, arrendatário ou ocupante a qualquer título, de propriedade e pelos órgãos oficiais de defesa agropecuária.

Dado o exposto, o cancro bacteriano, causado por *X. campestris* pv. *viticola*, é a doença bacteriana mais importante da videira no Brasil. Como não existe um método único mais eficiente para o controle do cancro bacteriano de videira, várias medidas preventivas e de erradicação são recomendadas, dificultando o controle da doença (GUERRA *et al.*, 2018). Conseqüentemente, a doença continua restringindo a produtividade dos vinhedos no Vale do Submédio São Francisco e impedindo a veiculação de material propagativo da videira de estados brasileiros, com presença do patógeno, para outras áreas. Salienta-se ainda o risco de imposição de barreiras fitossanitárias por parte de países importadores devido à presença de *X. campestris* pv. *viticola*, limitando a venda de uvas no mercado internacional (NAUE *et al.*, 2014).

O míldio da videira, causado pelo oomiceto biotrófico obrigatório *Plasmopara viticola* (Berk. & Curt) Berl. & de Toni é uma doença que ocorre na videira (*Vitis* sp.) e apresenta elevado impacto econômico em todo o mundo (ANGELOTTI *et al.*, 2017; DE BEM *et al.*, 2016; LAZAZZARA *et al.*, 2018). O fungo *P. viticola* foi ocasionalmente introduzido na França a partir da América do Norte durante o século XIX e rapidamente se espalhou pela Europa (GALET, 1977; GESSLER *et al.*, 2011). Atualmente, o míldio da videira é considerado uma das principais doenças da viticultura brasileira (BUONASSISI *et al.*, 2017; AMARAL *et al.*, 2020), assumindo grande importância em regiões úmidas (ATAK *et al.*, 2017). Alta umidade do ar, temperaturas entre 20° e 25°C e água livre na folha são condições ótimas para o desenvolvimento da doença (ANGELOTTI *et al.*, 2017; ATAK *et al.*, 2017; CAFFI *et al.*, 2016). Esse fitopatógeno foi relatado como uma espécie complexa (ROUXEL *et al.*, 2013), sendo capaz de danificar caules, folhas, ramos herbáceos, inflorescências e frutos, levando a grandes perdas de qualidade e rendimento (AMARAL *et al.*, 2020). Dessa forma, o míldio ocorre em todas as fases do cultivo e pode causar perdas de até 100% na produção, além de poder afetar a produção dos anos seguintes (ANGELOTTI *et al.*, 2017).

O míldio pode causar danos diretos e indiretos a cultura da uva. Os danos diretos estão relacionados às perdas quantitativas, ao infectar inflorescências e cachos. Destaca-se que período crítico para a infecção das bagas e esporulação do patógeno ocorre logo após o florescimento (BUFFARA *et al.*, 2014; YIN *et al.*, 2017). Indiretamente, pode provocar uma desfolha precoce da planta devido às infecções foliares (TOFFOLATTI *et al.*, 2016). Embora

todas as partes verdes da videira sejam suscetíveis, os primeiros sintomas do míldio geralmente são vistos nas folhas cinco a sete dias após a infecção (BUFFARA *et al.*, 2014).

Os sintomas iniciais do míldio são caracterizados por manchas irregulares amareladas e com aparência oleosa (manchas de óleo) na superfície adaxial da folha, que evoluem em manchas marrons ou necróticas causando morte dos tecidos infectados (YIN *et al.*, 2017). Sob condições climáticas favoráveis, as estruturas reprodutivas do patógeno de aparência branco cotonosa cobrem a maior parte da face abaxial da folha (BUFFARA *et al.*, 2014). Estas estruturas também podem surgir nos brotos e ponteiros que se tornam curvos e grossos quando infectados. Os sintomas nos cachos, quando a infecção ocorre logo após o florescimento, são bagas acinzentadas e com crescimento fúngico na sua superfície. Entretanto, se a infecção ocorrer quando as bagas atingirem a fase de ‘ervilha’, o crescimento do fungo ocorre apenas internamente, deixando a baga coreácea e escurecida (BUFFARA *et al.*, 2014; YIN *et al.*, 2017).

A avaliação da severidade de doenças é uma decisão importante na adoção de estratégias e medidas de controle. Assim, a utilização de escala diagramática com apropriada aplicabilidade para a avaliação da severidade do míldio da videira, respeitando as limitações da acuidade visual, é recomendada (BUFFARA *et al.*, 2014). A capacidade do patógeno em causar grandes danos em pouco tempo torna o uso do controle químico, essencial para o manejo da doença em cultivares suscetíveis. Necessitando de pulverizações regulares para manter a superfície dos órgãos do hospedeiro coberta com uma dosagem efetiva dos produtos, sendo necessário, com isso, um grande número de pulverizações a cada ciclo da cultura (SOUZA *et al.*, 2018).

A principal estratégia de controle do míldio da videira baseia-se em tratamentos com fungicidas, principalmente os cúpricos, os quais são frequentemente aplicados em vinhedos (FONTAINE *et al.*, 2019; GESSLER; PERLOT; PERAZZOLI, 2011; WONG; BURR; WILCOX, 2001). Nesse sentido, Souza *et al.* (2018) avaliaram diferentes frequências de aplicação de metalaxil + mancozeb no controle do míldio em videiras ‘BRS Vitória’ e verificaram que o controle mais eficiente foram duas pulverizações semanais com metalaxil + mancozeb, seguidas de uma pulverização semanal.

No entanto, o uso intensivo de produtos químicos torna-se cada vez mais restritivo devido ao risco à saúde humana e segurança alimentar, ao desenvolvimento de cepas resistentes, à pressão do patógeno e ao impacto ambiental negativo (BUONASSISI *et al.*, 2017). Dessa forma, atualmente, alternativas aos tratamentos químicos, como o uso de agentes de biocontrole ou cultivares resistentes, desempenham um papel primordial no controle dessa doença (ATAK *et al.*, 2017).

Nesse sentido, esforços têm sido direcionados para melhorar a resistência de videiras suscetíveis, e as espécies de videiras selvagens resistentes são importantes para o melhoramento de germoplasma de cultivares comerciais (MA *et al.*, 2018). Estudos mostraram que espécies de *Vitis* de origem americana (*V. riparia*, *V. cinerea*, *V. labrusca*, *V. rupestris*, *V. berlandieri*, *V. lincecumii* e *Muscadinia rotundifolia*) geralmente apresentam um grau de resistência mais elevado do que as européias. (*V. vinifera*) (ATAK *et al.*, 2017; BUONASSISI *et al.*, 2017, KORTEKAMP; ZYPRIAN, 2003; MERDINOGLU *et al.*, 2018).

Além das grandes diferenças na suscetibilidade das espécies de *Vitis* ao míldio, o nível de resistência pode variar consideravelmente de cultivar para cultivar e até mesmo de clone para clone dentro de uma mesma cultivar. Os diferentes níveis de resistência também podem ocorrer devido às raças de patógenos, gravidade da doença ou ecologia em diferentes locais (ATAK *et al.*, 2017). Além disso, a severidade da doença varia de ano para ano, dependendo principalmente das condições climáticas, da presença de inóculo (histórico da doença) e da suscetibilidade das videiras (KRANZ, 1974).

Nos últimos anos diferentes pesquisas de melhoramento têm sido realizadas para obter cultivares resistentes ou tolerantes ao míldio (AMARAL *et al.*, 2020; ATAK *et al.*, 2017; FU *et al.*, 2020; MA *et al.*, 2018; RITSCHER *et al.*, 2015; SÁNCHEZ-MORA *et al.*, 2017; SHIDFAR *et al.*, 2019; TOFFOLATTI *et al.*, 2016; VEZZULLI *et al.*, 2018). No Brasil, o Programa de Melhoramento Genético da Uva da Embrapa Uva e Vinho, buscando introduzir resistência ao patógeno nas cultivares desenvolvidas, obteve sucesso no desenvolvimento das uvas de mesa 'BRS Nubia', 'BRS Vitória' e 'BRS Isis' que, em campo e em casa de vegetação, apresentaram diferentes níveis de resistência ao míldio (RITSCHER *et al.*, 2015).

Mais recentemente, as interações entre *P. viticola* e plantas de videira suscetíveis e resistentes foram extensivamente caracterizadas, em níveis genômicos, transcriptômicos, proteômicos e metabolômicos (BUONASSISI *et al.*, 2017). Cesco *et al.* (2020) também investigaram o possível papel da modulação iônica foliar durante interações entre *Plasmopara viticola* e plantas de videira e destacaram a existência de uma ligação entre a nutrição mineral e a resposta das plantas a patógenos, reforçando ainda que estratégias de fertilização adequadas podem ser fundamentais para a expressão de mecanismos de resposta contra patógenos. Esses recentes avanços alcançados na exploração da interação hospedeiro-patógeno, que levaram à identificação de locos de resistência ao míldio (BUONASSISI *et al.*, 2017).

Dado o exposto, a ocorrência de epidemias nas lavouras é dependente da relação entre hospedeiros e patógenos sob influência ambientais e antrópicas (KRANZ, 1974). Alterações

nesses fatores podem promover ou inibir o desenvolvimento de doenças nas plantas. Modificações nas espécies cultivadas podem ser feitas por meio de melhoramento convencional ou através de técnica transgênica, com auxílio de biotecnologias e ciências ômicas, induzindo resistência ou tolerância a patógenos (BUONASSISI *et al.*, 2017; SÁNCHEZ-MORA *et al.*, 2017).

REFERÊNCIAS

- ABIRI, K. *et al.* Morphological and pomological variability of a grape (*Vitis vinifera* L.) germplasm collection. **Scientia Horticulturae**, v. 266, n. 8, p. 1-12, 2020.
- AKKURT, M. *et al.* Using SCC8, SCF27 and VMC7f2 markers in grapevine breeding for seedlessness via marker assisted selection. **Genetic and Molecular Research**, v. 11, n. 3, p. 2288-2294, 2012.
- AKKURT, M.; TAHMAZ, H.; VEZIROĞLU, S. Recent Developments in Seedless Grapevine Breeding. **South African Journal of Enology and Viticulture**, v. 40, n. 2, p. 260-265, 2019.
- ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 2. ed. Nova York: JohnWiley & Sons, 1999. 254 p.
- ALLEWELDT, G. Genetics of grapevine breeding. **Progress in Botany**, v. 58, p. 441-454, 1997.
- ALLEWELDT, G.; SPIEGEL-ROY, P.; REISCH, B. Grapes (*Vitis*). **Acta Horticulturae**, v. 290, p. 289-327, 1990.
- ALMANÇA, M. A. K.; LERIN, S.; CAVALCANTI, F. R. Doenças da videira. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 36, n. 289, p.7-12, 2015.
- ALMEIDA, G. Q. *et al.* Selection of *Hancornia speciosa* germplasm accessions based on the FAI-BLUP index. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia. v. 51, p. 1-8, 2021.
- ALVES, F.M.; RESENDE, M.D.V. Avaliação genética de indivíduos e progênes de cupuaçuzeiro no estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 30, n. 3, p. 696-701, 2008.
- AMARAL, B. D. *et al.* Prospecting for resistance of interspecific hybrids of *Vitis* spp. to *Plasmopara viticola*. **Euphytica**, v. 216, n. 68, p. 1-14, 2020,
- ANGELOTTI, F. *et al.* Climate change and the occurrence of downy mildew in Brazilian grapevines. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 52, n. 6, p. 426-434, 2017.
- ARADHYA, M. *et al.* Genetic diversity, structure, and patterns of differentiation in the genus *Vitis*. **Plant Systematics and Evolution**, v. 299, p. 317-330, 2013.
- ARAÚJO, J. S. P.; ROBBS, C. F.; MACIEL, G. F. Incidência do cancro bacteriano da videira na estação chuvosa do Submédio São Francisco. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 24 p. 246, 1999.
- ARRIEL, D. A. A. *et al.* Genetic control of resistance on *Mangifera indica* to ceratocystis wilt. **Scientia Horticulturae**, v. 211, n. 1, p. 312-318, 2016.

ATAK, A. *et al.* Susceptibility to downy mildew (*Plasmopara viticola*) and powdery mildew (*Erysiphe necator*) of different *Vitis* cultivars and genotypes. **Ciência e Técnica Vitivinícola**, Oeiras, v. 32, n.1, p.23-32, 2017.

BANSAL, K. *et al.* **Ecological and evolutionary insights into pathogenic and non-pathogenic rice associated *Xanthomonas***. New York: Cold Spring Harbor Laboratory, 2019.

BAVARESCO, L. *et al.* Grapevine breeding programs in Italy. *In: Grapevine breeding programs for the wine industry*. Oxford: Woodhead Publishing, 2015. p. 135– 157.

BERGAMINI, C. *et al.* Validation assay of p3_VvAGL11 marker in a wide range of genetic background for early selection of stenospermocarpy in *Vitis vinifera* L. **Molecular Biotechnology**, v. 54, n. 3, p.1021-1030, 2013.

BERMUDEZ, F.; PINHEIRO, J. B. Selection to high productivity and stink bugs resistance by multivariate data analyses in soybean. **Bragantia**, Campinas, v. 79, n. 2, p. 250-259, 2020.

BERTOLDO, J. G. *et al.* Predição dos valores genéticos entre e dentro de populações de goiabeira-serrana [*Acca selowiana* (O. Berg.) Burret] em fase juvenil. **Revista Brasileira de Tecnologia Agropecuária**, v. 1, n. 2, p. 97-104, 2017.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCH NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: UFV, 2017, 543 p.

BOUQUET, A.; DANGLLOT, Y. Inheritance of seedlessness in grapevine (*Vitis vinifera* L.). **Vitis**, v. 35, p. 35-42, 1996.

BRASIL. Ministério da agricultura, pecuária e abastecimento/Secretaria de defesa agropecuária. **Instrução Normativa nº 38, de 1º de outubro de 2018, 2018**. Disponível em: http://www.in.gov.br/materia/-/asset_publisher/Kujrw0TZC2Mb/content/id/43461167/do1-2018-10-02-instrucao-normativa-n-38-de-1-de-outubrode-2018-43461024. Acesso em: 15 dez. 2021.

BRASIL. Ministério da agricultura, pecuária e abastecimento/Secretaria de defesa agropecuária. **Instrução normativa nº 2, de 6 de fevereiro de 2014**. Disponível em: http://www.agricultura.gov.br/assuntos/sanidadeanimal-e-vegetal/sanidade-vegetal/arquivos-prevencao/IN2_2014CancrodaVideira.pdf. Acesso em: 15 dez. 2021

BUENSANTEAI, N. **Identification, development of detection method and survey of bacterial necrosis disease of grapevine in Thailand**. 2004. Dissertação (Mestrado em Ciência da Tecnologia em Culturas Vegetais) - Universidade de Tecnologia em Suranaree, Muang District., 2004.

BUFFARA, C. R. S. *et al.* Elaboration and validation of a diagrammatic scale to assess downy mildew severity in grapevine. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 8, p. 1384–1391, 2014.

BUHNER-ZAHARIEVA, T. *et al.* Preservation and molecular characterization of ancient varieties in spanish grapevine germplasm collections. **American Journal Enology Viticulture**, v. 61, n. 4, p. 557-562, 2010.

BUONASSISI, D. *et al.* Breeding for grapevine downy mildew resistance: a review of “omics” approaches. **Euphytica**, Dordrecht, v. 213, n.103, p.1-21, 2017.

CAFFI, T. *et al.* Effect of temperature and wetness duration on infection by *Plasmopara viticola* and on post-inoculation efficacy of copper. **European Journal of Plant Pathology**, v. 144, n. 4, p. 737-750, 2016.

CAMARGO, U. A. *et al.* Brazilian Grape Breeding Program. **Acta Horticulturae**, v. 1046, 2014.

CAMARGO, U. A.; TONIETTO, J.; HOFFMANN, A. Progressos na viticultura brasileira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.33, n.1, p. 144-149, 2011.

CAMARGO, U. A., BERND, R. B., REVERS, L. F. Melhoramento genético da videira. *In*: SOARES, J.M.; SOUZA, L. (Eds.). **A Vitivinicultura no Semi-árido Brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2009. p. 109–147,

CAMARGO, U.A.; RITSCHER, P. S. New Table and Wine Grape Cultivars: World Scenario with Emphasis on Brazil. **Acta Horticulturae**, v. 785, 2008.

CAPORALI, E. *et al.* The arrest of development of abortive reproductive organs in the unisexual flower of *Vitis vinifera* ssp. silvestris. **Sexual Plant Reproduction**. v. 15, n. 6, p. 291-300, 2003.

CARDOSO, D. L. *et al.* Diallel mixed-model analysis of papaya fruit deformities. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 47, n. 5, 2017.

CARGNIN, A. Repetibilidade e número de colheita de características para seleção de clones de variedades viníferas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 46, n. 2, p. 221-226, 2016.

CARIAS, C. M. D. O. M. *et al.* Predição de ganhos genéticos via modelos mistos em Progênes de café conilon. **Coffee Science**, Lavras, v. 11, n. 1, p. 39 - 45, 2016.

CARIAS, C. M. O. M. et al. Produtividade de grãos de cafeeiro conilon de diferentes grupos de maturação pelo procedimento REML/BLUP. **Semina**, v.35, n. 2, p. 707-718, 2014.

CESCO, S. *et al.* *Plasmopara viticola* infection affects mineral elements allocation and 63 distribution in *Vitis vinifera* leaves. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 1–18, 2020.

CHAND, R. Sources of resistance to grapevine bacterial canker disease in *Vitis*. **Indian Institute of Horticultural Research**, Bangalore, v. 31, n. 2, p.83-86, 1992.

CHEN. I.; MANCHESTER, S. R. Seed morphology of modern and fossil Ampelocissus (Vitaceae) and implications for phytogeography. **American Journal of Botany**, v. 94, n. 9, p. 1534-1553, 2007.

CHRISTENSEN, P.; RAMMING, D.; ANDRIS, H. Seed trace content of Fiesta grapes. **American Journal of Enology and Viticulture**, v. 34, n. 4, p. 257-259, 1983.

CINDRIC, P.; KORAC, N.; KOVAC, V. Grape Breeding for Resistance. **Acta Horticulturae**, v. 603, n. 49, p. 385-391, 2003.

COELHO, I. F. *et al.* Multi-trait multi-environment diallel analyses for maize breeding. **Euphytica**, v. 216, n. 9, p. 1-17, 2020.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3. Ed. Viçosa: UFV, 2014. 668 p.

CUNHA, J. *et al.* Genetic Relationships among portuguese cultivated and wild *Vitis vinifera* L. Germplasm. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, n. 127, 2020.

D'ONOFRIO, C. Introgression among cultivated and wild grapevine in Tuscany. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, n.202, 2020.

DALLÓ, S. C. *et al.* Across year and year-by-year GGE biplot analysis to evaluate soybean performance and stability in multi-environment trials. **Euphytica**, v. 215, n. 6, p.1-12, 2019.

DE BEM, B. P. *et al.* Effect of four training systems on the temporal dynamics of downy mildew in two grapevine cultivars in southern Brazil. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v.41, n. 6, p.370-379, 2016.

DE LORENZIS, G. *et al.* Genotyping of Sicilian 738 grapevine germplasm resources (*V. vinifera* L.) and their relationships with 739 Sangiovese. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 169, n. 740, p.189-198, 2014.

DE LORENZIS, G. *et al.* Study of genetic variability in *Vitis vinifera* L. germplasm by high-throughput Vitis18kSNP array: the case of Georgian genetic resources. **BMC Plant Biology**, v. 15, n. 154, p. 1-14, 2015.

DE LORENZIS, G. *et al.* SNP genotyping elucidates the genetic diversity of Magna Graecia grapevine germplasm and its historical origin and dissemination. **BMC Plant Biololy**, v. 19, n. 7, p. 1-15, 2019.

DE MICHELE, R. *et al.* Phylogenetic relationship among wild and cultivated grapevine in sicily: A hotspot in the middle of the Mediterranean Basin. **Front Plant Science**, v. 10, n. 1506, p. 1-14, 2019.

DE OLIVEIRA, G. L. *et al.* Genetic structure and molecular diversity of Brazilian grapevine germplasm: Management and use in breeding programs. **PLoS ONE**, v. 15, n. 10, p. 1-40, 2020.

DELLA BRUNA, E.; MORETO, A. L.; DALBÓ, M. A. Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 34, n.1, p. 206-215, 2012.

DONALD, C. M. The breeding of crop ideotypes. **Euphytica**, v. 17, p. 385-403, 1968.

EBADI, A. *et al.* Investigating the most effective factors in the embryo rescue technique for use with ‘Flame Seedless’ grapevine (*Vitis vinifera*). **Journal of Horticulture Science and Biotechnology**, v. 91, n. 5, p. 441-447, 2016.

EBADI, A.; MOGHADDAM, J. E.; FATAHI, R. Evaluation of 22 populations achieved from controlled crossing between some seeded _ seedless grapevine cultivars. **Scientia Horticulturae**, v. 119, n. 4, p. 371-376, 2009.

EMERSHAD, R. L.; RAMMING, D. W. *In-ovulo* embryo culture of *Vitis vinifera* L. cv. ‘Thompson Seedless’. **American Journal Botany**, v. 71, n. 6, 873-877, 1984.

FACHINELLO, J. C. *et al.* Situação e perspectivas da fruticultura de clima temperado no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, Volume Especial, p.109-120, 2011.

FAO. Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura. **Production**. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data>. Acesso em: 10 jan. 2022.

FARIAS NETO, J. T. de; CLEMENT, C. R.; RESENDE, M. D. V. de. Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênies de polinização aberta de pupunheira no Estado do Pará, Brasil. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 2, p.122-126, 2013.

FARIAS NETO, J. T.; LINS, P. M. P.; RESENDE, M. D. V.; MULLER, A. G. Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 31, n. 1, p. 190-196, 2009.

FERREIRA, F.R.; PÁDUA, J.G. Fruteiras e ornamentais. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2009.

FERREIRA, M.A.S.V. *et al.* *Xanthomonas citri* pv. *viticola* affecting grapevine in Brazil: Emergence of a successful monomorphic pathogen. **Front Plant Science**, v. 10, n. 189, p. 1-18, 2019.

FERREIRA, R.T. Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.38, n.1, p.158-166, 2016.

FONTAINE, S. *et al.* Investigation of the sensitivity of *Plasmopara viticola* to amisulbrom and ametoctradin in French vineyards using bioassays and molecular tools. **Pest Management Science**, v. 75, n. 8, p. 2115-2123, 2019.

FORNI, G.; **The origin of “Old World” viticulture**. 1st edition. *In*: MAGHRADZE, D.; RUSTIONI, L.; SCIENZA, A.; TUROK, J.; FAILLA, O. (Eds.). Caucasus and Northern Black Sea Region Volume 1. *Vitis*, p. 27–38 Special Issue. 2012.

FREIRE, F. C. O.; OLIVEIRA, A. D. S. **Ocorrência do cancro bacteriano da videira no estado do Ceará**, 2001. Disponível em: http://www.ceinfo.cnpat.embrapa.br/arquivos/artigo_2495.pdf. Acesso em: 11 dez. 2021.

FU, P. *et al.* Identifying *Plasmopara viticola* resistance Loci in grapevine (*Vitis amurensis*) via genotyping-by-sequencing-based QTL mapping. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 154, p. 75-84, 2020.

GAMA, M. A. S. *et al.* Taxonomic Repositioning of *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* (Nayudu 1972) Dye 1978 as *Xanthomonas citri* pv. *viticola* (Nayudu 1972) Dye 1978 comb. nov. and Emendation of the Description of *Xanthomonas citri* pv. *anacardii* to Include Pigmented Isolates Pathogenic to Cashew Plant. **Phytopathology**, St. Paul, v. 108, n. 10, p. 1143-1153, 2018.

GARRIDO, L. R. **Manejo integrado das doenças da videira**. Bento Gonçalves: Embrapa uva e vinho, 2019.

GAZOLLA, R.; GRÜNDLING, R. D. P.; ARAGÃO, A. A. A produção e o comércio internacional de uva. **Revista Brasileira de Agrotecnologia**. v. 10, n. 3, p. 68-74, 2020.

GERRATH, J. *et al.* Inflorescence morphology and development in the basal rosid lineage Vitales. **Journal of Systematics and Evolution**, v. 55, p. 542-558, 2017.

GESSLER, C.; PERTOT, I.; PERAZZOLLI, M. *Plasmopara viticola*: a review of knowledge on downy mildew of grapevine and effective disease management. **Phytopathol Mediterr**, v. 50, n. 1, p. 3-44, 2011.

GOMES JÚNIOR, R. A. *et al.* Características vegetativas na fase juvenil de híbridos interespecíficos de caiaué com dendezeiro. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 58, n. 1, p. 27-35, 2015.

GRASSI, F.; ARROYO-GARCIA, R. Origins and Domestication of the Grape. **Frontier in Plant Science**, v. 11, n. 1176, p. 1-3, 2020.

GRASSI, F.; DE LORENZIS, G. Back to the Origins: Background and Perspectives of Grapevine Domestication. **International Journal of Molecular Science**, v. 22, n. 9, p. 1-20, 2021.

GUERRA, M. L. *et al.* Biofilm formation by *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* affected by abiotic surfaces and culture media. **Tropical Plant Pathology**, v. 43, p.146-151, 2018.

GUO, Y. *et al.* SSR and SRAP marker-based linkage map of *Vitis vinifera* l. **Biotechnology Biotechnological Equipment**. v. 28, n. 743, p. 221-229, 2014.

HALFELD-VIEIRA, B.; NECHET, K. Bacterial canker of grapevine in Roraima, Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasilia, v. 31, n. 6, p. 604, 2006.

HAZEL. L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**. v. 28. p. 476-490, 1943.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, p.423-447, 1975.

HENDERSON, C. R. Estimation of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, v. 32, p. 709, 1949.

HIDALGO, F.C. **Tratado de viticultura general**. 3. ed. Ediciones Mundi-Prensa, 2021. 264 p.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/home/lspa/brasil>. Acesso em: 10 jan. 2022.

IMAZIO, S. *et al.* From the cradle of grapevine domestication: Molecular overview and description of Georgian grapevine (*Vitis vinifera* L.) germplasm. **Tree Genetic Genomes**, v. 9, n. 3, 641-658, 2013.

IPGRI. International Plant Genetic Resources Institute. Descriptors for grapevine: *Vitis* spp. Roma, 1997, 62p.

JAIN, S.M.; PRIYADARSHAN, P.M. Breeding Plantation Tree Crops: Tropical Species. Springer, New York, USA, 2009. ISBN: 978-0-387-71199-7

Ji, W. *et al.* Breeding new seedless grape by means of in vitro embryo rescue. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 1, p. 859-869, 2013.

JUNQUEIRA, N. T. V. *et al.* Ocorrência do cancro bacteriano da videira na região do entorno do Distrito Federal. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 19., 2006, Cabo Frio. **Anais [...]**. Rio de Janeiro: SBF/UENF/UFRRJ, 2006. p. 323.

KAMBLE, A.K. *et al.* Characterization of *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* causing bacterial leaf spot of grapes in Maharashtra, India. **Journal of Environmental Biology**, v. 40, n. 6, p. 1145-1150, 2019.

KHOSHANDAM, L. *et al.* Effect of BA and ovule developmental stages on embryo rescue in Perlette grape (*Vitis Vinifera* L.) cultivar. **European Online Journal of Natural and Social Sciences**, v. 6, n. 1, p. 1-9, 2017.

KISHINO, A. Y.; CARVALHO, S. L. C.; ROBERTO, S. R. **Viticultura tropical**. Paraná: IAPAR, 2021. 709 p.

KORTEKAMP, A.; ZYPRIAN, E. Characterization of Plasmopara resistance in grapevine using in vitro plants. **Journal Plant Physiology**, v. 160, n. 11, p. 1393-1400, 2003.

KRANZ, J. Epidemiology, concepts and scope. In: RAYCHAUDHURI, S.P.; VERMA, J.P. (Ed.). **Current trends in plant pathology**. Lucknow: University of Lucknow, 1974. p.26-32.

LAZAZZARA, V. *et al.* Downy mildew symptoms on grapevines can be reduced by volatile organic compounds of resistant genotypes. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1618, p. 1-14, 2018.

LEÃO, P. C. de S. **Genetic resources of grapes (*Vitis spp.*): analysis of diversity and characterization of the germplasm collection of Embrapa Semi-Árido**. 2008. 126 p. Tese (Doutorado em Genética animal; Genética molecular e de microrganismos; Genética quantitativa; Genética vegetal; Me) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2008.

LEÃO, P. C. S. *et al.* Agronomic performance of seedless table grape genotypes under tropical semiarid conditions. **Bragantia**, Campinas, v. 79, n. 3, p. 1-8, 2020.

LEÃO, P. C. de; PEREIRA, F. M. Estudo da brotação e da fertilidade das gemas de cultivares de uvas sem sementes nas condições tropicais do Vale do Submédio São Francisco”, **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 1, p. 30-34, 2001.

LEÃO, P. C. S. **Cultivo da videira**. Embrapa Semiárido. Sistema de Produção. Versão eletrônica. 2. ed. 109 p. 2016. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/156149>. Acesso em: 06 nov. 2021.

LEÃO, P. C. S. *et al.* **‘BRS Tainá’**: nova cultivar de uvas sem sementes de cor branca para o Submédio do Vale do São Francisco. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2020. 14 p. (Embrapa Semiárido. Circular Técnica, 122). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/215646/1/BRS-Taina-2020.pdf>. Acesso em: 01 nov. 2021.

LEÃO, P. C. S.; NUNES, B. T. G.; SOUZA, E. M. C. Repeatability coefficients and genetic gains in table grape progenies for the Brazilian semi-arid region. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.75, n.5, p. 387-392, 2018.

LEÃO, P. C. S.; CRUZ, C. D.; MOTOIKE, S. Y. Genetic diversity of table grape based on morphoagronomic traits. **Scientia Agricola**, v. 68, n. 1, p. 42-49, 2011.

LEÃO, P. C. S. BRS Tainá: new white seedless grape cultivar for the Brazilian semi-arid region. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 3, p. 1-6, 2021.

LEDBETTER C.A.; RAMMING, D.W Seedlessness in grapes. **Horticulture Review**, v. 11, p.159-184, 1989.

LEDBETTER, C. A.; BURGOS, L. Inheritance of stenospermocarpic seedlessness in *Vitis vinifera* L. **Journal of Heredity**, v. 85, p. 157-160, 1994.

LEDBETTER, C.A.; SHONNARD, C. B. Berry and seed characteristics associated with stenospermy in vinifera grapes, **Journal of Horticultural Science**, v. 66, n. 2, p. 247-252, 1991.

LEVADOUX, L. Les populations sauvages et cultivées de *Vitis vinifera*. **Annales de l’amelioration des plantes**, v.1, p. 59–118, 1956.

LI, G.R. *et al.* An improved embryo-rescue protocol for hybrid progeny from seedless *Vitis vinifera* grapes × wild Chinese *Vitis* species. **In Vitro Cell Dev Biol-Plant** v. 50, n. 1, p.110-120, 2014.

- LI, T. *et al.* Improved *in vitro* *Vitis vinifera* L. embryo development of F1 progeny of 'Delight' × 'Ruby seedless' using putrescine and marker-assisted selection. **In Vitro Cell Dev Biol-Plant**, v. 54, n. 1, p. 291-301, 2018.
- LI, J. *et al.* Embryo rescue technique and its applications for seedless breeding in grape. **Plant Cell Tiss Organ Cult**, v. 120, n. 3, p. 861-880, 2014.
- LI, Y. *et al.* Genome-wide identification and expression analyses of the homeobox transcription factor family during ovule development in seedless and seeded grapes. **Scientific Reports**, v. 7, n. 12638, p. 1-16, 2017.
- LIMA, M. F. *et al.* Bacterial canker of grapevine in Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 3, p. 440-43, 1999.
- LIMA, M.F.; FERREIRA, M.A.S.V. Infecção latente em porta-enxerto de videira causada por *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **Summa Phytopathologica**, v. 26, n.1, p.127-136, 2000.
- LIMA, N. B. *et al.* Complete Genome Sequence of *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* Strain CCRMXCV 80 from Brazil. **Genome Announcements**, Washington, v. 5, n. 46, p. 1-2, 2017.
- LIU, Q. *et al.* Breeding for cold-resistant, seedless grapes from Chinese wild *Vitis amurensis* using embryo rescue. **New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science**, v. 44, n. 2, p. 136-151, 2016.
- LIU, X, Q. *et al.* Phylogeny of the Ampelocissus-Vitis clade in Vitaceae supports the New World origin of the grape genus. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 95, p. 217-228, 2016.
- LOOMIS, N. H.; WEINBERGER, J. H. Inheritance studies of seedlessness in grapes. **Journal American Society for Horticultural Science**. v. 104, n. 2, p. 181-184, 1979.
- LOPES, D. B.; NASCIMENTO, A. R. P. **Situação atual do cancro bacteriano da videira no Semi-árido nordestino**: Seminário Novas Perspectivas Para o Cultivo de Uvas Sem Sementes no Vale do São Francisco. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2004. 9 p. (Documento 185).
- MA, H. *et al.* Grapevine VpPR10.1 functions in resistance to *Plasmopara viticola* through triggering a cell death-like defence response by interacting with VpVDAC3. **Plant Biotechnology Journal**, v. 16, n. 8, p. 1488-1501, 2018.
- MA, Z.Y. *et al.* Morphology, structure, and ontogeny of trichomes of the grape genus (*Vitis*, Vitaceae). **Frontier in Plant Science**. v. 7, n. 704, p. 1-14, 2016.
- MA, Z.Y. *et al.* Testing morphological trait evolution and assessing species delimitations in the grape genus using a phylogenomic framework. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v.148, 2020.

MA, Z.Y. *et al.* "Phylogenomic relationships and character evolution of the grape family (Vitaceae)." **Molecular phylogenetics and evolution**, v. 154, 2021.

MAIA, J. D. G. *et al.* 'BRS Vitória': Nova cultivar de uva de mesa sem sementes com sabor especial e tolerante ao míldio. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2012. 12 p. (Embrapa Uva e Vinho. Comunicado Técnico, 126). Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/941724/1/cot126.pdf>. Acesso em: 01 nov. 2021.

MAIA, J. D. G. *et al.* Grapevine breeding programs in Brazil. *In*: Reynolds, A.G. (Ed.) Grapevine breeding programs for the wine industry. 1st ed. Woodhead Publishing, 2015. p. 247–271.

MAIA, J. D.G. *et al.* 'BRS Melodia': Nova cultivar de uvas sem sementes, com sabor especial de mix de frutas vermelhas, recomendada para cultivo na Serra Gaúcha, em cobertura plástica. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2019. 22 p. (Embrapa Uva e Vinho. Circular Técnica, 144). Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/203207/1/Circ-Tec144.pdf>>. Acesso em: 01 nov. 2021.

MAIA, M. C. C. *et al.* Estimates of genetic parameters using RELM/ BLUP for intra-populational genética breeding of *Platonia insignis* Mart. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 40, n. 3, p. 561-573, 2016b.

MAIA, M. C. C. *et al.* Heritability, repeatability, and genetic gains in a improvement population of cajuzeiro. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 40, n. 4, p. 715-722, 2016a.

MAIA, M. C. C. *et al.* Repetibilidade de características quantitativas de frutos em seleções elite de manga rosa. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 11, n. 1, p. 56-62, 2017.

MAIA, M. C. C. *et al.* Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MAIA, M. C. C. *et al.* Seleção de clones experimentais de cupuaçu para características agroindustriais via modelos mistos. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 5, n.1, p. 35- 43, 2011.

MAIA, M.C.C. *et al.* Análise genética em genótipos de manga rosa via REML/BLUP. **Revista Agrotecnologia**, v.5, n.1, p.01-16, 2014.

MALABARBA, J. *et al.* The MADS-box gene Agamous-like 11 is essential for seed morphogenesis in grapevine. **Journal of Experimental Botany**, v. 68, n. 7, p. 1493-1506, 2017.

MALAVOLTA JÚNIOR, V. A. *et al.* Resistência de variedades de videira a *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **Arquivos do Instituto Biológico**, São Paulo, v. 70, n. 3, p. 373-376, 2003.

- MALAVOLTA JÚNIOR, V.A. *et al.* Bactérias fitopatogênicas assinaladas no Brasil: uma atualização. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v.34, p.9-88, 2008.
- MALAVOLTA, JUNIOR. V.A. *et al.* Ocorrência de *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* em videira no Brasil. **Revista Brasileira de Fitopatologia**, v.23, n.25, p.211, 1998.
- MALIKOUSKI, R. G. *et al.* Repeatability coefficient estimates and optimum number of harvests in graft/rootstock combinations for 'tahiti' acid lime. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 43, n. 1, 2021.
- MANECHINI, J. R. V. *et al.* Unraveling the genetic structure of Brazilian commercial sugarcane cultivars through microsatellite markers. **PLoS One**, v. 13, p. 1-21, 2018.
- MARQUES Y, E. L. *et al.* Selection of umbu-cajazeira clones using the REML/BLUP. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 12, n.4, p. 496-502, 2017.
- Marques, E. **Variabilidade e tolerância ao cobre em *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*, agente causal do cancro bacteriano da videira (*Vitis* spp.)**. 2007, 65 p. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Universidade de Brasília, Brasília, 2007.
- MARQUES, E.; UESUGI, C. H.; FERREIRA, M. A. S. V. Sensitivity to copper in *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **Tropical Plant Pathology**, Viçosa, v. 34, n. 6, p. 406-411, 2009.
- MARTIN, M.E. Grape (*Vitis vinifera* L.) Seed Oil: A Functional Food from the Winemaking Industry. **Foods**. v. 9, n. 1360, p. 1-20, 2020.
- MASSONNET, M. *et al.* The genetic basis of sex determination in grapes. **Nature Communications**, v. 11, n. 2902, p. 1-12, 2020.
- McGOVERN, P. E. **Ancient wine**: The search for the origins of viniculture. Princeton, NJ: Princeton University Press, 2003.
- McGOVERN, P. E. Vin extraordinaire. **The Sciences**, v. 36, n. 6, p. 27-31, 1996.
- MCGOVERN, P. *et al.* Early Neolithic wine of Georgia in the South Caucasus. **Proceedings of the National Academy of Science, USA**, v. 114, n. 48, p. 1-10, 2017.
- MDIC. **Comex stat**. Disponível em: <http://comexstat.mdic.gov.br/pt/geral>. Acesso em: 20 jan. 2022.
- MEIER. C. *et al.* Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 51, 2021.
- MEJÍA, N.; HINRICHSEN, P. A new, highly assertive SCAR marker potentially useful to assist selection for seedlessness in table grape breeding. VIII International Conference on Grape Genetics and Breeding. **Acta Horticulturae**, v. 603, p. 559-564, 2003.

- MEJÍA, N. *et al.* Molecular, genetic and transcriptional evidence for a role of VvAGL11 in stenospermarcic seedlessness in grapevine. **BMC Plant Biology**, v. 11, n. 57, p. 1471-2229, 2011.
- MELLO, L. M. R.; MACHADO, C. A. E. **Viticultura brasileira: panorama 2019**. Comunicado Técnico 214. Embrapa. Bento Gonçalves, 2020. p. 1808-6802.
- MERDINOGLU, D. *et al.* Breeding for durable resistance to downy and powdery mildew in grapevine. **OENO One**, v. 52, n. 3, p. 189-195, 2018.
- MERIN, U.; ROSENTHAL, L.; LAVI, U. A chemical method for the assessment of grapes according to their seed content. **Vitis**, v. 22, p. 306-310, 1983.
- MIDHA, S.; PATIL, P. B. Genomic insights into the evolutionary origin of *Xanthomonas axonopodis* pv. *Citri* and its ecological relatives. **Applied Environmental Microbiology**, v. 80, 2, 20, p. 6266-6279, 2014.
- MIELE, A.; RIZZON, L.A.; GIOVANNINI, E. Efeito do porta-enxerto no teor de nutrientes em tecidos da videira 'Cabernet Sauvignon'. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.31, n. 4, p.1141-1149, 2009.
- MOORE, M.O. Classification and systematics of eastern North American *Vitis* L. (Vitaceae) north of Mexico. **SIDA**, v. 14, p. 339-367, 1991.
- MOORE, M. O.; WEN, J. Vitaceae. *In: Flora of North America North of Mexico*. Magnoliophyta: Vitaceae to Garryaceae, 2016. V. 12: p. 3-23.
- MOREIRA, S. O. *et al.* Intrapopulation recurrent selection by mixed models in papaya of the formosa group. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 40, n. 3, p. 1-8, 2018.
- MOTOIKE, S.; BORÉM, A. **Uva: do plantio a colheita**. Viçosa: UFV, 2019. 185 p.
- 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. 1978, p. 40-51, 1978.
- NASCIMENTO, A. R. P. *et al.* Reação de clones de videira a *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*, baseada nos componentes epidemiológicos do cancro bacteriano. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 1, p. 1-7, 2006.
- NASCIMENTO, A. R. P.; MARIANO, R. L. R. Cancro bacteriano da videira: etiologia, epidemiologia e medidas de controle, **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 1, p. 301-07, 2004.
- NASCIMENTO, A.R.P. *et al.* Elaboração e validação de escala diagramática para cancro bacteriano da videira. **Summa Phytopathologica**, v.31, n. 8, p.59-64, 2005.
- NASS, L. L. Genetic resources: the basis for sustainable and competitive plant breeding. **Crop Breed Appl Biotechnology**, v.12, p. 75-86, 2012.

NAUE, C. R. *et al.* *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* on grapevine cutting tools and water: Survival and disinfection, **Journal of Plant Pathology**, Portici, v. 96, n. 3, p. 451-458, 2014.

NAYUDU, M.V. *Pseudomonas viticola* sp. nov., incitant of a new bacterial disease of grape vine. **Phytopathologische Zeitschrift**, Berlin, v.73, p.183-186, 1972.

NOGUEIRA JÚNIOR, A. F.; AMORIM, L.; SPÓSITO, M. B. Videiras requerem monitoramento e combate às doenças de início e fim de ciclo. **Visão Agrícola**, n. 14, 2021.

NUNES, N.A.S.; LEITE, A.V.; CASTRO, C.C. Phenology, reproductive biology and growing degree days of the grapevine ‘Isabel’ (*Vitis labrusca*, Vitaceae) cultivated in northeastern Brazil. **Brazilian Journal of Biology**, Pernambuco, v.76, n.4, p. 975-982, 2016.

OIV. Organization Internacional de la Vigne et du Vin. **Descriptor list for grapevine varieties and *Vitis* species (243)**. Paris: OIV, 1983. 232 p.

OLIVEIRA, E. J. V. *et al.* Plant selection in F2 segregating populations of papaya from comercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 3, p. 191-198, 2012.

OLIVEIRA, J. E. de M.; LOPES, P. R. C.; MOREIRA, A. N. **Avanços e sucessos da produção integrada de uva no vale do São Francisco**. Produção integrada: base de sustentabilidade para a agropecuária brasileira. Petrolina: Embrapa SemiÁrido, 2009. Disponível em: <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/575820>. Acesso em: 08 jul. 2018.

OLIVEIRA, L.D.S. *et al.* Características agronômicas e sensibilidade ao rachamento de bagas de uvas sem sementes. **Journal of Environmental Analysis and Progress**, v. 2, n. 3, p. 274-282, 2017.

OLIVEIRA, I. C.M. *et al.* Combining ability of biomass sorghum lines for agroindustrial characters and multitrait selection of photosensitive hybrids for energy cogeneration. **Crop Science**, v. 59, p. 1554-1566, 2019.

OLIVEIRA, R. L. *et al.* Multitrait selection of pumpkin genotypes aimed at reducing the growth habit and improving seed production. **Crop Science**, p. 1-10, 2021.

OLIVOTO, T. *et al.* Mean Performance and Stability in Multi-Environment Trials II: Selection Based on Multiple Traits. **Agronomy Journal**, v.111, n. 6, p. 2961-2969, 2019.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M. **MGIDI**: towards an effective multivariate selection in biological experiments. Department of Agronomy. Federal University of Viçosa, MG, Brazil, 2020.

OTOBONI, M. E. F. *et al.* Genetic parameters and gain from selection in sweet potato genotypes with high beta-carotene content. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 3, p. 1-9, 2020.

PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V. de; CORDEIRO, E. R. Índice multi-efeitos (BLUP) e estimativas de parâmetros genéticos aplicados ao melhoramento da acerola. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 6, p. 779-807, 2000.

PAIVA, J.T. *et al.* Genetic evaluation for latent variables derived from factor analysis in broilers. **British Poultry Science**, v. 61, n. 1, p. 3-9, 2020.

PASINI, F. *et al.* Recovery of Oligomeric Proanthocyanidins and Other Phenolic Compounds with Established Bioactivity from Grape Seed By-Products. **Molecules**, v. 24, n. 677, p. 1-12, 2019.

PATTERSON. H.D.; THOMPSON. R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p. 545-554, 1971.

PEDROZO, C.A. *et al.* Repeatability of fruits and seeds production and selection of Brazil nut genotypes in native populations in Roraima. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 39, n. 5, p. 863-871, 2015.

PEIXOTO, M. A. *et al.* Reaction norms- based approach applied to optimizing recommendations of cotton genotypes. **Agronomy Journal**, v. 112, n. 2, p. 4613-4623, 2020.

PEIXOTO, A. R. *et al.* Hospedeiros alternativos de *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 2, p. 161-164, 2007.

PEIXOTO, M. A. *et al.* Selection of maize hybrids: an approach with multi-trait. multi-environment. and ideotype-design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 2, p. 1-9, 2021.

PEREIRA, G. E. The three different winegrowing zones in Brazil according to climate conditions and vine managements. *In*: JORDÃO, A. M.; BOTELHO, R. V. **Vitis: Biology and Species**. Nova Science Publishers, 2020. Chapter 6.

PEREIRA, T.B. *et al.* Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p. 230-236, 2013.

PERL, M.; LAVI, U.; SPIEGEL-ROY, P. Estimation of seed traces in grape berries by inhibition of Luciferase activity. **Horticultural Science**, USA, v. 24, n. 853, 1989.

PERMANHANI, M. *et al.* Deficit irrigation in table grape: eco-physiological basis and potential use to save water and improve quality. **Theor. Exp. Plant Physiol.** v. 28, v. 1, p. 85-108, 2016.

PICANÇO, W.L.; LOMBARDI, J.A. *Vitaceae in Flora do Brasil*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB248>. Acesso em: 31 out. 2021.

PIMENTEL, A. J. B. *et al.* Estimacão de parâmetros genéticos e predicção de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa agropecuária Brasileira**, Brasília, v.49, n.11, p.882-890, 2014.

POMMER, C. V. **Uva**: Tecnologia de produção, pós-colheita, mercado. PortoAlegre: Cinco Continentes; 2003.

POMMER, C.V.; RAMMING, D.W.; EMERSHAD, R. Influence of grape genotype, ripening season, seed trace size, and culture date on in ovule embryo development and plant formation. **Bragantia**, Campinas, v.54, n. 2, p.237- 249. 1995.

QUINTAL, S. S. R. *et al.* Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.39, n.2, e-866, 2017.

RAMMING, D.W. *et al.* Embryo culture of early ripening seeded grape (*Vitis vinifera*) genotypes. **Hort Science**, v. 25, p. 339–342, 1990.

RAZI, M. *et al.* Effect of paternal genotypes sprays with BA and IAA concentration on embryo rescue of F1 progenies from 'Askari' (*Vitis vinifera* L.) cultivar. **J Agric Sci Technol**, v.15, p. 1023-1032, 2013.

RESENDE, M. *et al.* Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 44, n. 3, p. 334-340, 2014.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2009. 975 p.

Resende, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.

Resende, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. Documentos 100. 65 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**. v. 2, n. 2, p. 1-31, 2020.

RESENDE, M.D.V. Análise estatística de modelos mistos via REML/IBLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. **Documentos Embrapa Florestas**, Colombo, n. 47, p.1-101, 2000.

RESENDE, M.D.V. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v.60, n. 3, p.185-193, 2001.

RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F.; AZEVEDO, C.F. **Estatística matemática, biométrica e computacional**: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-QWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. UFV, Viçosa, 2014. 881 p.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

REZENDE, J. C. *et al.* Genetic progress in coffee progenies by different selection. **Coffee Science**, Lavras, v. 9, n. 3, p. 347-353, 2014.

RITSCHHEL, P. S. *et al.* Novel Brazilian grape cultivars. **Acta Horticulturae**, Leuven, v.1082, p.157-164, 2015.

RITSCHHEL, P. S. *et al.* BRS Isis: nova cultivar de uva de mesa vermelha, sem sementes e tolerante ao míldio. Bento Gonçalves: Embrapa, 2013. n. 143. 20 p.

ROCHA, J. R. A. S. C. *et al.* Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 11, p. 1181-1189, 2019.

ROCHA, J. R. A. S. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. (2018). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Global Change Biology Bioenergy**, v. 10, p. 52–60. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/gcbb.12443>. Acesso em: 23 jan. 2022.

ROCHA, J. R. A. S. C. *et al.* Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 11, p. 1181-1189, 2019.

ROCHA, J. R. A. S. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Global Change Biology Bioenergy**. v. 10, p. 52-60, 2018.

RODRIGUES NETO, J. *et al.* Grapevine bacterial canker in the State of São Paulo, Brazil: detection and eradication. **Tropical Plant Pathology**, Viçosa, v. 36, n. 1, p. 42-44, 2011.

RODRIGUES, E. V. *et al.* Selection of Jatropha genotypes for bioenergy purpose: an approach with multitrait, multiharvest and effective population size. **Bragantia**, Campinas, v. 79, n.3, 2020.

RODRIGUES, W. P. *et al.* Adaptability and genotypic stability of Coffea arabica genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 3, p.2391-2399, jul. 2013.

ROSADO, A. M. *et al.* Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 7, p. 964-971, 2012.

ROUXEL, M. *et al.* Phylogenetic and experimental evidence for host-specialized cryptic species in a biotrophic oomycete. **New Phytol**, v.197, n. 1, p. 251-263, 2013.

- ROYO, C. *et al.* Developmental, transcriptome, and genetic alterations associated with parthenocarpy in the grapevine seedless somatic variant Corinto bianco. **Journal of Experimental Botany**, v. 67, n. 1, p. 259-273, 2016.
- ROYO, C. *et al.* The Major Origin of Seedless Grapes Is Associated with a Missense Mutation in the MADS-Box Gene *VviAGL111*. **Plant Physiology**, v. 177, p. 1234-1253, 2018.
- SAIFERT, L. *et al.* Marker-assisted pyramiding of resistance loci to grape downy mildew. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 53, p.602-610, 2018.
- SALEHI, B. *et al.* Plants of the genus *Vitis*: Phenolic compounds, anticancer properties and clinical relevance. **Trends in Food Science & Technology**, v. 91, p. 362-379, 2019.
- SALES, W. S. **Avaliação e seleção de híbridos para o desenvolvimento de novas cultivares de uvas de mesa no semiárido brasileiro**. 2018. 71 p. Tese (Doutorado em Produção Vegetal). Universidade Federal do Vale do São Francisco, 2018.
- SALES, W. S. *et al.* Estimates of repeatability for selection of genotypes of seedless table grapes for Brazilian semiarid regions. **Scientia Horticulturae**, v. 245, p.131-136, 2019.
- SANCHÉZ, C. F. B. *et al.* Estimates of repeatability coefficients and the number of the optimum measure to select superior genotypes in *Annona muricata* L. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.16, n. 3, p. 1-8, 2017.
- SÁNCHEZ-MORA, F.D. *et al.* Behavior of grape breeding lines with distinct resistance alleles to downy mildew (*Plasmopara viticola*). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.17, n. 2, p.141-149, 2017.
- SANTAROSA, E. *et al.* Alterações anatômicas do sistema vascular em porta-enxertos de videira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 51, n.4, p. 320-329, 2016.
- SANTOS NETO, J.R.A. O melhoramento da videira no Instituto Agrônomo. **Ciência e Cultura**, v. 23, p. 700-771, 1971.
- SANTOS, E. A. Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from interspecific *Passiflora* spp. crossing. **Euphytica**, v. 204, n. 1, p. 1-11, 2015.
- SANTOS, M. M. *et al.* Identificação de potenciais plantas hospedeiras alternativas de *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 4, p. 595-598, 2014.
- SANTOS, P. R. D. *et al.* Inheritance of seedlessness in grapes. [Japan.] **Journal Japan Society for Horticultural Science**, v. 63, n.1, p. 1-7, 1994.
- SANTOS, P. R. D. *et al.* Resistance to *Pratylenchus brachyurus* in *Vitis* species population through multivariate approaches and mixed models. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 76, n. 5, p. 424-433, 2019.

SANTOS, P. R. dos. *et al.* Associations between vegetative and production traits in guava tree full-sib progenies. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.52, n.5, p. 303-310, 2017.

SAPORTA, R.; SAN PEDRO, T.; GISBERT, C. Attempts at grapevine (*Vitis vinifera* L.) breeding through genetic transformation: The main limiting factors. **Vitis**, v. 55, n. 4, p. 173-186, 2016.

SHIDFAR, M. *et al.* Evaluation of grapevine resistance to downy and powdery mildew in 'Regent' × 'Boğazkere' hybrid population segregating for resistance genes. **Acta Sci. Pol. Hortorum Cultus**, v. 18, n. 1, p.181-188, 2019.

SILVA, A. M. F. *et al.* Sobrevivência de *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* em tecido infectado de videira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 34, n. 3, p. 757-765, 2012.

SILVA, A. M. F. *et al.* Limpeza clonal de mudas de videira infectadas por *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v. 35, p.316-319, 2013.

SILVA, F. H. L. *et al.* Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 39, n. 2, p. 183-190, 2017.

SILVA, J. N. *et al.* Caracterização da viticultura tropical nas regiões norte e noroeste fluminense. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 41, n. 6, p. 1-8, 2019.

SILVA, S. S. da. *et al.* Estimativa de parâmetros genéticos do cajueiro anão precoce em um solo arenoso pelo procedimento reml/blup. **Revista Verde**, Juazeiro, v. 8, n. 3, p. 41-51, 2013.

SILVA, S. N. *et al.* Genetic parameters of pollen viability in guava (*Psidium guajava* L.). **Australian Journal of Crop Science**, v. 11, n. 1, p. 1-8, 2017

SILVA, M. J. *et al.* Evaluation of the potential of lines and hybrids of biomass sorghum. **Industrial Crops and Products**. v. 125, n. 1, p. 379-385, 2018.

SILVA, P. C. G.; COELHO, R. C. **Caracterização social e econômica da cultura da videira**. 2. Ed. Embrapa Semiárido. Sistemas de Produção, 1, 2010.

SILVEIRA, S. V., HOFFMANN, A., GARRIDO, L. da R. **Produção integrada de uva para processamento: implantação do vinhedo, cultivares e manejo da planta**. Brasília, DF: Embrapa, 2015. v. 3, 72 p. 978-85.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**. v. 7, p. 240-250, 1936.

SOARES, J. M.; LEÃO, P. C. de S. (Ed.). **A vitivinicultura no Semiárido brasileiro**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Embrapa Semiárido, 2009. 756 p.

SOUSA, J.S.I. de. **Uvas para o Brasil**. São Paulo: Melhoramentos, 1969.

SOUZA, R. T. *et al.* Frequency of fungicide application for controlling downy mildew in seedless grape plant ‘BRS Vitória’. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 40, n. 3, p. e-443, 2018.

SOUZA, V. C.; LORENZI, H. **Botânica Sistemática**: guia ilustrado para identificação das famílias de Fanerógamas nativas e exóticas no Brasil, baseado em APG IV. 4. ed. Instituto Plantarum de Estudos da Flora, 2019. 768 p.

SPIEGEL-ROY, P.; BARON, Y.; SAHAR, N. Inheritance of seedlessness in seeded X seedless progeny of *Vitis vinifera* L. **Vitis**, v. 29, p. 79-83, 1990.

SPIEGLE-ROY, P. *In vitro* culture and plant formation from grape cultivars with abortive ovules and seeds. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 110, n. 1, p. 109-112, 1985.

STOUT, A. B. Progress in breeding for seedless grapes. **American Society for Horticultural Science**, v. 37, p. 626-629, 1939.

STRIEM, M. J. *et al.* The degrees of development of the seed-coat and the endosperm as separate subtraits of stenospermic seedlessness in grapes. **Vitis**, v. 31, p.140-155, 1992.

TANG, D. *et al.* Effects of exogenous application of plant growth regulators on the development of ovule and subsequent embryo rescue of stenospermic grape (*Vitis vinifera* L.). **Scientia Horticulturae**, v. 120, n. 1, p. 51–57, 2009.

THIS, P; LACOMBE, T; THOMAS. M.R. Historical origins and genetic diversity of wine grapes. **TRENDS in Genetics**, v. 22, n. 9, p. 511-519, 2006.

TOFFOLATTI, S. L. *et al.* Evidence of resistance to the downy mildew agent *Plasmopara viticola* in the Georgian *Vitis vinifera* germplasm. **Vitis**, n. 55, n. 3, p. 21-128, 2016.

TOMAZ, R. *et al.* Detecção e erradicação de videiras com sintomas do cancro bacteriano no Estado do Paraná. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 36 (suplemento), p. 896, 2011.

TONIETTO, J. *et al.* Informe Agropecuário. **Vinhos de inverno**, Belo Horizonte, v. 41, n.312, 2020. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/219233/1/Art-9-IA312-25-nov-2020.pdf>. Acesso em: 18 dez. 2020.

TÖPFER, R.; HAUSMANN, L.; EIBACH, R. Molecular breeding. *In*: ADAM-BLONDON, A.F.; MARTINEZ-ZAPATER, J.M.; KOLE, C (Eds.) **Genetics, genomics and breeding of grapes**. Enfield: Science Publishers, 2011. p. 160-185.

TOSTES, G. de O. *et al.* Detection and cellular localization of *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* in seeds of commercial “Red Globe” grapes. **Tropical Plant Pathology**, Viçosa, v. 39, n. 2, p. 134-140, 2014.

- VAN OIJEN, M.; HOGLIND, M. Toward a Bayesian procedure for using processbased models in plant breeding, with application to ideotype design. **Euphytica**, v. 207, p. 627-643, 2016.
- VAROQUAUX, F. *et al.* Less is better: new approaches for seedless fruit production. **Trends Biotechnology**. v. 18, n.6, p. 233-242, 200.
- VEZZULLI, S. *et al.* Downy mildew resistance evaluation in 28 grapevine hybrids promising for breeding programs in Trentino region (Italy). **European Journal Plant Pathology**, v. 150, n. 2, p. 485-495, 2018.
- VIANA, A. P.; RESENDE, M. D. V. **Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras**. Rio de Janeiro: Interciência, 2014. 296 p.
- VIANA, A. P. *et al.* Genome selection in fruit breeding: application to table grapes. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 73, n. 2, p. 142-149, 2016.
- VINCENT, L. *et al.* Genetic Resources of Tropical Fruits. 79-116. *In*: RAJASEKHARAN, P.E.; RAO, V.R. **Conservation and Utilization of Horticultural Genetic Resources**. Springer, 2019. 680 p.
- VIVAS, M. *et al.* Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. **Bragantia**, Campinas, v. 73, n. 4, p. 446-450, 2014.
- VOLPATO, L. *et al.* Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 43, 2021.
- WAN, Y. Z. *et al.* A phylogenetic analysis of the grape genus (*Vitis* L.) reveals broad reticulation and concurrent diversification during Neogene and Quaternary climate change. **BMC Evolutionary Biology**, v. 13, n. 1, p. 1-20, 2013.
- WANG, X. *et al.* Current progress and future prospects for the clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR) genome editing technology in fruit tree breeding. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v. 37, n. 11, p. 233-258, 2018.
- WEINBERGER, J. H.; HARMON, F. N. Seedlessness in *vinifera* grapes. **Proc. Amer. Soc. Hort. Sci.** v. 85, p. 270-274, 1974.
- WEN, J. *et al.* A new phylogenetic tribal classification of the grape family (Vitaceae). **Journal of Systematics and Evolution**, v. 56, n. 4, p. 256-272, 2018.
- WEN, J. *et al.* Chloroplast phylogenomics of the New World grape species (*Vitis*, Vitaceae): Chloroplast phylogenomics of *Vitis*. **Journal of Systematics and Evolution**, v. 56, n. 4, p. 297-308, 2018.
- WONG, F. P.; BURR, H. N.; WILCOX, W. F. Heterothallism in *Plasmopara viticola*. **Plant Pathology**, v. 50, p. 427-432, 2001.
- WOYANN, L. G. *et al.* Selection of high yielding, adapted and stable wheat lineages in preliminary trials. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. 4, p. 412-419, 2019.

- WOYANN, L. G. *et al.* Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. **Agronomy Journal**, v. 112, p. 175-182, 2020.
- XU, C. *et al.* Fruit quality, nutraceutical and antimicrobial properties of 58 muscadine grape varieties (*Vitis rotundifolia* Michx.) grown in United States. **Food Chemistry**, v. 215, p. 149-156, 2017.
- YAN, W.; FRÉGEAU-REID, J. Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot: A novel approach for genotype selection based on multiple traits. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, p. 1-10, 2018.
- YIN, L. *et al.* Genome sequence of *Plasmopara viticola* and insight into the pathogenic mechanism. **Scientific Reports**, v. 7, p. 1-12, 2017.
- YOUNG, J. M. *et al.* A proposed nomenclature and classification for plant pathogenic bacteria. **Journal of Agricultural Research**, v. 21, n. 1, p. 153-177, 1978.
- ZHANG, X. *et al.* Advancements in plant regeneration and genetic transformation of grapevine (*Vitis* spp.). **Journal of Integrative Agriculture**, v. 20, n. 6, p. 1407-1434, 2021.
- ZHOU, Y. *et al.* Evolutionary genomics of grape (*Vitis vinifera* ssp. *vinifera*) domestication. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, v.114, n. 44, p. 11715-11720, 2017.
- ZHU, P. *et al.* New cold-resistant, seedless grapes developed using embryo rescue and marker-assisted selection. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)** v. 140, p. 551-562, 2020.
- ZILIO, R. *et al.* **Cultivo protegido das uvas de mesa sem sementes ‘BRS Vitória’ e ‘BRS Isis’ na região da Serra Gaúcha**. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2019. 26 p. (Embrapa Uva e Vinho. Circular Técnica, 143). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/202699/1/Circ-Tec143.pdf>. Acesso em: 01 nov. 2021.
- ZUCAL, M. P. M. *et al.* Reação de genótipos de videira ao cancro bacteriano. **Interciencia**, v. 41, n. 9, p. 639-645, 2016.
- ZUFFO, A. M. *et al.* Multi-trait stability index: A tool for simultaneous selection of soya bean genotypes in drought and saline stress. **Journal of Agronomy and Crop Science** v. 206, n. 7, p. 1-8, 2020.

SEGUNDA PARTE – ARTIGOS*

ARTIGO 1 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE UVA DE MESA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

RESUMO

A condução de programas de melhoramento de espécies de cultivo perenes, como a videira, demanda longo prazo. Torna-se de grande importância o uso de procedimentos de seleção mais acurados e que apresentem estimativas de parâmetros genéticos que permitam inferir sobre o controle e nível de variabilidade genética presente no material avaliado. O objetivo deste estudo foi estimar os coeficientes de repetibilidade, o número ótimo de safras e selecionar híbridos superiores de uvas de mesa para a região do semiárido brasileiro. A metodologia de modelo misto (REML/BLUP) foi utilizada para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos. Foram avaliados duzentos híbridos de uvas de mesa durante seis safras, no Campo Experimental de Mandacaru, Embrapa Semiárido em Juazeiro, BA. O experimento foi implantado na ausência de delineamento experimental, sendo um único indivíduo de cada genótipo. Foram avaliadas doze variáveis quantitativas morfo agrônomicas. Os coeficientes de repetibilidade foram iguais a 0.20 (produção), 0.18 (número de cachos), 0.37 (comprimento do cacho), 0.30 (largura do cacho), 0.47 (massa do cacho), 0.60 (comprimento da baga), 0.68 (diâmetro da baga), 0.70 (massa da baga), 0.14 (teor de sólidos solúveis) e 0.13 (*ratio*). As acurácias obtidas pela realização de *m* medidas repetidas revelaram que para comprimento, diâmetro e massa da baga apenas uma medida foi suficiente; para comprimento e massa do cacho foram necessárias duas medidas e para largura do cacho; para largura do cacho três medidas foram requeridas; para produção foi preciso quatro medidas e para número de cachos cinco medidas; já para teor de sólidos solúveis e *ratio* foram necessárias 7 e 6 medidas, respectivamente. Além disso, a eficiência de realizar quatro medições em comparação com a de realizar apenas uma medição foi de 58% para produção, 60% para número de cachos, 37% para comprimento do cacho, 50% para largura do cacho, 28% para massa do cacho, 20% para comprimento da baga, 15% para diâmetro da baga, 14% para massa da baga, 68% para teor de sólidos solúveis e 66% para *ratio*). A seleção genotípica individual permite altos ganhos genéticos para características do cacho e da baga e ganhos satisfatórios para características de qualidade. Além disso, foram identificados três genótipos ('BRS Tainá', CPATSA 05.168 e CPATSA 79.100) superiores, simultaneamente, para oito características, sendo 'BRS Tainá', uma cultivar apirênica.

Palavras-chave: *Vitis* spp. REML/BLUP. Melhoramento da videira. Coeficiente de repetibilidade. Acurácia seletiva.

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS AND SELECTION OF TABLE GRAPE HYBRIDS IN THE BRAZILIAN SEMIARID

ABSTRACT

Conducting breeding programs for perennial crop species, such as the vine, demands a long term. It is of great importance to use more accurate selection procedures that show estimates of genetic parameters that allow inferring about the control and level of genetic variability in the evaluated material. The objective of this study was to estimate the repeatability coefficients, the optimal number of crops and to select superior hybrids of table grapes for the

Brazilian semiarid region. The mixed model methodology (REML/BLUP) was used to estimate variance components and predict breeding values. Two hundred table grape hybrids were evaluated during six harvests, at Campo Experimental de Mandacaru, Embrapa Semiárido in Juazeiro, BA. The experiment was implemented in the absence of an experimental design, with a single individual of each genotype. Twelve morpho-agronomic quantitative variables were evaluated. The repeatability coefficients were equal to 0.20 (yield), 0.18 (number of bunches), 0.37 (bunch length), 0.30 (bunch width), 0.47 (bunch mass), 0.60 (berry length), 0.68 (berry diameter), 0.70 (berry mass), 0.14 (soluble solids content) and 0.13 (*ratio*). The accuracies obtained by performing m repeated measurements revealed that for berry length, diameter and mass, only one measurement was sufficient; for the length and mass of the bunch, two measurements were necessary and for the width of the bunch; for bunch width three measurements were required; for yield four measures were needed and for number of bunches five measures; for soluble solids content and *ratio*, 7 and 6 measurements were needed, respectively. Furthermore, the efficiency of taking four measurements compared to taking just one measurement was 58% for yield, 60% for number of bunches, 37% for bunch length, 50% for bunch width, 28% for mass. of bunch, 20% for berry length, 15% for berry diameter, 14% for berry mass, 68% for soluble solids content and 66% for *ratio*. Individual genotypic selection allows high genetic gains for bunch and berry traits and satisfactory gains for quality traits. In addition, three superior genotypes ('BRS Tainá', CPATSA 05.168 and CPATSA 79.100) were identified, simultaneously, for eight traits, being 'BRS Tainá', an apyrenic cultivar.

Keywords: *Vitis* spp. REML/BLUP. Grapevine breeding. Repeatability coefficient. Selective accuracy.

1 INTRODUÇÃO

A espécie *Vitis vinifera* apresenta qualidade superior e representa a maioria cultivares de videira, destacando-se por apresentar maior diversidade morfológica e genética e constituindo a base da vitivinicultura mundial (GRASSI; LORENZIS, 2021).

No Brasil, o Vale do Submédio São Francisco é a principal região produtora de uvas *Vitis vinifera*, com 9.990 ha de área cultivada e produção de 457 mil toneladas, em 2021 (IBGE, 2022).

O melhoramento de plantas perenes, como a videira, apresenta características específicas como a utilização do material genético selecionado por vários anos, uso de avaliações repetidas em cada indivíduo ao longo do tempo e redução na taxa de sobrevivência dos experimentos durante sua vida útil, fatos que tendem a gerar dados desbalanceados para uso na estimação de componentes de variância (parâmetros genéticos) e na predição dos valores genéticos (RODRIGUES *et al.*, 2020). Além disso, demanda longo prazo e altos custos.

Atualmente, o procedimento analítico padrão usado para abordagens genéticas quantitativas e seleção de plantas perenes é o REML/BLUP (máxima verossimilhança

restrita/melhor predição linear imparcial) (SANCHÉZ *et al.*, 2017), constituindo uma importante ferramenta para selecionar genótipos superiores. Os métodos de modelos mistos (REML/BLUP) permitem analisar dados desbalanceados, além de estimar parâmetros genéticos e prediz de maneira precisa e não viesada os valores genotípicos, conduzindo à maximização da acurácia e do ganho genético no processo de seleção (VIANA; RESENDE, 2014).

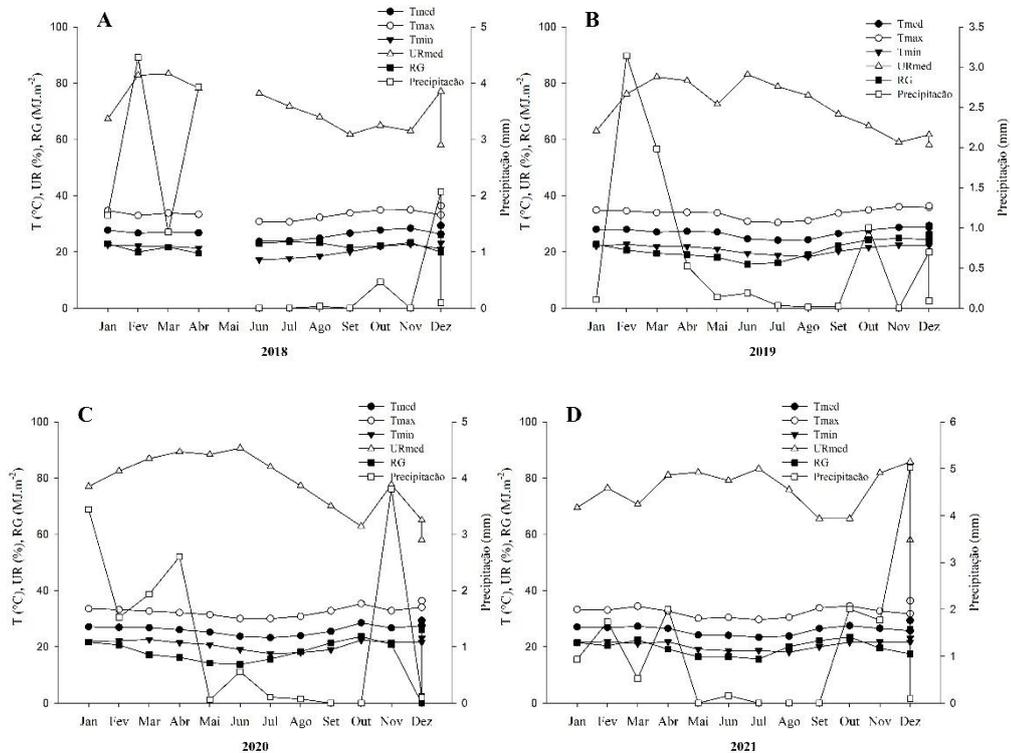
Assim, essa metodologia tem sido amplamente utilizada no contexto do melhoramento de plantas, principalmente plantas perenes. Em espécies frutíferas há trabalhos no melhoramento de acerola (PAIVA *et al.*, 2000), pêssago (DELLA BRUNA *et al.*, 2012), caju (SILVA *et al.*, 2013); cajuí (MAIA *et al.*, 2016a), maracujá (SILVA *et al.*, 2017), bacuri (MAIA *et al.*, 2016b), manga (MAIA *et al.*, 2017), goiaba (BERTOLDO *et al.*, 2017; SANTOS *et al.*, 2017), graviola (SANCHÉZ *et al.*, 2017), limão (MALIKOUSKI *et al.*, 2021), mamão (CARDOSO *et al.*, 2017, MOREIRA *et al.*, 2018), umbu-caja (MARQUES *et al.*, 2017). Em videiras sua utilização tem sido descrita em trabalhos relacionados à seleção de progênies de videira para uvas de mesa realizados pela Embrapa no Vale do Submédio São Francisco (LEÃO *et al.*, 2018; SALES *et al.*, 2019) e seleção de híbridos de uvas resistentes ao nematoide *Pratylenchus brachyurus* (SANTOS *et al.*, 2018, 2019).

Os objetivos deste estudo foram estimar os coeficientes de repetibilidade, o número ótimo de medidas e ganhos genéticos, além de selecionar híbridos superiores de *Vitis* spp., tendo em vista o desenvolvimento de cultivares de uvas de mesa adaptadas às condições do semiárido brasileiro.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado no Campo Experimental de Mandacaru da Embrapa Semiárido em Juazeiro, Bahia, Brasil, localizado a 09°24" S e 40°26" W, em altitude aproximada de 375 m acima do nível do mar. Segundo Köppen, o clima da região é classificado como BswH, que corresponde a um clima tropical quente e seco, sendo as informações climáticas para o período de realização deste trabalho registradas na Estação Meteorológica Automática e apresentadas na Figura 1. O solo da área experimental é classificado como Vertissolo (CUNHA *et al.*, 2008).

Figura 1 - Dados meteorológicos de precipitação (mm), temperatura média, mínima e máxima do ar (°C), umidade relativa (%) e radiação global (MJ m⁻²) para os anos de 2018 (Figura 1A), 2019 (Figura 1B), 2020 (FIGURA 1C) e 2021 (FIGURA 1D).



Fonte: Da autora (2022)

As plantas de videiras utilizadas no estudo foram enxertadas no porta-enxerto IAC 572 e conduzidas no sistema de condução em espaldeira com espaçamento 3 × 1 m. A irrigação foi realizada diariamente em sistema de gotejamento e o volume de água aplicado foi calculado com base na evapotranspiração da cultura: $ET_c = ET_0 \times K_c$; onde ET_c é a evapotranspiração da cultura, ET_0 é a evapotranspiração de referência e K_c é o coeficiente da cultura.

A adubação das plantas foi baseada em análises foliares e de solo, seguindo as recomendações para a cultura, via sistema de fertirrigação. As práticas de manejo consistiram em roço de ervas espontâneas, poda mista com varas e esporões, desbrota, amarrão e controle fitossanitário semanal. Foi aplicada cianamida nitrogenada (5%) após a poda para quebrar a dormência das gemas e uniformizar a brotação. Não foram realizadas aplicação de ácido giberélico, seleção ou raleio de cachos. Foram avaliadas seis safras no período de 2018 a 2021. As datas de poda e colheita estão apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1 – Datas de poda e colheita dos ciclos avaliados.

Ciclo	Data de poda	Data de colheita
1	30/04/2018	17/08/2018 a 15/09/2018
2	06/11/2018	12/02/2019 a 17/03/2019
3	04/03/2020	02/06/2020 a 30/06/2020
4	15/07/2020	23/10/2020 a 20/11/2020
5	16/12/2020	08/03/2021 a 16/04/2021
6	30/06/2021	28/09/2021 a 29/10/2021

Fonte: Da autora (2022).

Os genótipos avaliados corresponderam a 200 híbridos (F1) originados de 39 cruzamentos entre cultivares de *Vitis vinifera*, entre híbridos interespecíficos e também entre *Vitis vinifera* e híbridos interespecíficos (TABELA 2). Os parentais utilizados nos cruzamentos apresentam uma ou mais características superiores relacionadas à produção ou qualidade da uva, como fertilidade de gemas, rendimento, tamanho de cachos e bagas, teor de sólidos solúveis e ausência de sementes. Cada híbrido foi representado por uma única planta de videira, sem delineamento experimental ou repetições.

Tabela 2 - Parentais masculino e feminino, código do cruzamento e número de genótipos avaliados por cruzamento. (continua)

Cruzamento	Código	Número de genótipos avaliados
Thompson x Moscatel Nazareno	1	2
Maroo x BRS Isis	2	1
Maroo x Ferlongo	5	1
CG351 x A Dona	10	1
CG351 x CNPUV24	12	1
Thompson x Moscatel Alexandria	13	1
Thompson x Superior	14	4
Maroo x Superior	15	2
Superior x Moscatel Alexandria	19	2
Crimson x Moscato Noir	21	4
Crimson x Ferlongo	22	3
Maroo x Burdin	23	1
BRS Linda x Maroo	24	3
BRS Vitória x Maroo	26	1
A1581 x Maroo	28	24
CG351 x CG102295	31	7

Tabela 2 - Parentais masculino e feminino, código do cruzamento e número de genótipos avaliados por cruzamento. (conclusão)

Cruzamento	Código	Número de genótipos avaliados
BRS Linda x CG351	32	1
Maroo x Itália Melhorada	38	6
Catalunha x Feal	40	2
Catalunha x Superior	42	5
Feal x A1581	45	1
Feal x Princess	47	2
Júpiter x Maroo	49	60
Thompson x Sulfo Red Seedless	51	1
CG38049 x Superior	53	1
Grenache x Júpiter	60	1
Feal x Maroo	62	8
CG351 x Maroo	63	9
A1105 x Maroo	64	2
BRS Clara x Maroo	65	7
CG33716 x A Dona	67	8
Grenache x Superior	69	2
Ferlongo x Thompson	70	1
CNPUV8 x CG351	74	1
BRS Linda x Seyve Villard 12375	75	1
A Dona x CG351	76	6
BRS Isis x Maroo	79	16
Grenache x Thompson	89	1

Fonte: Da autora (2022).

Doze características agrônômicas foram avaliadas nos 200 genótipos, produção – P (kg.planta⁻¹), número de cachos – NC (cachos.planta⁻¹), comprimento do cacho – CC (cm), largura do cacho – LC (cm), massa do cacho – MC (g), comprimento da baga - CB (mm), diâmetro da baga - DB (mm), massa da baga – MB (g), teor de sólidos solúveis – SS (%), acidez titulável – AT (%), *ratio* – SS/AT (adimensional), massa seca da semente – MSS (mg).

A produção foi obtida por meio do peso de todos os cachos colhidos para cada planta. O número de cachos por planta, contando-se os cachos na planta no momento da colheita. As características do cacho foram determinadas a partir da média de uma amostra composta de 5 cachos por planta. As características da baga foram obtidas por meio da média de uma amostra de 10 bagas aleatórias de cada um dos cinco cachos avaliados anteriormente. O teor de sólidos solúveis (g 100 g⁻¹) foi medido no mosto (AOAC, 2010) usando um refratômetro digital

portátil. A acidez titulável (g ácido tartárico 100 mL⁻¹) foi determinada por titulação com NaOH 0,1 N até o ponto neutro (AOAC, 2010) usando um titulador manual. O *ratio* foi calculado pela razão entre o teor de sólidos solúveis e acidez titulável.

A massa seca da semente foi determinada a partir de uma amostra de cem sementes, mantidas em estufa de circulação forçada à 60 °C durante 24h e posterior pesagem em balança analítica de precisão. A classificação dos genótipos quanto a presença ou ausência de sementes se deu conforme os descritores do International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI, 1997): semente traço (≤ 10 mg), semente pequena (10 a 25 mg), semente média 25 a 40 mg), semente grande (40 a 55 mg) e semente muito grande (≥ 55 mg). Foram considerados genótipos apirênicos somente aqueles que apresentaram semente com massa menor ou igual a 10 mg.

Os componentes de variância foram estimados por máxima verossimilhança restrita (REML), enquanto que os valores genotípicos foram preditos pelo melhor preditor linear não viesado (BLUP), utilizando o software Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016). O modelo estatístico empregado foi o modelo básico de repetibilidade, que pressupõe a ausência de delineamento experimental (Modelo 63) e pode ser representado na forma matricial por meio da seguinte equação: $y = Xm + Zp + e$, onde y é o vetor de dados (variável a ser analisada); m é o vetor dos efeitos de medição, assumidos fixos, somados à média geral, p é o vetor de efeitos fenotípicos permanentes de plantas (efeitos genotípicos + efeitos de ambiente permanente), assumidos como aleatórios; e é o vetor de erros ou resíduos de efeitos aleatórios; X e Z são as matrizes de incidência para efeitos fixos e efeitos aleatórios, respectivamente (VIANA; RESENDE, 2014).

As equações de modelo misto foram expressas por (EQUAÇÃO 1)

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

onde I é a matriz identidade, σ_g^2 é a variância genotípica e σ_e^2 é a variância residual. Os estimadores para obtenção de σ_g^2 e σ_e^2 são (EQUAÇÃO 2)

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \sigma_e^2 tr C^{22}]/N_g \text{ e } \hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{g}'Z'y]/[N - r(X)] \quad (2)$$

onde N_g é o número de elementos aleatórios (indivíduos), tr é operador traço matricial, dado pela soma dos elementos da diagonal da matriz; N é o número total de dados, $r(X)$ é o

número de colunas linearmente independentes de X , e C^{22} é dado pela fórmula $\begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}(\sigma_e^2/\sigma_g^2) \end{bmatrix}^{-1}$. A^{-1} é a matriz de correlação genética aditiva e de dominância entre os indivíduos avaliados.

A significância dos efeitos aleatórios do modelo (efeitos fenotípicos permanentes) foi avaliada por meio da análise de deviance (ANADEV) via teste da razão de verossimilhança (LTR), conforme recomendado por Viana e Resende (2014). Matematicamente, $LTR = (-2\text{Log}L)_{p-1} - (-2\text{Log}L)_p$, onde $\text{Log}L$ é o logaritmo do ponto máximo da função de verossimilhança residual (L) associados a modelos reduzidos ($p-1$) e completos (p); e $(-2\text{Log}L)$ é a deviance. O LTR foi comparado com o valor da função densidade de probabilidade (χ^2) com um grau de liberdade, em 1% e 5% de probabilidade.

O coeficiente de repetibilidade (r) foi calculado a partir da Equação 3.

$$r = (\sigma_g^2 + \sigma_{ep}^2)/\sigma_f^2 \quad (3)$$

onde σ_g^2 é a variância genética, σ_{ep}^2 é a variância ambiental permanente e σ_f^2 é a estimativa da variância fenotípica individual. A acurácia do uso de m medidas em cada planta comparada com o uso de apenas uma em termos de ganho genético com seleção A_{cm} foi obtida por (EQUAÇÃO 4).

$$A_{cm} = \sqrt{[(mr)/(mr) + 1 - r]} \quad (4)$$

onde m é o número de medidas repetidas e r é o coeficiente de repetibilidade. A eficiência do uso de m medidas em cada planta em comparação com apenas uma medida (E), foi obtida: $E = \{m/[1 + (m - 1)r_m]\}^{0,5}$ (VIANA; RESENDE, 2014). A correlação foi estimada pelo coeficiente de Pearson utilizando o software estatístico GENES (CRUZ, 2016).

Foi aplicada uma intensidade de seleção de 25% para cada característica analisada, o que corresponde aos 50 melhores indivíduos em uma amostra de 200 híbridos ao nível de indivíduo.

2 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A significância dos efeitos genotípicos foi avaliada pela análise de deviance, a qual é indicada para análise de modelos mistos com dados desbalanceados. Utilizando o LRT, testou-se a hipótese nula de que não houve diferença entre os modelos completo e reduzido. Todas as características avaliadas apresentaram efeitos genéticos significativos ($p < 0.01$) (TABELA 3).

Isso revela a existência de variabilidade entre os híbridos avaliados, ou seja, seus efeitos explicam parte da variação total, o que demonstra possibilidade de obtenção de ganhos genéticos por meio da seleção direta em todas as características avaliadas e, por conseguinte, a recomendação de genótipos superiores. A premissa básica para seleção é a presença e conhecimento da variabilidade genética (MALIKOUSKI *et al.*, 2021). Além disso, modelos com parâmetros genéticos significativos são os mais adequados para estimar componentes de variância e prever valores genotípicos para cada característica.

Tabela 3 - Análise de deviance para as características: produção, número de cachos, comprimento do cacho, largura do cacho, massa do cacho, comprimento da baga, diâmetro da baga, massa da baga, teor de sólidos solúveis, *ratio* (SS/AT) de 200 genótipos híbridos de *Vitis* spp.

Características		Efeito	
		Genótipo	Modelo completo
Produção	DEV	1985,97	1952,22
	LTR	33.75*	
Número de cachos	DEV	3874,81	3852,68
	LTR	22.13*	
Comprimento do cacho	DEV	2109,69	2014,50
	LTR	95.19*	
Largura do cacho	DEV	1626,52	1576,76
	LTR	49.76*	
Peso do cacho	DEV	6931,05	6776,20
	LTR	154.85*	
Comprimento da baga	DEV	2148,94	1895,46
	LTR	253.48*	
Diâmetro da baga	DEV	1701,03	1342,46
	LTR	358.57*	
Peso da baga	DEV	799,12	415,71
	LTR	383.41*	
Teor de sólidos solúveis	DEV	1921,42	1906,82
	LTR	14.60*	
<i>Ratio</i> (SS/AT)	DEV	4324,31	4306,74
	LTR	17.57*	

^{ns} não significativo; * $p < 0.01$; ** $p < 0.05$ pelo teste de X^2 ($p < 0.01 = 6.63$; $p < 0.05 = 3.84$).

LTR - Teste de razão de verossimilhança, distribuição com 1 grau de liberdade; DEV – Deviance.

Fonte: Da autora (2022).

As estimativas de correlação linear de Pearson entre as características avaliadas variaram de 0.01 a 0.89 (TABELA 4). As correlações genéticas foram de baixa magnitude para a maioria das características. No entanto, as características produção e número de cachos; comprimento do cacho, largura do cacho e massa do cacho; comprimento da baga, diâmetro da baga e massa da baga; e teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) apresentaram altas correlações positivas. Resultados semelhantes foram encontrados por Maia et al. (2017) em manga rosa. Em contrapartida, Wei, Sykes e Clingeffer (2002) encontraram baixa correlação entre teor de sólidos solúveis e acidez titulável (0.04), mas para massa, comprimento e diâmetro da baga as correlações foram altas. Nikolic *et al.* (2018) observaram correlação de 0.45 entre peso do cacho e peso da baga e de (-0.21) entre teor de sólidos solúveis e acidez titulável.

Cargnin (2019) por meio de correlação canônica analisou a magnitude de associação e interdependência entre características de clones de duas cultivares de *Vitis vinifera*, obtendo-se

valores de correlação de $r = -0.71$ e $r = 0.55$ entre produtividade e número de cachos, de $r = 0.98$ e $r = 0.90$ entre peso do cacho e produtividade, de $r = -0.82$ e $r = 0.16$ entre número de cachos e massa do cacho, de $r = -0.18$ e $r = -0.77$ entre número de bagas e massa da baga, e de $r = 0.13$ e -0.05 entre teor de sólidos solúveis e acidez titulável, para clones das cultivares ‘Cabernet Sauvignon’ e ‘Chardonnay’, respectivamente.

O teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) apresentaram correlações negativas com a maioria das características, porém foram não significativas ou de baixa magnitude. Wei, Sykes e Clingeleffer (2002) também verificaram correlações negativas e de baixa magnitude entre teor de sólidos solúveis e características da baga, já o *ratio* (SS/AT) apresentou correlação positiva, embora de baixa magnitude. Resultados diferentes foram encontrados por Nikolic *et al.* (2018), onde correlações positivas foram verificadas para o teor de sólidos solúveis e as características peso do cacho e produtividade.

Estimativas de correlação genética entre características são importantes para o sucesso dos programas de melhoramento, pois permitem ao melhorista avaliar a resposta seletiva e obter ganhos indiretos em outras variáveis. Desse modo, algumas características poligênicas fortemente influenciadas pelo ambiente podem ser selecionadas indiretamente a partir de outras variáveis mensuradas com mais facilidade e acurácia.

Tabela 4 - Correlação linear de Pearson entre as características: produção (P), número de cachos (NC), comprimento do cacho (CC), largura do cacho (LC), massa do cacho (MC), comprimento da baga (CB), diâmetro da baga (DB), massa da baga (PB), teor de sólidos solúveis (SS), *ratio* (SS/AT) de 200 genótipos híbridos de *Vitis* spp.

	P	NC	CC	LC	MC	CB	DB	MB	SS	<i>Ratio</i>
P		0.66**	0.44**	0.28**	0.55**	0.28**	0.31**	0.36**	-0.14**	-0.07 ^{ns}
NC			0.14**	-0.02 ^{ns}	0.03 ^{ns}	0.01 ^{ns}	-0.01 ^{ns}	0.03 ^{ns}	-0.19**	-0.06 ^{ns}
CC				0.64**	0.73**	0.31**	0.32**	0.35**	-0.09*	-0.11**
LC					0.66**	0.31**	0.37**	0.36**	-0.06 ^{ns}	-0.08*
MC						0.46**	0.52**	0.57**	-0.06 ^{ns}	-0.05 ^{ns}
CB							0.79**	0.81**	0.07 ^{ns}	0.07*
DB								0.89**	0.04 ^{ns}	0.06 ^{ns}
MB									0.05 ^{ns}	0.04 ^{ns}
SS										0.60**
<i>Ratio</i>										

^{ns} não significativo; * $p < 0.01$; ** $p < 0.05$.

Fonte: Da autora (2022).

A estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos para as variáveis consideradas neste estudo são apresentadas na Tabela 5.

Tabela 5 - Componentes de variância (REML individual) para as características produção, número de cachos, comprimento do cacho, largura do cacho, massa do cacho, comprimento da baga, diâmetro da baga, massa da baga, teor de sólidos solúveis, *ratio* (SS/AT) de 200 genótipos híbridos de *Vitis* spp.

Características	Média geral	V _{fp}	V _{et}	V _f	r=h ²	r _m	A _{cm}
Produção (kg)	3.03	1.32	5.31	6.63	0.20 ± 0.05	0.60	0.77
Número de cachos	15.13	19.96	89.51	109.47	0.18 ± 0.05	0.57	0.76
Comprimento do cacho (cm)	14.13	2.96	5.06	8.03	0.37 ± 0.06	0.78	0.88
Largura do cacho (cm)	8.20	1.00	2.91	3.91	0.30 ± 0.05	0.70	0.82
Massa do cacho (g)	211.02	4753.84	5319.13	10072.97	0.47 ± 0.07	0.84	0.92
Comprimento da baga (mm)	18.51	4.97	3.50	8.47	0.60 ± 0.08	0.90	0.95
Diâmetro da baga (mm)	15.97	2.97	1.40	4.36	0.68 ± 0.09	0.93	0.96
Massa da baga (g)	2.95	0.80	0.35	1.15	0.70 ± 0.09	0.93	0.97
Teor de sólidos solúveis (%)	16.50	0.84	5.22	6.06	0.14 ± 0.04	0.49	0.70
<i>Ratio</i> (SS/AT)	36.39	31.63	180.14	211.77	0.15 ± 0.04	0.51	0.72

V_{fp} variância fenotípica permanente entre plantas; V_{et} variância ambiental temporária; V_f variância fenotípica individual; r = h² repetibilidade individual e seu intervalo de confiança; r_m repetibilidade média das safras ou medidas repetidas; e A_{cm} acurácia da seleção com base na média das safras ou medidas repetidas.

Fonte: Da autora (2022).

A média geral de produção foi de 3.03 kg por planta, correspondendo a uma produtividade estimada de 10 t ha⁻¹ por safra. Além disso, o número médio de cachos por planta também foi reduzido, aproximadamente 15 cachos, característica essa que está diretamente correlacionado com a produtividade. A produtividade encontrada neste estudo foi mais baixa do que as encontradas por Leão *et al.* (2018) (13 t ha⁻¹) e Sales *et al.* (2019) (19 t ha⁻¹) ao avaliar híbridos de uva no sistema de condução latada. No entanto, essa baixa produtividade está relacionada ao sistema de condução em espaldeira, bem como ao manejo adotado no vinhedo, e pode ser melhorada com o sistema de condução latada e práticas culturais recomendadas no cultivo comercial da videira. Além disso, a produção é um caráter quantitativo e a avaliação foi realizada com base em uma única planta.

As médias gerais de comprimento do cacho, largura do cacho, massa do cacho, comprimento da baga, diâmetro da baga, massa da baga, teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) foram 14.13 cm, 8.20 cm, 211.02 g, 18.51 mm, 15.97 mm, 2.95 g, 16.50 % e 36.36, respectivamente. Leão *et al.* (2018) e Sales *et al.* (2019) observaram que a massa do cacho de

híbridos de uva foi de 334 g e 314 g, respectivamente. A massa dos cachos das cultivares ‘BRS Vitória’, ‘BRS Ísis’ e ‘BRS Melodia’ variam entre 290 g e 375 g (MAIA *et al.*, 2012, 2019; ZILIO *et al.*, 2019). Em relação às características diâmetro da baga e teor de sólidos solúveis, resultados similares foram observados por Leão *et al.* (2018) e Sales *et al.* (2019) e, além disso, os valores estão próximos aos das cultivares de uvas de mesa ‘BRS Vitória’, ‘BRS Ísis’ e ‘BRS Melodia’ (MAIA *et al.*, 2012, 2019; ZILIO *et al.*, 2019). Em uvas para vinho ‘Chardonnay’ e ‘Cabernet Sauvignon’, Cargnin (2016) identificaram teores de sólidos solúveis de 22% e massa da baga de aproximadamente 1g. De modo geral, com exceção da massa do cacho, as demais características estão dentro dos valores esperados para uvas de mesa.

A variância fenotípica permanente estimada entre plantas (V_{fp}) foi superior a variância ambiental temporária (V_{et}) para as características relacionadas a baga, representando a maior parte da variância fenotípica (V_f). Isso reflete possibilidade de sucesso na seleção de genótipos por meio de propagação vegetativa, conservando características de genótipos superiores. Leão *et al.* (2018) também verificaram V_{fp} maior que V_{et} para a variável diâmetro da baga.

Entretanto, os maiores valores de V_{et} em relação aos valores de V_{fp} para as variáveis produção, número de cachos, comprimento do cacho, largura do cacho, massa do cacho, teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) indicam que essas características são altamente influenciadas pelas condições ambientais. Resultados semelhantes a esses foram encontrados por Sánchez *et al.* (2017) para produção de frutos; Maia *et al.* (2017) para características do fruto e Sales *et al.* (2019) para todas as variáveis por eles avaliadas (produtividade, massa do cacho, teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT), com exceção do número de cachos em que V_{fp} foi superior a V_{et} . Em contrapartida, Leão *et al.* (2018) detectou V_{fp} maior do que V_{et} para as variáveis produção e número de cachos, mas também observou V_{et} superior a V_{fp} para as variáveis massa do cacho e teor de sólidos solúveis.

A influência ambiental nas variáveis de produção, nas características do cacho, no teor de sólidos solúveis e no *ratio* (SS/AT) pode ser explicada pelas variações climáticas sazonais nas safras de 1º e 2º semestre no Vale do Submédio São Francisco, aliadas ainda as alternâncias comuns em safras consecutivas (LEÃO *et al.*, 2018). V_{et} mais elevada do que V_{fp} dificulta a seleção de genótipos promissores com base em métodos simples de melhoramento de plantas, como seleção de clones, que levam em consideração apenas o fenótipo individual (LEÃO *et al.*, 2018).

O conhecimento do coeficiente de repetibilidade das características de interesse permite avaliar o dispêndio de tempo necessário para que a seleção de indivíduos geneticamente superiores seja feita com a acurácia desejada pelo pesquisador (DELLA BRUNA *et al.*, 2012).

Quanto mais alto o coeficiente de repetibilidade individual, menor o número de medidas repetidas para predizer o valor real do indivíduo. Por outro lado, quando a repetibilidade do caráter é baixa, são necessárias várias repetições para que se alcance um valor de determinação satisfatório (RESENDE, 2009). Como ao selecionar um genótipo o esperado é que sua superioridade inicial persista, o desejado são altos valores de repetibilidade.

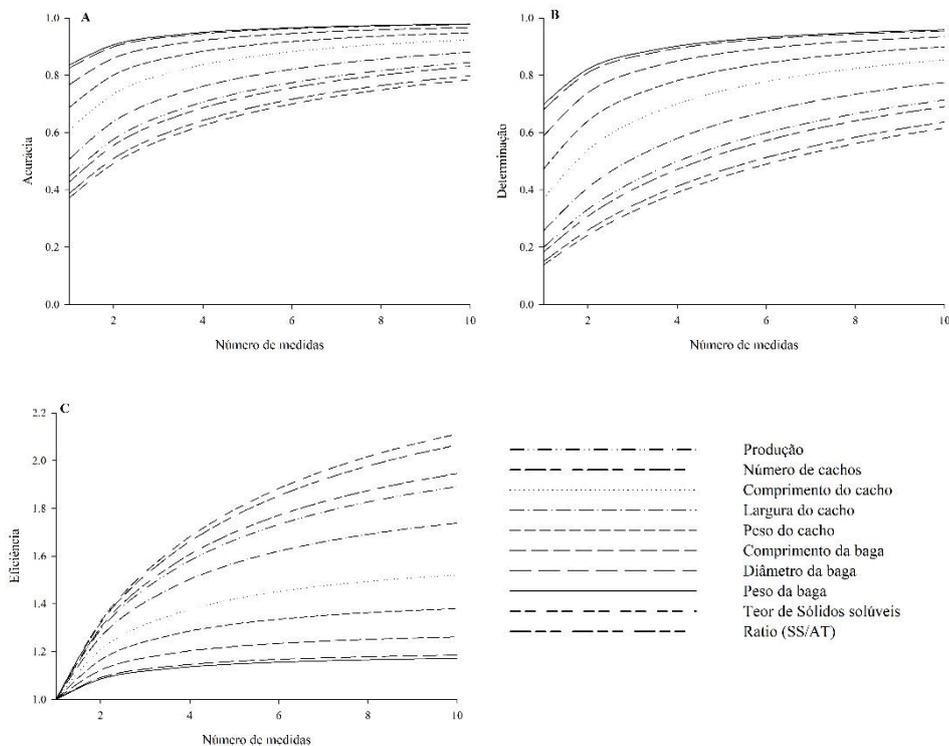
Os coeficientes de repetibilidade individual ($r = h^2$) variaram de 0.14 a 0.70. A repetibilidade é importante para o melhoramento de plantas pois fornece o valor máximo que a herdabilidade no sentido amplo pode alcançar (CARGNIN, 2016). Dessa forma, de acordo com o coeficiente de repetibilidade, a herdabilidade das características avaliadas tende a ser baixa, exceto para atributos da baga.

O coeficiente de repetibilidade mede a capacidade dos indivíduos de manter a expressão do caráter ao longo de várias colheitas. Assim, permite a seleção de genótipos que mantêm sua superioridade genética em sucessivas colheitas, minimizando os efeitos ambientais na seleção (FERREIRA *et al.*, 2020). Segundo Resende (2009), a repetibilidade pode ser classificada em alta ($r > 0,60$), média ($0,30 < r < 0,60$), e baixa ($r < 0,30$). Portanto, a repetibilidade individual para comprimento da baga (0.60), largura da baga (0.68) e massa da baga (0.70) foram consideradas altas; para comprimento do cacho (0.37), largura do cacho (0.30) e massa do cacho (0.47) foram de magnitude média; e para produção (0.20), número de cachos (0.18), teor de sólidos solúveis (0.14) e *ratio* (SS/AT) (0.15) foram baixas. Esses resultados demonstram maior controle genético e maior estabilidade em termos de similaridade de valores, para as características da baga, nos sucessivos ciclos de avaliação, o que auxilia na melhor predição dos valores genotípicos.

As estimativas de repetibilidade individual observadas neste estudo são superiores às mencionadas para frutíferas como manga (MAIA *et al.*, 2017), semelhantes às observadas para limão (MALIKOUSKI *et al.*, 2021), pêssego (DELLA BRUNA *et al.*, 2012) e cajuí (MAIA *et al.*, 2016a), mas foram inferiores às encontradas em graviola (SANCHÉZ *et al.*, 2017) e castanha do Pará (PEDROZO *et al.*, 2015). Esses resultados estão de acordo com Sales *et al.* (2019) que encontraram coeficientes de repetibilidade baixos para sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) e com Leão *et al.* (2018) que também encontraram repetibilidades similares para massa do cacho, diâmetro da baga e teor de sólidos solúveis. Por fim, Cargnin (2016) verificou repetibilidade mais elevada do que as obtidas neste trabalho para produção, número de cachos, massa do cacho e teor de sólidos solúveis de uva, coincidindo apenas o coeficiente de repetibilidade para massa da baga.

As acurácias seletivas, os coeficientes de determinação e as eficiências seletivas aumentaram quando o número de medidas aumentou, conforme esperado (FIGURA 2). Pois, com o aumento do número de medidas há redução nos valores das variâncias ambiental, o que representa ganho em precisão (FERREIRA *et al.*, 2020). Entretanto, é importante otimizar o processo de seleção de plantas perenes, estimando o número ideal de observações fenotípicas necessárias para obter valores de acurácia e determinação significativos, economizando recursos.

Figura 2 - Acurácia seletiva dos efeitos fenotípicos permanentes (A), determinação (B) e eficiência (C) da realização de m medidas repetidas para todas as características avaliadas de 200 genótipos híbridos de *Vitis* spp.



Fonte: Da autora (2022)

Acurácia seletiva demonstra a regularidade da superioridade dos indivíduos de uma safra para outra, e que a expressão dessa característica tem bom controle genético (DELLA BRUNA *et al.*, 2012). As estimativas de acurácias obtidas pela realização de m medidas repetidas revelaram que para comprimento, diâmetro e massa da baga apenas uma medida foi suficiente; para comprimento e massa do cacho foram necessárias duas medidas e para largura do cacho três medidas foram requeridas; para produção foi preciso quatro medidas e para número de cachos cinco medidas; já para teor de sólidos solúveis e *ratio* foram

necessárias 7 e 6 medidas, respectivamente, para atingir uma acurácia igual ou superior a 70% (FIGURA 2). Ressalta-se que as características da baga possuem elevada herdabilidade, sendo necessário apenas uma safra para se alcançar acurácia superior a 70%.

Valores de acurácia acima de 70% são considerados altos e, portanto, suficientes para o processo de seleção em programas de melhoramento (RESENDE; ALVES, 2020), pois mostra a correta classificação dos genótipos (RESENDE; DUARTE, 2007).

Leão *et al.* (2018) e Sales *et al.* (2019) mencionaram em videira, estudadas nesta mesma região, acurácias superiores a 80% para produção, número de cachos, massa do cacho e diâmetro da baga, valores superiores aos encontrados neste trabalho, mas resultados similares foram obtidos para SS e *ratio* (SS/AT), quando avaliaram quatro e três ciclos, respectivamente. Em outras frutíferas, Alves e Resende (2008) relataram que cinco safras foram suficientes para obter acurácia de 70% para número de frutos de cupuaçu e Malikouski *et al.* (2021) observaram que quatro safras proporcionaram acurácia acima de 90% para as variáveis produção e número de frutos por planta em limão 'tahiti'.

Para culturas perenes, a seleção durante o estágio inicial de desenvolvimento ou nas primeiras colheitas pode encurtar o ciclo de reprodução (FERREIRA *et al.*, 2020). Assim, enquanto avaliações adicionais para produção, número de cachos, largura do cacho, teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) seriam necessárias, para comprimento do cacho, massa do cacho e características da baga, apenas duas colheitas são suficientes para atingir uma precisão igual ou superior a 70%, economizando recursos. Além disso, há apenas um pequeno aumento na eficiência ao se realizar mais de duas avaliações nestas variáveis, enquanto as demais variáveis apresentam maior eficiência na seleção, justificando o custo com colheitas e avaliações adicionais.

A acurácia seletiva depende da herdabilidade e da repetibilidade do caráter e dos procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos. É o principal componente do progresso genético, pois está associada à precisão na seleção, ou seja, refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos, quanto maior a acurácia na avaliação de um indivíduo, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito do indivíduo (MAIA *et al.*, 2017).

Os resultados de determinação mostram que para obter determinação superior a 80% foram necessárias 7 medidas para comprimento do cacho, 5 medidas para massa do cacho, 3 medidas para comprimento da baga e, apenas 2 medidas para diâmetro e massa da baga. Coeficiente de determinação superior a 80% é considerado bom para selecionar indivíduos superiores em culturas perenes (SANCHÉZ *et al.*, 2017). As características produção, número

de cachos, largura do cacho, teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) não atingiram os valores mínimos desejados mesmo com o número máximo de medidas estimadas (dez). Para o teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) valores muito baixos de repetibilidade individual corresponderam à necessidade de avaliar 10 safras para atingir o coeficiente de determinação de 61 % e 63 %, respectivamente. Desse modo, para essas variáveis, recomenda-se o uso de seleção indireta, com base no estudo de correlações entre a variável e outras de melhor controle genético. Como já demonstrado em outros trabalhos, essas variáveis são altamente influenciadas pelo ambiente, então avaliação em experimentos com repetição também auxiliariam a melhorar.

Esses resultados estão de acordo com (MALIKOUSKI *et al.*, 2021). Segundo os autores foram necessárias 8 colheitas no limão para atingir determinação de 80% na produção e número de frutos, sendo que a largura do fruto não atingiu a determinação mínima. Para graviola, oito safras foram avaliadas para atingir determinação superior a 80% para número de frutos (SANCHÉZ *et al.*, 2017). Maia *et al.* (2017) encontraram que em manga foram necessárias 6 e 7 avaliações para *ratio* e teor de sólidos solúveis, respectivamente e acima de 10 medições para características do fruto.

Na cultura da videira, os resultados obtidos estão de acordo com Leão *et al.* (2018), os quais encontraram a necessidade de avaliar durante 4, 3, e 6 safras para alcançar determinação superior a 80% para produção, número de cachos, massa do cacho e diâmetro da baga, respectivamente e teor de sólidos solúveis não atingiu a determinação mínima. O mesmo foi verificado por Sales *et al.* (2019), que obteve determinações acima de 80% para número de cachos e massa do cacho e baixos valores para teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT). Em contrapartida, Cargnin (2016) avaliou dois clones de videira e demonstrou que o uso de três safras é adequado para a prática de seleção, com determinação acima de 80% para a produtividade, número de cachos, massa do cacho, massa da baga e teor de sólidos solúveis.

A eficiência da seleção ao realizar quatro medições em comparação com uma medição, aumenta consideravelmente: 58%, 60%, 37%, 50%, 28%, 20%, 15%, 14%, 68% e 66%, para produção por planta, número de cachos, comprimento do cacho, largura do cacho, massa do cacho, comprimento da baga, diâmetro da baga e massa da baga, teor de sólidos solúveis, *ratio* (SS/AT), respectivamente. No entanto, para as características da baga foi observado apenas 2% de aumento e para características do cacho entre 3 e 7% de aumento, na realização de quatro medidas ao invés de três. Já para produção, número de cachos, teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT), ainda se verifica aumentos de eficiência significativos, acima de 20%, após quatro ciclos de colheita.

Além disso, a utilização de quatro safras para seleção permitiu a obtenção de acurácia igual ou superior a 70% para todas as características avaliadas, com exceção do teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT). Assim, de maneira geral, quatro safras consecutivas são recomendadas para selecionar genótipos superiores de híbridos de uva de mesa para o semiárido brasileiro.

Os componentes de médias (BLUP individual), ganhos genéticos e novas médias estimadas, para as variáveis produção, características do cacho, características da baga e de qualidade estão apresentados nas tabelas 5, 6, 7 e 8. Os 50 melhores indivíduos foram selecionados para todas as variáveis analisadas, representando 25% dos híbridos avaliados. As estimativas da nova média foram superiores à média geral para todas as características. Resultados similares foram obtidos por Leão *et al.* (2018) na avaliação de híbridos de uva no Vale do Submédio São Francisco.

As estimativas de ganho genético com a seleção variaram de 1.00 kg a 3.64 kg para a produção e de 4.08 a 7.84 cachos por planta. As novas médias foram de 4.03 kg a 6.68 kg para produção e de 19.21 a 22.97 frutos por planta (TABELA 6).

Tabela 6 - Componentes de média (BLUP individual), ganho genético e nova média, com a seleção de 50 genótipos superiores para características de produção: produção (kg) e número de cachos por planta.

Rk	Produção			Número de cachos		
	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média
1	CPATSA 01.06	3.64	6.68	CPATSA 15.05	7.84	22.97
2	CPATSA 14.00G	3.38	6.41	CPATSA 28.01	7.51	22.65
3	CPATSA 28.09	3.06	6.09	CPATSA 49.20	7.35	22.48
4	CPATSA 15.05	2.86	5.89	CPATSA 49.197	7.20	22.33
5	CPATSA 28.12	2.70	5.74	CPATSA 49.221	6.97	22.11
6	CPATSA 28.18	2.59	5.62	CPATSA 67.02	6.81	21.94
7	CPATSA 28.17	2.50	5.54	CPATSA 79.28	6.65	21.78
8	CPATSA 28.03	2.42	5.45	CPATSA 28.09	6.51	21.65
9	CPATSA 67.02	2.36	5.39	CPATSA 49.191	6.40	21.54
10	CPATSA 28.05	2.27	5.30	CPATSA 49.28	6.32	21.45
11	CPATSA 05.168	2.19	5.22	CPATSA 42.157	6.24	21.37
12	CPATSA 49.100	2.10	5.14	CPATSA 28.18	6.16	21.30
13	CPATSA 42.157	2.03	5.07	CPATSA 67.03	6.09	21.22
14	CPATSA 28.08	1.97	5.00	CPATSA 49.246	6.02	21.15
15	CPATSA 38.121	1.91	4.94	CPATSA 49.100	5.94	21.08
16	CPATSA 49.43	1.84	4.88	CPATSA 49.171	5.87	21.00
17	CPATSA 21.60	1.79	4.82	CPATSA 49.234	5.80	20.94
18	CPATSA 28.25	1.73	4.77	CPATSA 49.235	5.74	20.87
19	CPATSA 28.19	1.69	4.72	CPATSA 79.47	5.67	20.80
20	CPATSA 62.19	1.65	4.68	CPATSA 62.19	5.60	20.74
21	CPATSA 79.24	1.61	4.64	CPATSA 49.49	5.54	20.68

Tabela 6 - Componentes de média (BLUP individual), ganho genético e nova média, com a seleção de 50 genótipos superiores para características de produção: produção (kg) e número de cachos por planta. (conclusão)

Rk	Produção			Número de cachos		
	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média
22	CPATSA 49.171	1.57	4.61	CPATSA 49.31	5.48	20.62
23	CPATSA 67.03	1.54	4.57	CPATSA 49.30	5.43	20.56
24	CPATSA 01.02	1.51	4.54	CPATSA 28.03	5.38	20.51
25	CPATSA 49.31	1.48	4.51	CPATSA 28.12	5.31	20.45
26	CPATSA 49.122	1.45	4.48	CPATSA 65.64	5.26	20.39
27	CPATSA 28.22	1.42	4.45	CPATSA 49.42	5.20	20.33
28	CPATSA 28.35	1.39	4.43	CPATSA 49.90	5.14	20.28
29	CPATSA 79.17	1.37	4.40	CPATSA 62.04	5.09	20.22
30	CPATSA 79.100	1.34	4.38	CPATSA 28.25	5.04	20.17
31	CPATSA 79.28	1.32	4.35	CPATSA 49.43	4.99	20.13
32	CPATSA 38.135	1.30	4.33	CPATSA 42.316G	4.95	20.08
33	CPATSA 45.09	1.28	4.31	CPATSA 28.16	4.90	20.03
34	CPATSA 69.09	1.26	4.29	CPATSA 49.156	4.86	19.99
35	CPATSA 69.07	1.24	4.28	CPATSA 28.17	4.81	19.95
36	CPATSA 28.23	1.22	4.26	CPATSA 49.215	4.77	19.90
37	CPATSA 28.01	1.20	4.24	CPATSA 65.112	4.72	19.86
38	CPATSA 62.13	1.19	4.22	CPATSA 49.114	4.67	19.81
39	CPATSA 22.09	1.17	4.20	CPATSA 62.80	4.62	19.76
40	CPATSA 28.29	1.15	4.18	CPATSA 49.122	4.58	19.71
41	CPATSA 21.09	1.13	4.17	CPATSA 31.10	4.53	19.66
42	CPATSA 38.50	1.12	4.15	CPATSA 49.22	4.48	19.62
43	CPATSA 64.83	1.10	4.13	CPATSA 49.37	4.43	19.56
44	CPATSA 49.30	1.08	4.12	CPATSA 05.168	4.38	19.51
45	CPATSA 31.11	1.07	4.10	CPATSA 49.25	4.32	19.46
46	CPATSA 49.221	1.05	4.09	CPATSA 31.12	4.27	19.41
47	CPATSA 79.47	1.04	4.07	CPATSA 22.09	4.22	19.35
48	CPATSA 67.04	1.02	4.06	CPATSA 63.29	4.17	19.31
49	CPATSA 28.	1.01	4.04	CPATSA 49.192	4.12	19.26
50	CPATSA 28.16	1.00	4.03	CPATSA 65.132	4.08	19.21

Fonte: Da autora (2022).

Para características do cacho, os ganhos variaram de 1.83 cm a 4.82 cm para comprimento do cacho; 0.93 cm a 2.86 cm para largura do cacho e 81.14 a 262.74 g para massa do cacho. As novas médias variaram de 15.96 cm a 18.95 cm para comprimento do cacho, 9.13 cm a 11.06 cm para largura do cacho e 292.17 g a 473.76 g para massa do cacho (TABELA 7).

Tabela 7 - Componentes de média (BLUP individual), ganho genético e nova média, com a seleção de 50 genótipos superiores para características do cacho. (continua)

Rk	Comprimento do cacho			Largura do cacho			Massa do cacho		
	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média
1	CPATSA 01.02	4.82	18.95	CPATSA 38.121	2.86	11.06	CPATSA 01.06	262.74	473.76
2	CPATSA 14.00G	4.72	18.85	CPATSA 65.90	2.60	10.80	CPATSA 14.00G	253.31	464.33
3	CPATSA 69.09	4.46	18.59	CPATSA 69.09	2.50	10.70	CPATSA 69.09	228.69	439.71
4	CPATSA 38.135	4.23	18.36	CPATSA 01.06	2.44	10.63	CPATSA 69.07	212.07	423.09
5	CPATSA 69.07	4.01	18.14	CPATSA 38.135	2.35	10.54	CPATSA 38.135	200.70	411.72
6	CPATSA 31.11	3.85	17.98	CPATSA 38.113	2.21	10.41	CPATSA 38.167	189.29	400.31
7	CPATSA 60.29	3.68	17.81	CPATSA 23.09	2.11	10.30	CPATSA 23.09	178.12	389.14
8	CPATSA 23.09	3.54	17.67	CPATSA 14.00G	2.02	10.21	CPATSA 38.121	169.47	380.49
9	CPATSA 38.121	3.43	17.56	CPATSA 79.100	1.94	10.14	CPATSA 01.02	162.01	373.04
10	CPATSA 31.10	3.34	17.47	CPATSA 70.04	1.87	10.06	CPATSA 31.11	155.97	366.99
11	CPATSA 49.171	3.26	17.39	CPATSA 21.114	1.81	10.00	CPATSA 28.09	150.91	361.93
12	CPATSA 76.22	3.19	17.32	CPATSA 62.	1.76	9.95	CPATSA 28.19	146.42	357.44
13	CPATSA 79.100	3.12	17.25	CPATSA 69.07	1.71	9.91	CPATSA 60.29	142.38	353.40
14	CPATSA 01.06	3.07	17.19	CPATSA 49.172	1.67	9.86	CPATSA 70.04	138.85	349.87
15	CPATSA 31.P1	3.01	17.14	CPATSA 31.11	1.63	9.83	CPATSA 38.50	135.74	346.76
16	CPATSA 28.09	2.96	17.09	CPATSA 49.171	1.59	9.79	CPATSA 67.15	132.95	343.97
17	CPATSA 63.47	2.92	17.05	CPATSA 79.04	1.56	9.75	CPATSA 21.09	130.46	341.48
18	CPATSA 28.22	2.87	17.00	CPATSA 49.63	1.52	9.72	CPATSA 79.100	128.21	339.23
19	CPATSA 28.19	2.83	16.96	CPATSA 63.01	1.49	9.69	CPATSA 28.03	125.65	336.67
20	CPATSA 49.70	2.79	16.91	CPATSA 01.02	1.46	9.66	CPATSA 79.24	123.28	334.30
21	CPATSA 31.12	2.74	16.86	CPATSA 63.47	1.43	9.63	CPATSA 21.114	121.09	332.11
22	CPATSA 76.20	2.69	16.82	CPATSA 60.29	1.41	9.61	CPATSA 49.10	118.96	329.98
23	CPATSA 49.22	2.64	16.77	CPATSA 63.108	1.38	9.58	CPATSA 05.168	116.85	327.87
24	CPATSA 28.29	2.60	16.72	CPATSA 28.19	1.36	9.55	CPATSA 28.35	114.83	325.85
25	CPATSA 49.197	2.56	16.68	CPATSA 49.40	1.33	9.53	CPATSA 31.07	112.93	323.95
26	CPATSA 49.100	2.52	16.65	CPATSA 21.09	1.31	9.51	CPATSA 47.01	111.17	322.20
27	CPATSA 31.07	2.48	16.60	CPATSA 62.13	1.29	9.48	CPATSA 21.60	109.49	320.51
28	CPATSA 79.24	2.43	16.56	CPATSA 49.166	1.26	9.46	CPATSA 28.22	107.83	318.85
29	CPATSA 28.35	2.39	16.52	CPATSA 28.09	1.24	9.44	CPATSA 79.17	106.28	317.31

Tabela 7 - Componentes de média (BLUP individual), ganho genético e nova média, com a seleção de 50 genótipos superiores para características do cacho. (conclusão)

Rk	Comprimento do cacho			Largura do cacho			Massa do cacho		
	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média
30	CPATSA 38.50	2.35	16.48	CPATSA 42.72T	1.22	9.42	CPATSA 79.175	104.75	315.77
31	CPATSA 38.113	2.32	16.45	CPATSA 79.24	1.20	9.40	CPATSA 28.05	103.30	314.32
32	CPATSA 28.17	2.28	16.41	CPATSA 49.70	1.19	9.38	CPATSA 45.09	101.93	312.95
33	CPATSA 38.167	2.25	16.38	CPATSA 31.P1	1.17	9.36	CPATSA 63.47	100.63	311.65
34	CPATSA 79.38	2.22	16.35	CPATSA 14.25G	1.15	9.35	CPATSA 65.90	99.39	310.41
35	CPATSA 26.18	2.19	16.32	CPATSA 05.168	1.13	9.33	CPATSA 42.72T	98.22	309.24
36	CPATSA 76.27	2.16	16.29	CPATSA 21.60	1.12	9.31	CPATSA 28.12	97.02	308.04
37	CPATSA 28.12	2.13	16.26	CPATSA 49.06	1.10	9.30	CPATSA 49.	95.71	306.73
38	CPATSA 21.114	2.10	16.23	CPATSA 67.15	1.09	9.28	CPATSA 26.18	94.38	305.40
39	CPATSA 53.38	2.08	16.21	CPATSA 49.122	1.07	9.27	CPATSA 79.04	93.11	304.13
40	CPATSA 28.08	2.05	16.18	CPATSA 76.22	1.06	9.25	CPATSA 67.02	91.90	302.92
41	CPATSA 76.06	2.03	16.15	CPATSA 38.167	1.04	9.24	CPATSA 49.122	90.71	301.73
42	CPATSA 75.09	2.00	16.13	CPATSA 28.22	1.03	9.22	CPATSA 28.17	89.54	300.56
43	CPATSA 21.60	1.98	16.11	CPATSA 28.38	1.02	9.21	CPATSA 28.	88.41	299.43
44	CPATSA 79.47	1.96	16.08	CPATSA 38.50	1.00	9.20	CPATSA 22.43	87.30	298.32
45	CPATSA 28.03	1.93	16.06	CPATSA 79.49	0.99	9.19	CPATSA 47.02	86.21	297.23
46	CPATSA 49.172	1.91	16.04	CPATSA 67.18	0.98	9.17	CPATSA 49.172	85.15	296.17
47	CPATSA 28.05	1.89	16.02	CPATSA 64.83	0.97	9.16	CPATSA 76.20	84.12	295.15
48	CPATSA 15.05	1.87	16.00	CPATSA 28.12	0.95	9.15	CPATSA 62.13	83.12	294.14
49	CPATSA 70.04	1.85	15.98	CPATSA 15.05	0.94	9.14	CPATSA 28.08	82.11	293.13
50	CPATSA 28.11	1.83	15.96	CPATSA 79.38	0.93	9.13	CPATSA 64.83	81.14	292.17

Fonte: Da autora (2022).

Em relação às características da baga, os ganhos genéticos variaram de 2.50 mm a 6.17 mm para comprimento, 2.02 mm a 4.00 mm para diâmetro e 1.13 a 2.82 g para massa da baga. As novas médias para comprimento, diâmetro e massa da baga variaram de 21.02 mm a 24.68 mm, 17.99 a 19.96 mm e 4.08 a 5.78 g, respectivamente (TABELA 8).

Tabela 8 - Componentes de média (BLUP individual), ganho genético e nova média, com a seleção de 50 genótipos superiores para características da baga. (continua)

Rk	Comprimento da baga			Diâmetro da baga			Massa da baga		
	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média
1	CPATSA 49.172	6.17	24.68	CPATSA 47.01	4.00	19.96	CPATSA 47.02	2.82	5.78
2	CPATSA 47.02	6.12	24.64	CPATSA 21.09	3.86	19.82	CPATSA 47.01	2.58	5.53
3	CPATSA 79.24	6.06	24.58	CPATSA 47.02	3.80	19.77	CPATSA 21.09	2.48	5.43
4	CPATSA 47.01	5.99	24.50	CPATSA 45.09	3.75	19.72	CPATSA 45.09	2.38	5.33
5	CPATSA 79.100	5.93	24.44	CPATSA 05.168	3.65	19.62	CPATSA 49.22	2.30	5.25
6	CPATSA 49.22	5.69	24.21	CPATSA 49.	3.58	19.54	CPATSA 05.168	2.23	5.18
7	CPATSA 23.09	5.50	24.01	CPATSA 49.10	3.52	19.49	CPATSA 49.	2.18	5.13
8	CPATSA 21.09	5.29	23.81	CPATSA 21.60	3.43	19.40	CPATSA 49.10	2.12	5.08
9	CPATSA 70.04	5.09	23.60	CPATSA 28.25	3.35	19.32	CPATSA 70.04	2.07	5.02
10	CPATSA 79.17	4.92	23.43	CPATSA 28.23	3.29	19.25	CPATSA 28.23	2.02	4.97
11	CPATSA 45.09	4.76	23.27	CPATSA 70.04	3.23	19.20	CPATSA 67.15	1.97	4.92
12	CPATSA 05.168	4.60	23.12	CPATSA 49.22	3.18	19.15	CPATSA 49.43	1.92	4.87
13	CPATSA 49.10	4.46	22.97	CPATSA 67.15	3.14	19.10	CPATSA 79.24	1.88	4.83
14	CPATSA 49.240	4.33	22.84	CPATSA 28.08	3.08	19.05	CPATSA 28.25	1.84	4.79
15	CPATSA 49.	4.22	22.73	CPATSA 49.43	3.02	18.98	CPATSA 21.60	1.81	4.76
16	CPATSA 28.23	4.11	22.62	CPATSA 79.38	2.96	18.93	CPATSA 28.32	1.77	4.72
17	CPATSA 21.60	3.99	22.51	CPATSA 28.32	2.91	18.88	CPATSA 65.132	1.74	4.69
18	CPATSA 28.08	3.90	22.41	CPATSA 42.10T	2.87	18.83	CPATSA 79.38	1.70	4.66
19	CPATSA 79.04	3.81	22.32	CPATSA 28.19	2.82	18.79	CPATSA 79.100	1.67	4.62
20	CPATSA 49.24	3.72	22.24	CPATSA 79.04	2.79	18.75	CPATSA 69.09	1.65	4.60
21	CPATSA 38.135	3.65	22.16	CPATSA 38.121	2.74	18.71	CPATSA 28.08	1.62	4.57
22	CPATSA 28.25	3.57	22.09	CPATSA 28.03	2.70	18.67	CPATSA 38.135	1.59	4.54
23	CPATSA 28.19	3.51	22.02	CPATSA 28.18	2.67	18.63	CPATSA 28.19	1.57	4.52
24	CPATSA 01.02	3.44	21.96	CPATSA 65.132	2.63	18.60	CPATSA 49.172	1.54	4.49
25	CPATSA 65.132	3.38	21.90	CPATSA 28.12	2.60	18.57	CPATSA 28.03	1.52	4.47
26	CPATSA 49.237	3.33	21.84	CPATSA 01.02	2.57	18.53	CPATSA 79.04	1.50	4.45
27	CPATSA 49.43	3.27	21.79	CPATSA 28.	2.54	18.50	CPATSA 28.	1.48	4.43
28	CPATSA 28.32	3.22	21.74	CPATSA 28.09	2.51	18.47	CPATSA 28.09	1.46	4.41
29	CPATSA 28.18	3.18	21.69	CPATSA 28.27	2.48	18.44	CPATSA 38.113	1.43	4.39
30	CPATSA 79.38	3.13	21.64	CPATSA 38.113	2.45	18.42	CPATSA 01.02	1.41	4.37
31	CPATSA 49.21	3.09	21.60	CPATSA 28.35	2.42	18.39	CPATSA 28.12	1.40	4.35
32	CPATSA 28.09	3.05	21.56	CPATSA 28.14	2.40	18.36	CPATSA 49.31	1.38	4.33
33	CPATSA 42.10T	3.01	21.52	CPATSA 38.167	2.37	18.34	CPATSA 28.16	1.36	4.31
34	CPATSA 49.100	2.97	21.48	CPATSA 28.17	2.35	18.31	CPATSA 28.27	1.34	4.29
35	CPATSA 28.03	2.93	21.45	CPATSA 49.49	2.32	18.29	CPATSA 69.07	1.33	4.28
36	CPATSA 49.167	2.90	21.41	CPATSA 69.09	2.30	18.26	CPATSA 79.175	1.31	4.26
37	CPATSA 28.16	2.86	21.38	CPATSA 28.38	2.27	18.24	CPATSA 42.10T	1.29	4.24
38	CPATSA 69.07	2.83	21.34	CPATSA 28.28	2.25	18.22	CPATSA 38.121	1.28	4.23
39	CPATSA 49.213	2.80	21.31	CPATSA 79.24	2.23	18.20	CPATSA 28.18	1.26	4.21
40	CPATSA 67.15	2.77	21.28	CPATSA 79.100	2.21	18.18	CPATSA 49.240	1.25	4.20
41	CPATSA 49.171	2.74	21.25	CPATSA 28.22	2.19	18.16	CPATSA 28.14	1.23	4.19

Tabela 8 - Componentes de média (BLUP individual), ganho genético e nova média, com a seleção de 50 genótipos superiores para características da baga. (conclusão)

Rk	Comprimento da baga			Diâmetro da baga			Massa da baga		
	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média
42	CPATSA 49.122	2.71	21.22	CPATSA 28.05	2.17	18.14	CPATSA 28.05	1.22	4.17
43	CPATSA 15.05	2.68	21.19	CPATSA 69.07	2.15	18.12	CPATSA 28.17	1.21	4.16
44	CPATSA 28.27	2.65	21.17	CPATSA 28.29	2.13	18.10	CPATSA 28.28	1.19	4.15
45	CPATSA 69.09	2.63	21.14	CPATSA 49.167	2.11	18.08	CPATSA 28.29	1.18	4.13
46	CPATSA 89.03	2.60	21.11	CPATSA 49.13	2.09	18.06	CPATSA 22.43	1.17	4.12
47	CPATSA 28.38	2.58	21.09	CPATSA 38.135	2.07	18.04	CPATSA 38.167	1.16	4.11
48	CPATSA 28.14	2.55	21.06	CPATSA 21.114	2.06	18.02	CPATSA 49.122	1.15	4.10
49	CPATSA 42.157	2.53	21.04	CPATSA 49.240	2.04	18.00	CPATSA 28.22	1.14	4.09
50	CPATSA 28.11	2.50	21.02	CPATSA 49.171	2.02	17.99	CPATSA 15.05	1.13	4.08

Fonte: Da autora (2022).

As características de qualidade apresentaram ganhos oscilando de 0.69% a 1.42% para sólidos solúveis, que apresentaram nova média de 17.19% a 19.92%; e ganhos variando de 4.73 a 11.88, com média geral entre 41.13 e 48.28 para *ratio* (SS/AT) (TABELA 9).

Tabela 9 - Componentes de média (BLUP individual), ganho genético e nova média, com a seleção de 50 genótipos superiores para características de qualidade: teor de sólidos solúveis (%) e relação entre teor de sólidos solúveis e acidez titulável (SS/AT) (adimensional). (continua)

Rk	Teor de sólidos solúveis			<i>Ratio</i> (SS/AT)		
	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média
1	CPATSA 38.113	1.42	17.92	CPATSA 49.235	11.88	48.28
2	CPATSA 49.14	1.38	17.88	CPATSA 49.21	10.80	47.20
3	CPATSA 28.11	1.35	17.85	CPATSA 49.24	10.17	46.57
4	CPATSA 49.44	1.30	17.80	CPATSA 79.175	9.62	46.02
5	CPATSA 49.240	1.26	17.76	CPATSA 32.02	9.29	45.69
6	CPATSA 79.175	1.23	17.73	CPATSA 49.240	9.02	45.42
7	CPATSA 32.02	1.20	17.70	CPATSA 79.28	8.79	45.19
8	CPATSA 49.90	1.17	17.67	CPATSA 49.221	8.57	44.97
9	CPATSA 74.11	1.14	17.64	CPATSA 67.15	8.37	44.77
10	CPATSA 67.15B	1.11	17.61	CPATSA 79.04	8.20	44.60
11	CPATSA 49.24	1.08	17.58	CPATSA 49.44	8.05	44.45
12	CPATSA 19.08	1.06	17.56	CPATSA 28.11	7.91	44.31
13	CPATSA 49.100	1.04	17.54	CPATSA 49.31	7.78	44.18
14	CPATSA 31.P1	1.02	17.52	CPATSA 79.17	7.63	44.03
15	CPATSA 28.16	1.01	17.50	CPATSA 49.25	7.50	43.90
16	CPATSA 49.30	0.99	17.49	CPATSA 49.30	7.38	43.78
17	CPATSA 49.21	0.98	17.48	CPATSA 63.108	7.26	43.66
18	CPATSA 22.15	0.97	17.46	CPATSA 15.04	7.14	43.54
19	CPATSA 49.233	0.95	17.45	CPATSA 49.90	7.03	43.43
20	CPATSA 63.01	0.94	17.44	CPATSA 63.01	6.92	43.32
21	CPATSA 79.28	0.93	17.43	CPATSA 49.100	6.82	43.22
22	CPATSA 49.99	0.92	17.42	CPATSA 65.104	6.73	43.13
23	CPATSA 49.93	0.91	17.41	CPATSA 24.88	6.64	43.03

Tabela 9 - Componentes de média (BLUP individual), ganho genético e nova média, com a seleção de 50 genótipos superiores para características de qualidade: teor de sólidos solúveis (%) e relação entre teor de sólidos solúveis e acidez titulável (SS/AT) (adimensional). (conclusão)

Rk	Teor de sólidos solúveis			Ratio (SS/AT)		
	Genótipo	Ganho	Nova média	Genótipo	Ganho	Nova média
24	CPATSA 49.197	0.90	17.40	CPATSA 38.113	6.54	42.94
25	CPATSA 49.235	0.89	17.39	CPATSA 49.104	6.45	42.85
26	CPATSA 49.31	0.88	17.38	CPATSA 49.197	6.36	42.76
27	CPATSA 67.24	0.87	17.37	CPATSA 49.93	6.28	42.68
28	CPATSA 65.18	0.86	17.36	CPATSA 21.99	6.20	42.60
29	CPATSA 24.88	0.85	17.35	CPATSA 79.100	6.12	42.52
30	CPATSA 63.114	0.85	17.34	CPATSA 65.112	6.04	42.44
31	CPATSA 51.01	0.84	17.34	CPATSA 49.178	5.97	42.37
32	CPATSA 28.25	0.83	17.33	CPATSA 15.05	5.90	42.30
33	CPATSA 45.09	0.82	17.32	CPATSA 74.11	5.83	42.23
34	CPATSA 49.13	0.81	17.31	CPATSA 42.157	5.75	42.15
35	CPATSA 02.04	0.80	17.30	CPATSA 63.29	5.68	42.08
36	CPATSA 05.168	0.79	17.29	CPATSA 63.114	5.61	42.01
37	CPATSA 76.27	0.79	17.28	CPATSA 14.25G	5.54	41.94
38	CPATSA 49.237	0.78	17.28	CPATSA 51.01	5.47	41.87
39	CPATSA 67.18	0.77	17.27	CPATSA 49.233	5.40	41.80
40	CPATSA 49.114	0.76	17.26	CPATSA 13.23G	5.33	41.73
41	CPATSA 76.06	0.75	17.25	CPATSA 28.32	5.26	41.66
42	CPATSA 79.23	0.75	17.24	CPATSA 49.119	5.20	41.60
43	CPATSA 63.108	0.74	17.24	CPATSA 49.14	5.14	41.54
44	CPATSA 79.42	0.73	17.23	CPATSA 49.99	5.08	41.48
45	CPATSA 49.49	0.72	17.22	CPATSA 49.13	5.03	41.43
46	CPATSA 49.266	0.72	17.22	CPATSA 63.77	4.97	41.37
47	CPATSA 42.316G	0.71	17.21	CPATSA 49.114	4.91	41.31
48	CPATSA 79.17	0.70	17.20	CPATSA 28.03	4.85	41.25
49	CPATSA 62.13	0.70	17.19	CPATSA 19.08	4.79	41.19
50	CPATSA 67.04	0.69	17.19	CPATSA 70.04	4.73	41.13

Fonte: Da autora (2022).

Entre os 50 melhores híbridos selecionados por seleção direta para cada característica, três coincidem para oito das dez características avaliadas (CPATSA 28.09, CPATSA 05.168, CPATSA 79.100), dez coincidem pra sete (CPATSA 15.05, CPATSA 28.12, CPATSA 28.03, CPATSA 21.60, CPATSA 28.19, CPATSA 79.24, CPATSA 01.02, CPATSA 38.135, CPATSA 69.09 e CPATSA 69.07) e dez coincidem para seis características avaliadas (CPATSA 28.17, CPATSA 49.100, CPATSA 28.08, CPATSA 38.121, CPATSA 28.25, CPATSA 49.171, CPATSA 49.122, CPATSA 28.22, CPATSA 45.09 e CPATSA 21.09). As características de qualidade, teor de sólidos solúveis e *ratio*, foram as menos presentes nos híbridos selecionados para seis ou mais características. A cultivar BRS Tainá e CPATSA 49.171 destacam-se por não apresentarem sementes.

A ausência de sementes é uma característica de qualidade importante para uvas de mesa, pois é muito valorizada pelos consumidores. Neste trabalho, 110 genótipos foram classificados como apirênicos ou com traços pequenos de sementes uma vez que apresentaram massa seca da semente menor ou igual a 10 mg, o que classifica a semente como traço segundo IPGRI (1997) (TABELA 10).

Tabela 10 - Ranking (Rk) de genótipos de uva de mesa classificados como apirênicos (massa da semente ≤ 10 mg) em função da massa seca da semente.

Rk	Genótipo	MS	Rk	Genótipo	MS	Rk	Genótipo	MS	Rk	Genótipo	MS
1	CPATSA 14.28G	0.00	29	CPATSA 65.04	0.00	57	CPATSA 67.18	2.37	85	CPATSA 65.64	6.39
2	CPATSA 15.04	0.00	30	CPATSA 76.06	0.00	58	CPATSA 76.05	2.51	86	CPATSA 49.192	6.47
3	'BRS Tainá'	0.00	31	CPATSA 76.23	0.00	59	CPATSA 49.06	2.55	87	CPATSA 32.02	6.58
4	CPATSA 19.08	0.00	32	CPATSA 76.27	0.00	60	CPATSA 24.88	2.60	88	CPATSA 65.104	6.75
5	CPATSA 24.30	0.00	33	CPATSA 79.18	0.00	61	CPATSA 31.11	2.77	89	CPATSA 49.40	6.92
6	CPATSA 31.01	0.00	34	CPATSA 79.23	0.00	62	CPATSA 63.01	2.78	90	CPATSA 21.99	7.10
7	CPATSA 31.10	0.00	35	CPATSA 79.25	0.00	63	CPATSA 65.90	2.78	91	CPATSA 49.63	7.18
8	CPATSA 31.13	0.00	36	CPATSA 79.27	0.00	64	CPATSA 49.05	3.15	92	CPATSA 75.09	7.85
9	CPATSA 40.05CR	0.00	37	CPATSA 79.28	0.00	65	CPATSA 49.191	3.22	93	CPATSA 28.14	8.62
10	CPATSA 40.12T	0.00	38	CPATSA 79.42	0.00	66	CPATSA 76.20	3.29	94	CPATSA 62.04	9.20
11	CPATSA 42.72T	0.00	39	CPATSA 79.47	0.00	67	CPATSA 31.12	3.32	95	CPATSA 23.09	9.39
12	CPATSA 49.114	0.00	40	CPATSA 79.48	0.00	68	CPATSA 49.215	3.32	96	CPATSA 49.171	9.47
13	CPATSA 49.119	0.00	41	CPATSA 79.49	0.00	69	CPATSA 49.93	3.73	97	CPATSA 21.114	9.68
14	CPATSA 49.156	0.00	42	CPATSA 89.03	0.00	70	CPATSA 63.47	3.82	98	CPATSA 14.23G	9.76
15	CPATSA 49.184	0.00	43	CPATSA 49.246	0.30	71	CPATSA 79.04	3.89	99	CPATSA 79.38	9.83
16	CPATSA 49.197	0.00	44	CPATSA 49.20	0.45	72	CPATSA 62.22	3.96	100	CPATSA 42.157	9.83
17	CPATSA 49.200	0.00	45	CPATSA 49.198	0.99	73	CPATSA 65.18	4.00	101	CPATSA 28.21	9.95
18	CPATSA 49.25	0.00	46	CPATSA 49.99	1.11	74	CPATSA 49.233	4.01	102	CPATSA 01.06	9.96
19	CPATSA 49.37	0.00	47	CPATSA 49.14	1.12	75	CPATSA 65.112	4.07	103	CPATSA 49.235	9.67
20	CPATSA 49.42	0.00	48	CPATSA 49.65	1.40	76	CPATSA 49.109	4.14	104	CPATSA 28.27	9.97
21	CPATSA 49.70	0.00	49	CPATSA 62.19	1.42	77	CPATSA 49.104	4.25	105	CPATSA 24.04	9.98
22	CPATSA 51.01	0.00	50	CPATSA 49.28	1.65	78	CPATSA 31.P1	4.53	106	CPATSA 49.221	9.98
23	CPATSA 53.38	0.00	51	CPATSA 49.178	1.77	79	CPATSA 67.24	5.05	107	CPATSA 76.22	9.99
24	CPATSA 63.108	0.00	52	CPATSA 26.18	1.81	80	CPATSA 79.50	5.11	108	CPATSA 49.90	10.00
25	CPATSA 63.114	0.00	53	CPATSA 49.266	1.86	81	CPATSA 49.166	5.14	109	CPATSA 49.188	10.00
26	CPATSA 63.15	0.00	54	CPATSA 31.07	1.89	82	CPATSA 63.02	5.27	110	CPATSA 49.234	10.00
27	CPATSA 63.29	0.00	55	CPATSA 49.213	1.92	83	CPATSA 49.58	5.45			
28	CPATSA 63.77	0.00	56	CPATSA 62.80	2.30	84	CPATSA 63.03	5.49			

MS - massa seca da semente (mg semente⁻¹)

Fonte: Da autora (2022).

Considerando apenas os híbridos classificados como apirênicos, nove deles são superiores para pelo menos quatro características (APÊNDICE A). A cultivar BRS Tainá, desenvolvida pela Embrapa (LEÃO *et al.*, 2021) apresentou altas médias para produção, número de cachos, comprimento do cacho, largura do cacho, comprimento da baga, massa da baga e *ratio* (SS/AT). CPATSA 49.171 alcançou valores médios elevados de produção, número de cachos, comprimento do cacho, largura do cacho, comprimento da baga e massa da baga. CPATSA 79.04 destacou-se na largura do cacho, massa do cacho, comprimento da baga, diâmetro da baga, massa da baga e *ratio* (SS/AT). Já CPATSA 31.11 e CPATSA 01.06 foram superiores para produção, comprimento do cacho, largura do cacho e massa do cacho. CPATSA

23.09 e CPATSA 21.114 destacaram-se no comprimento do cacho, largura do cacho, massa do cacho e comprimento da baga. CPATSA 42.157 foi superior em produção, número de cacho, comprimento da baga e *ratio* (SS/AT). Por fim, CPATSA 79.28 obteve médias elevadas para produção, número de cachos, teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT).

Todos os híbridos selecionados reúnem os requisitos mínimos para o mercado de uva de mesa: massa do cacho superior a 300 g, comprimento da baga superior a 20 mm, diâmetro da baga superior a 17 mm, teor de sólidos solúveis acima de 17% e *ratio* SS/AT superior a 20. Além disso, dez deles não apresentam sementes. Esses híbridos selecionados apresentam potencial para ser propagados assexuadamente e avançar para a próxima etapa do programa de melhoramento genético no semiárido, em ensaios com número maior de plantas por genótipo, o campo de seleções.

Por fim, de acordo com esses resultados, pode-se dizer que a estrutura genética de uma população de plantas pode ser bem particionada por meio de estimativas de componentes da variância e predições de componentes de médias (MAIA *et al.*, 2017). Tais informações são importantes nos programas de melhoramento genético, pois direcionam a seleção e embasam às recomendações para lançamento de novas cultivares de uvas de mesa.

4 CONCLUSÃO

Os híbridos de uva apresentam variabilidade genética para todas as características, o que permite a seleção de genótipos superiores para melhoramento de uvas de mesa no semiárido brasileiro.

As estimativas do coeficiente de repetibilidade individual para as características da baga mostram alto controle genético e alta estabilidade geral ao longo de sucessivas safras. Porém, com o aumento do número de ciclos avaliados é possível obter altos valores de repetibilidade para todas as características avaliadas, exceto teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT).

As estimativas de correlação genética são baixas ou não significativas para as variáveis produção, número de cachos, teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) impossibilitando a seleção indireta. No entanto, para as características da baga e do cacho é possível realizar seleção indireta.

Quatro safras demonstram serem suficientes para avaliação dos híbridos, pois corresponde a acurácia seletiva maior ou igual a 70% para todas as características.

A seleção genotípica individual permite altos ganhos genéticos para características do cacho e da baga.

Os cinquenta híbridos selecionados reúnem os requisitos mínimos para o mercado de uva de mesa, sendo que nove são apirênicos e devem avançar para a etapa seguinte de melhoramento genético.

REFERÊNCIAS

- ALVES, F.M.; RESENDE, M.D.V. Avaliação genética de indivíduos e progênes de cupuaçuzeiro no estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 30, n.3, p. 696-701, 2008.
- AOAC. Association of Official Analytical Chemists. **Official Methods of Analysis**, 16 ed. Gaithersburg: Association of Official Analytical Chemists, MD, 2010.
- BERTOLDO, J. G. *et al.* Predição dos valores genéticos entre e dentro de populações de goiabeira-serrana [*Acca selowiana* (O. Berg.) Burret] em fase juvenil. **Revista Brasileira de Tecnologia Agropecuária**, v. 1, n. 2, p. 97-104, 2017.
- CARDOSO, D. L. *et al.* Diallel mixed-model analysis of papaya fruit deformities. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 47, n. 5, 2017.
- CARGNIN, A. Canonical correlations among grapevine agronomic and processing characteristics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 41, 2019.
- CARGNIN, A. Repetibilidade e número de colheita de características para seleção de clones de variedades viníferas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 46, n. 2, p. 221-226, 2016.
- CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.
- CUNHA, T. J. F. *et al.* Solos do Submédio do Vale do São Francisco: potencialidades e limitações para o uso agrícola. Petrolina: Embrapa Semiárido, v. 211, 2008, 60p.
- DELLA BRUNA, E.; MORETO, A. L.; DALBÓ, M.A. Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 34, n.1, p. 206-215, 2012.
- DELLA BRUNA, E.; MORETO, A. L.; DALBÓ, M. A. Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 34, n.1, p. 206-215, 2012.
- FERREIRA, F. M. *et al.* Estimates of repeatability coefficients and optimum number of measures for genetic selection of *Cynodon* spp. **Euphytica**, v. 216, n. 5, p. 1-11, 2020.
- GRASSI, F.; DE LORENZIS, G. Back to the Origins: Background and Perspectives of Grapevine Domestication. **International Journal of Molecular Science**, v. 22, n. 9, p. 1-20, 2021.
- IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola**. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/home/lspa/brasil>. Acesso em: 20 jan. 2022.
- IPGRI. International Plant Genetic Resources Institute. **Descriptors for grapevine: *Vitis* spp.** Roma, 1997. 62 p.

LEÃO, P. C. S.; CRUZ, C. D.; MOTOIKE, S. Y. Genetic diversity of table grape based on morphoagronomic traits. **Scientia Agricola**, v. 68, n. 1, p. 42-49, 2011.

LEÃO, P. C. S.; NUNES, B. T. G.; SOUZA, E. M. C. Repeatability coefficients and genetic gains in table grape progenies for the Brazilian semi-arid region. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.75, n.5, p. 387-392, 2018.

LEÃO, P. C. S. *et al.* 'BRS Tainá': nova cultivar de uvas sem sementes de cor branca para o Submédio do Vale do São Francisco. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2020. 14 p. (Embrapa Semiárido. Circular Técnica, 122). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/215646/1/BRS-Taina-2020.pdf>. Acesso em: 01 nov. 2021.

MAIA, J. D. G. *et al.* 'BRS Vitória': Nova cultivar de uva de mesa sem sementes com sabor especial e tolerante ao míldio. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2012. 12 p. (Embrapa Uva e Vinho. Comunicado Técnico, 126). Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/941724/1/cot126.pdf>. Acesso em: 01 nov. 2021.

MAIA, J. D.G. *et al.* 'BRS Melodia': Nova cultivar de uvas sem sementes, com sabor especial de mix de frutas vermelhas, recomendada para cultivo na Serra Gaúcha, em cobertura plástica. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2019. 22 p. (Embrapa Uva e Vinho. Circular Técnica, 144). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/203207/1/Circ-Tec144.pdf>. Acesso em: 01 nov. 2021.

MAIA, M. C. C. *et al.* Heritability, repeatability, and genetic gains in a improvement population of cajuízeiro. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 40, n. 4, p. 715-722, 2016a.

MAIA, M. C. C. *et al.* Estimates of genetic parameters using RELM/ BLUP for intra-population genética breeding of *Platonia insignis* Mart. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 40, n. 3, p. 561-573, 2016b.

MAIA, M. C. C. *et al.* Repetibilidade de características quantitativas de frutos em seleções elite de manga rosa. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 11, n. 1, p. 56-62, 2017.

MALIKOUSKI, R. G. *et al.* Repeatability coefficient estimates and optimum number of harvests in graft/rootstock combinations for 'tahiti' acid lime. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 43, n. 1, 2021.

MARQUES Y, E. L. *et al.* Selection of umbu-cajazeira clones using the REML/BLUP. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 12, n.4, p. 496-502, 2017.

MDIC. Estatísticas de Comércio Exterior. **Comex stat**. Disponível em: <http://comexstat.mdic.gov.br/pt/geral>. Acesso em: 20 jan. 2022.

MOREIRA, S. O. *et al.* Intrapopulation recurrent selection by mixed models in papaya of the formosa group. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 40, n. 3, p. 1-8, 2018.

NIKOLIĆ, D. *et al.* Inheritance and phenotypic correlations of agronomic traits in grapevine offsprings. **Acta Scientiarum Polonorum Hortorum Cultus**, v. 17, n. 5, p. 87-99, 2018a.

PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V. de; CORDEIRO, E. R. Índice multi-efeitos (BLUP) e estimativas de parâmetros genéticos aplicados ao melhoramento da acerola. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 6, p. 779-807, 2000.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2009, 975 p.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1-31, 2020.

RODRIGUES, E. V. *et al.* Selection of *Jatropha* genotypes for bioenergy purpose: an approach with multitrait, multiharvest and effective population size. **Bragantia**, Campinas, v. 79, n.3, 2020.

SALES, W. S. *et al.* Estimates of repeatability for selection of genotypes of seedless table grapes for Brazilian semiarid regions. **Scientia Horticulturae**, v. 245, p.131-136, 2019.

SANCHÉZ, C. F. B. *et al.* Estimates of repeatability coefficients and the number of the optimum measure to select superior genotypes in *Annona muricata* L. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.16, n. 3, p. 1-8, 2017.

SANTOS, P. R. D. *et al.* Resistance to *Pratylenchus brachyurus* in *Vitis* species population through multivariate approaches and mixed models. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 76, n. 5, p. 424-433, 2019.

SANTOS, P. R. dos. *et al.* Clonal selection in interspecific *Vitis* spp. hybrids resistant to the root-lesion nematode *Pratylenchus brachyurus* by REML/BLUP. **Fruits**, v. 73, n. 3, p.191-197, 2018.

SANTOS, P. R. dos. *et al.* Associations between vegetative and production traits in guava tree full-sib progenies. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.52, n.5, p. 303-310, 2017.

SILVA, F. H. L. *et al.* Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 39, n. 2, p. 183-190, 2017.

SILVA, S. S. da. *et al.* Estimativa de parâmetros genéticos do cajueiro anão precoce em um solo arenoso pelo procedimento reml/blup. **Revista Verde**, Juazeiro, v. 8, n. 3, p. 41-51, 2013.

VIANA, A. P.; RESENDE, M. D. V. **Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras**. Rio de Janeiro: Interciência, 2014. 296 p.

WEI, X.; SYKES, S. R.; CLINGELEFFER, P. R. An investigation to estimate genetic parameters in CSIRO's table grape breeding program 2. Quality characteristics. **Euphytica**, v. 128, p. 343-351, 2002.

ZILIO, R. *et al.* Cultivo protegido das uvas de mesa sem sementes 'BRS Vitória' e 'BRS Isis' na região da Serra Gaúcha. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2019. 26 p. (Embrapa Uva e Vinho. Circular Técnica, 143. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/202699/1/Circ-Tec143.pdf>>. Acesso em: 01 nov. 2021.

ARTIGO 2 SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA EM HÍBRIDOS DE UVA SEM SEMENTES PARA O SEMIÁRIDO BRASILEIRO

RESUMO

A ausência de sementes tem sido uma das características de qualidade mais valorizadas em uvas para consumo *in natura*. No entanto, a seleção de genótipos superiores para múltiplas características, simultaneamente, é complexa. O objetivo deste estudo foi selecionar genótipos superiores de uva de mesa sem semente no semiárido brasileiro, considerando múltiplas características, por meio do índice de seleção FAI-BLUP. Cento e dez progênies de uva provenientes de 24 cruzamentos foram avaliadas quanto a características de interesse agrônomo. Cada híbrido foi representado por uma única planta de videira, sem delineamento experimental ou repetições. A metodologia de modelos mistos foi utilizada para prever os valores genéticos. O índice FAI-BLUP foi utilizado para a seleção de genótipos superiores com base na análise fatorial e distância genótipo-ideótipo. Quatro fatores explicaram as onze características estudadas, apresentando uma variabilidade de 81.84%. Dez das onze características avaliadas apresentaram ganhos desejáveis. O índice FAI-BLUP permitiu a seleção de híbridos de uva de mesa sem sementes superiores e pode ser utilizado no melhoramento genético de videira.

Palavras-chave: *Vitis spp.* Melhoramento da videira. REML. Índice FAI-BLUP. Seleção genética.

MULTITRAITS SELECTION IN SEEDLESS GRAPE HYBRIDS FOR THE BRAZILIAN SEMIARID

ABSTRACT

The absence of seeds has been one of the most valued quality traits in grapes for fresh consumption. However, the selection of superior genotypes for multi-traits simultaneously is complex. The objective of this study was to select superior genotypes of seedless table grapes in the Brazilian semiarid region, considering multi-traits, using the FAI-BLUP selection index. One hundred and ten grape progenies from 24 crosses were evaluated for traits of agronomic interest. Each hybrid was represented by a single vine plant, without experimental design or replications. The mixed models methodology was used to predict the breeding values. The FAI-BLUP index was used to select superior genotypes based on factor analysis and genotype-ideotype distance. Four factors explained the eleven traits studied, presenting a variability of 81.84%. Ten of the eleven traits evaluated showed desirable gains. The FAI-BLUP index allowed the selection of superior seedless table grape hybrids and can be used in grapevine genetic breeding.

Keywords: *Vitis spp.* Grapevine breeding. REML. FAI-BLUP index. Genetic selection.

1 INTRODUÇÃO

Ao longo da história de domesticação da videira, o método de propagação vegetativa, utilizado para reprodução, permitiu que variedades somáticas sem sementes, espontâneas, fossem propagadas e cultivadas (ROYO *et al.*, 2018). Entretanto, a demanda mundial por cultivares de uvas de mesa sem sementes está em plena ascensão e os viticultores estão cada vez mais interessados em novas cultivares apirênicas para se manterem competitivos no mercado (AKKURT; TAHMAZ; VEZIROGLU, 2019). Portanto, a ausência de sementes ou apirenia tem sido uma das características de qualidade mais valorizadas em uvas para consumo *in natura*.

O Vale do Submédio São Francisco, localizado no semiárido brasileiro é a principal região produtora de uvas de mesa sem sementes do eixo tropical. Entretanto, apesar do aumento e da importância econômica das cultivares introduzidas na região, a suscetibilidade às doenças e a falta de adaptação às condições ambientais de algumas cultivares antigas e tradicionais têm aumentado a demanda por novas cultivares de uva de mesa sem sementes adaptadas às condições ambientais do Semiárido brasileiro (LEÃO, 2021).

No melhoramento genético de plantas perenes como a videira, uma das etapas mais importantes é a seleção dos genótipos superiores, em que os melhoristas devem lidar com as dificuldades inerentes a escolha do melhor modelo estatístico para prever os valores genéticos, mas também com um conjunto de características de expressividade econômica que quando utilizadas simultaneamente, aumentam a chance de êxito na seleção. No entanto, selecionar genótipos de uva de alto desempenho para múltiplas características, simultaneamente, pode ser uma tarefa difícil.

Alguns índices de seleção têm sido propostos para a seleção simultânea de múltiplas características, como o índice clássico de Smith-Hazel (HAZEL, 1943; SMITH, 1936) e o índice genético aditivo (RESENDE, 2016). No entanto, existem várias limitações em relação à determinação dos pesos econômicos das características e problemas de multicolinearidade (ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018).

Por outro lado, o índice FAI-BLUP, permite ordenar os genótipos com base em multicaracterística, livre de multicolinearidade, e não requer ponderação para as características de interesse econômico. Além disso, esse índice considera análise de fatores e a estrutura de correlação genética dentro de cada fator, preservando a relação entre características e orienta a seleção de genótipos mais próximos do hipotetizado (ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018).

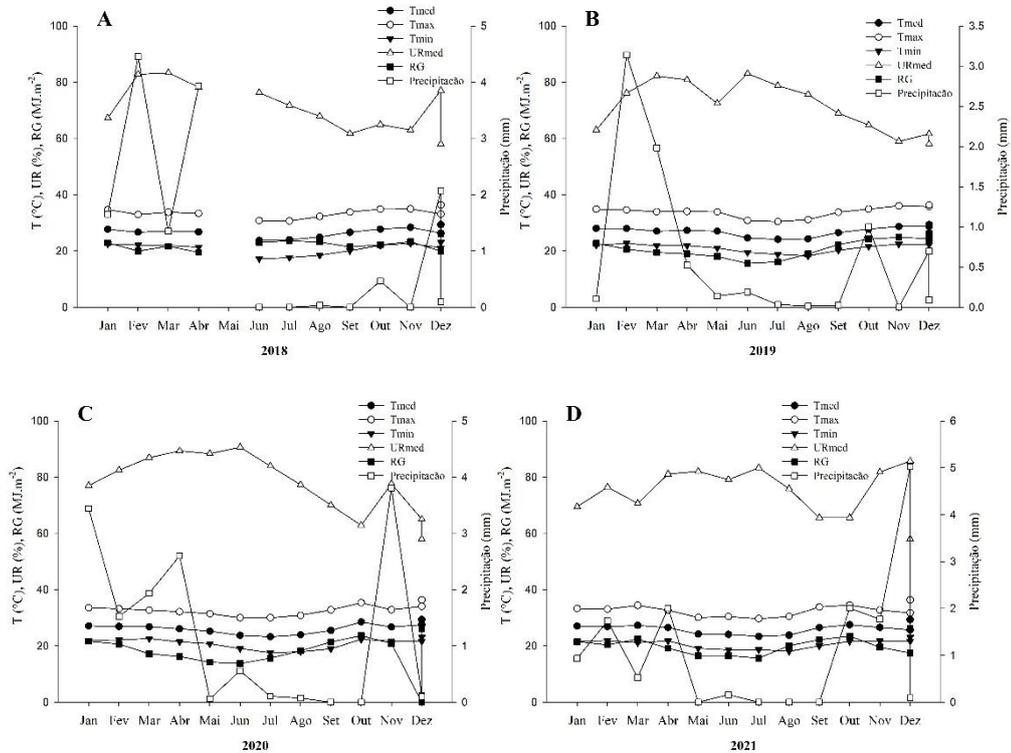
A eficiência desse índice de seleção foi relatada para o melhoramento de diferentes culturas (ALMEIDA *et al.*, 2021; MEIER *et al.*, 2021; SILVA *et al.*, 2018, OLIVEIRA *et al.*, 2019, 2021; PEIXOTO *et al.*, 2021; ROCHA *et al.*, 2019; VOLPATO *et al.*, 2021; WOYANN *et al.*, 2019). Entretanto, não foram encontradas referências do emprego do índice FAI-BLUP no melhoramento genético da videira. A sua utilização na rotina dos programas de melhoramento de videira deve facilitar e aumentar a eficiência na seleção. Assim, o objetivo deste estudo foi selecionar genótipos superiores de uva de mesa sem semente no semiárido brasileiro, para múltiplas características, por meio do índice de seleção FAI-BLUP.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Informações experimentais

O estudo foi realizado no campo experimental de Mandacaru da Embrapa Semiárido em Juazeiro, Bahia, Brasil (09°24"S, 40°26"W, a 375 m de altitude), em solo classificado como vertissolo (CUNHA *et al.*, 2008), sendo as informações climáticas para o período de realização deste trabalho registradas na Estação Meteorológica Automática e apresentadas na Figura 1. Videiras foram enxertadas no porta-enxerto IAC 572 e conduzidas no sistema de condução em espaldeira, com espaçamento 3 × 1 m. A irrigação foi realizada diariamente em sistema de gotejamento. A adubação foi realizada de acordo com a análise do solo. As práticas de manejo recomendadas para a cultura foram efetuadas. Foi aplicada cianamida hidrogenada (5%) após a poda para quebrar a dormência das gemas e padronizar a brotação. Seis safras foram avaliadas durante os anos de 2018 a 2021.

Figura 1 - Dados meteorológicos de precipitação (mm), temperatura média, mínima e máxima do ar (°C), umidade relativa (%) e radiação global (MJ m⁻²) para os anos de 2018 (FIGURA 1A), 2019 (FIGURA 1B), 2020 (FIGURA 1C) e 2021 (FIGURA 1D).



Fonte: Da autora (2022)

2.2 Material genético e delineamento experimental

Cento e dez genótipos de híbridos (F1) de uva apirênicas originados de 24 cruzamentos entre cultivares de *Vitis vinifera*, entre híbridos interespecíficos e também entre *Vitis vinifera* e híbridos interespecíficos, foram avaliados (Tabela 1). Neste estudo, os genótipos considerados apirênicos apresentaram semente com peso menor ou igual a 10 mg, a qual é classificada como semente traço de acordo com os descritores do International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI, 1997). Cada híbrido foi representado por uma única planta de videira, sem delineamento experimental ou repetições.

Tabela 1 - Parentais masculino e feminino, código do cruzamento e número de genótipos sem semente de cada cruzamento.

Cruzamento (pai x mãe)	Código	Número indivíduos na progênie
Thompson ^A x Moscatel Nazareno ^P	1	1
Thompson ^A x Superior ^A	14	2
Maroo ^A x Superior ^A	15	2
Superior ^A x Moscatel Alexandria ^P	19	1
Crimson ^A x Moscato Noir ^P	21	2
Maroo ^A x Burdin ^P	23	1
BRS Linda ^A x Maroo ^A	24	3
BRS Vitória ^A x Maroo ^A	26	1
A1581 ^A x Maroo ^A	28	3
CG351 ^A x CG102295 ^A	31	7
BRS Linda ^A x CG351 ^A	32	1
Catalunha ^A x Feal ^A	40	2
Catalunha ^A x Superior ^A	42	2
Júpiter ^A x Maroo ^A	49	39
Thompson ^A x Sulfok Red Seedless ^A	51	1
CG38049 ^P x Superior ^A	53	1
Feal ^A x Maroo ^A	62	4
CG351 ^A x Maroo ^A	63	9
BRS Clara ^A x Maroo ^A	65	6
CG33716 ^P x A Dona ^A	67	2
BRS Linda ^A x Seyve Villard 12375 ^P	75	1
A Dona ^A x CG351 ^A	76	6
BRS Isis ^A x Maroo ^A	79	12
Grenache ^P x Thompson ^A	89	1

^A ausência de sementes; ^P presença de sementes

Fonte: Da autora (2022).

2.3 Características avaliadas

As seguintes características foram avaliadas: produção (kg.planta⁻¹), obtida por meio do peso de todos os cachos colhidos de cada planta; número de cachos (cachos.planta⁻¹), contando os cachos na planta no momento da colheita; comprimento do cacho (cm), largura do cacho (cm) e massa do cacho (g), obtidos a partir da média de uma amostra composta de 5 cachos por planta; comprimento (mm), diâmetro (mm) e massa da baga (g), obtidos por meio da média de uma amostra de 10 bagas colhidas aleatoriamente de cada um dos cinco cachos avaliados anteriormente; teor de sólidos solúveis (%) e acidez titulável (%), obtidos a partir do suco de uma amostra de cinquenta bagas, por meio de um refratômetro digital e titulador digital,

respectivamente; *ratio* (SS/AT) (adimensional); consistência da baga (crocante, carnosa e fundente), esta foi considerada como característica restritiva no índice de seleção; sabor da baga (especial, moscatel, foxado, neutro) e cor da baga (verde, vermelha e preta), para fins de caracterização. As características de qualidade relacionadas a consistência, sabor e cor da baga foram de acordo com IPGRI (1997).

2.4 Análise estatística

A metodologia de modelo misto foi adotada para análises estatísticas via REML/BLUP (máxima verossimilhança residual restrita/melhor predição linear imparcial), conforme Patterson e Thompson (1971) e Henderson (1975). O modelo estatístico foi segundo a Equação 1.

$$y = Xm + Zp + e \quad (1)$$

onde: y é o vetor de dados (variável a ser analisada); m é o vetor dos efeitos de medição, assumidos fixos, somados à média geral, p é o vetor de efeitos fenotípicos permanentes de plantas (efeitos genotípicos + efeitos de ambiente permanente), assumidos como aleatórios; e é o vetor de erros ou resíduos de efeitos aleatórios; X e Z são as matrizes de incidência para efeitos fixos e efeitos aleatórios, respectivamente.

Para os efeitos aleatórios do modelo, a significância foi avaliada por meio da análise de deviance (ANADEV) via teste da razão de verossimilhança (LTR), considerando a estatística qui-quadrado com um grau de liberdade. Os valores genéticos (médias BLUP) foram previstos para cada um dos 110 genótipos com base nas 11 características quantitativas avaliadas.

Os BLUPs foram utilizados para a seleção simultânea dos melhores genótipos de híbridos apirênicos por meio do índice FAI-BLUP. Este índice baseia-se nos modelos de equações estruturais unindo a técnica de análise fatorial (análise fatorial exploratória) com o desenho de ideótipos (análise fatorial confirmatória) de múltiplas características, além de explorar as correlações entre as características avaliadas.

No índice FAI-BLUP, o ideótipo foi definido com base na combinação de características quantitativas desejáveis e indesejáveis de acordo com o objetivo da seleção. Após a determinação do ideótipo, as distâncias de cada genótipo de acordo com o ideótipo (distância genótipo-ideótipo) foram estimadas e convertidas em probabilidade espacial, permitindo o ranqueamento dos genótipos, a partir da adaptação de Rocha, Machado e Carneiro (2018). (EQUAÇÃO 2).

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1;n,j=1}^m \frac{1}{d_{ij}}} \times c_{ij} \quad (2)$$

$$c_{ij} \begin{cases} 1 \text{ se } C = \text{crocante ou carnososa} \\ 0 \text{ se } C = \text{fundente} \end{cases}$$

onde P_{ij} é a probabilidade do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, n$) ser semelhante ao j -ésimo ideótipo ($j = 1, 2, \dots, m$), d_{ij} é a distância genótipo-ideótipo do i -ésimo genótipo ao j -ésimo ideótipo - com base em distância euclidiana média padronizada e c_{ij} é a restrição imposta na seleção considerando a consistência da baga (C).

A restrição no índice de seleção para C foi imposta por meio de uma variável dummy (1 e 0), que multiplica o índice, penalizando progênies com pontuação 0.

O ganho predito com a seleção (GS%) foi calculado considerando 25% como intensidade seletiva, e foi obtido por Equação 3.

$$GS\% = \left[\frac{\bar{X}_m - \bar{X}_0}{\bar{X}_0} \right] \times 100 \quad (3)$$

onde $GS\%$ é o ganho na seleção dos melhores genótipos para a variável; \bar{X}_m é a média BLUP do genótipo selecionado para a variável; e \bar{X}_0 é a média BLUP geral de todos os genótipos para a variável.

O software Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016) foi utilizado para análise de deviance e predição de valores genéticos. O software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019) foi utilizado para aplicação do índice FAI-BLUP na seleção de híbridos, de acordo com a rotina descrita por Rocha, Machado e Carneiro (2018).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Efeito significativo dos híbridos ($p < 0.01$) foi detectado pela análise de deviance para as 11 características avaliadas, indicando variabilidade entre os híbridos. Como a variabilidade genética significativa entre os genótipos é essencial para o progresso genético, todas as características serão utilizadas para seleção genotípica.

Em relação à análise fatorial, foram estimados os autovalores e a variância acumulada para os onze componentes principais obtidos pela matriz de correlação genética entre as

características (TABELA 2). Os quatro primeiros componentes principais tiveram autovalores superiores a um, e assim, de acordo com o critério de Kaiser (KAISER, 1958), os dados podem ser condensados em quatro fatores. A variância acumulada para os quatro primeiros componentes principais indica que esses componentes são suficientes para representar 81% de toda a variabilidade existente entre os híbridos.

Tabela 2 - Estimativas de autovalores por análise de componentes principais e a proporção de variância explicada por eles para onze características dos híbridos de uva apirênicos.

Componentes principais	Autovalores	Autovalores (%)	Variância acumulada (%)
PC1	3.71	33.73	33.73
PC2	2.37	21.54	55.26
PC3	1.66	15.05	70.31
PC4	1.27	11.53	81.84
PC5	0.91	8.27	90.11
PC6	0.39	3.50	93.61
PC7	0.26	2.38	95.99
PC8	0.22	1.97	97.96
PC9	0.08	0.75	98.70
PC10	0.08	0.68	99.39
PC11	0.07	0.61	100.00

Fonte: Da autora (2022).

Em estudo sobre divergência genética entre cultivares de videiras do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Semiárido, considerando onze características de qualidade do fruto, verificou-se que dois componentes principais explicaram 79.45% da variância total contida no conjunto das características analisadas (BATISTA *et al.*, 2015). No mesmo Banco de Germoplasma da Embrapa Semiárido, foi avaliada a diversidade genética e o desempenho de cultivares viníferas a partir de nove características morfoagronômicas (duração do ciclo, produção, comprimento, largura e massa do cacho, teor de sólidos solúveis, acidez titulável e *ratio*, e observado que quatro fatores explicam 84.12% da variância (LEÃO; CRUZ; MOTOIKE, 2011). Pereira *et al.* (2008) avaliando características de qualidade de uva para vinho identificaram que as variáveis avaliadas foram reduzidas para quatro componentes principais, os quais explicaram 67.36% da variação total.

Após rotação varimax, com base na magnitude das cargas fatoriais, que indicam a correlação de cada variável com um determinado fator, foram identificadas as variáveis que mais se correlacionaram com cada fator (TABELA 3).

Tabela 3 - Cargas fatoriais após rotação varimax e comunalidades para as características avaliadas em híbridos de uva apirênicos.

Características	Fatores				
	Cacho	Qualidade	Produção	Baga	Comunalidades
P	-0.4630	-0.0181	0.7586	0.1913	0.8269
NC	0.0534	-0.0790	0.9309	-0.0002	0.8757
CC	-0.8608	0.1312	0.1182	-0.0214	0.7727
LC	-0.8787	0.0173	-0.0155	0.2170	0.8197
MC	-0.8877	0.1108	0.0744	0.2645	0.8759
CB	-0.1217	-0.0762	0.0372	0.9154	0.8600
DB	-0.1524	-0.0484	0.0267	0.9295	0.8902
MB	-0.1510	-0.0233	0.0828	0.9551	0.9424
SS	-0.0227	-0.5712	-0.3414	0.0067	0.4434
AT	-0.1244	0.8245	-0.2067	-0.0444	0.7399
<i>ratio</i> SS/AT	0.1327	-0.9582	0.1079	0.0895	0.9555
média	–	–	–	–	0.8184

Fonte: Da autora (2022).

O primeiro fator, que explicou 33,73% da variância, apresentou alta correlação genética entre as características comprimento do cacho, largura do cacho e massa do cacho, e esse fator foi denominado fator do cacho. Para o segundo fator, responsável por 21,54 % da variância, observou-se alta correlação genética entre teor de sólidos solúveis, acidez titulável e *ratio* (SS/AT) e foi denominado por fator qualidade. O terceiro fator, que representou 15,05% da variância, foi denominado por fator produção, sendo que produção e número de cachos por planta estão fortemente correlacionados. Por fim, para o quarto fator foi observada alta correlação genética entre as características comprimento da baga, diâmetro da baga e massa da baga, e esse fator foi denominado fator da baga, explicando 11.53% da variância.

As variáveis agrupadas em um mesmo fator apresentam maior correlação entre si do que com variáveis de diferentes fatores. Portanto, cada fator tem um significado biológico baseado na correlação genética entre as características (CRUZ *et al.* 2014; ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018).

Correlações genéticas entre características dentro de um fator podem ser dadas na mesma direção e/ou na direção oposta e são dadas pelos sinais das cargas fatoriais. No primeiro fator, acidez titulável apresentou correlação negativa com as características teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT), as quais apresentaram correlações positivas, conforme esperado. Em relação ao segundo, terceiro e quarto fatores, observou-se correlações no mesmo sentido entre as características dentro de cada fator, também conforme esperado.

Nikolic *et al.* (2018) avaliando as correlações fenotípicas entre caracteres agronômicos em videira, identificaram correlação significativa e negativa entre teor de sólidos solúveis e acidez titulável, mas também observaram correlação positiva entre as características massa do cacho e massa da baga. Wei, Sykes e Clingeleffer (2002) também verificaram forte correlação positiva entre massa, comprimento e diâmetro da baga e forte correlação negativa entre teor de sólidos solúveis e acidez titulável, além de alta correlação positiva entre sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT). Cargnin (2019) avaliou a magnitude de associação entre características de clones de duas cultivares de *Vitis vinifera* por meio de correlação canônica, obtendo-se correlação $r = -0.71$ e $r = 0.55$ entre produtividade e número de cachos, $r = 0.98$ e $r = 0.90$ entre peso do cacho e produtividade, $r = -0.82$ e $r = 0.16$ entre número de cachos e massa do cacho, $r = -0.18$ e $r = -0.77$ entre número de bagas e massa da baga e $r = 0.13$ e $r = -0.05$ entre teor de sólidos solúveis e acidez titulável, para ‘Cabernet Sauvignon’ e Chardonnay, respectivamente.

Os valores de comunalidade variaram de 0.44 a 0.95 (TABELA 3). As comunalidades de todas as variáveis foram altas, indicando boa associação entre as variáveis e fatores, com exceção do teor de sólidos solúveis (0.44), indicando baixa relação entre essa variável e o fator no qual está inserida. A comunalidade é proporção de variabilidade de cada variável explicada pelos fatores. Quanto maior a comunalidade mais informativa a variável é para o fator e, portanto, o fator no qual ela está inserida a representa. A comunalidade média equivale a variância acumulada para os fatores (CRUZ *et al.*, 2014; PEIXOTO *et al.*, 2021; ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018).

Um programa de melhoramento baseado em ideótipo foca em multicaracterísticas simultaneamente. O ideótipo no índice FAI-BLUP é determinado a partir das correlações genéticas de cada fator (MEIER *et al.*, 2021). O ideótipo agrônomo e comercial ideal de uva de mesa sem semente foi desenhado utilizando os valores genéticos máximos para as características produção, número de cachos, comprimento do cacho, largura do cacho, massa do cacho, comprimento da baga, diâmetro da baga, massa da baga, teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) e o valor genético mínimo para acidez titulável. A consistência da baga foi considerada uma característica qualitativa eliminatória no processo de seleção, uma vez que o ideótipo deve ter uma baga de textura firme, conforme exigências do mercado consumidor.

Dessa forma, a partir da restrição aplicada, somente foram selecionadas uvas com consistência crocante ou carnosa. Fernandes Filho *et al.* (2020), buscando clones de batata adequados para indústria e Melo *et al.* (2020) objetivando selecionar progênes superiores de feijão para mitigar os efeitos das interações genótipo-ambiente, também incorporaram uma restrição no índice de seleção para múltiplas características baseado na distância genótipo-

ideótipo. A caracterização dos genótipos quanto às características consistência, sabor e cor da baga está apresentada na Tabela 4.

Tabela 4 - Cento e dez híbridos de uva de mesa sem semente com seus respectivos códigos e caracterização quanto à consistência da polpa, sabor e cor da baga. (continua)

Híbrido	Código	Consistência	Sabor	Cor	Híbrido	Código	Consistência	Sabor	Cor
1	CPATSA 01.06	fundente	neutro	verde	56	CPATSA 49.266	carnosa	neutro	vermelha
2	CPATSA 14.23G	fundente	neutro	verde	57	CPATSA 49.28	fundente	neutro	vermelha
3	CPATSA 14.28G	fundente	neutro	verde	58	CPATSA 49.37	carnosa	especial	vermelha
4	CPATSA 15.04	carnosa	neutro	verde	59	CPATSA 49.40	fundente	especial	vermelha
5	CPATSA 15.05	carnosa	neutro	verde	60	CPATSA 49.42	fundente	neutro	vermelha
6	CPATSA 19.08	carnosa	neutro	verde	61	CPATSA 49.58	carnosa	moscatel	verde
7	CPATSA 21.114	fundente	neutro	verde	62	CPATSA 49.63	carnosa	neutro	vermelha
8	CPATSA 21.99	fundente	neutro	verde	63	CPATSA 49.65	fundente	neutro	verde
9	CPATSA 23.09	fundente	neutro	verde	64	CPATSA 49.70	fundente	neutro	vermelha
10	CPATSA 24.04	carnosa	neutro	verde	65	CPATSA 49.90	fundente	moscatel	verde
11	CPATSA 24.30	fundente	neutro	verde	66	CPATSA 49.93	fundente	neutro	verde
12	CPATSA 24.88	fundente	neutro	vermelha	67	CPATSA 49.99	fundente	neutro	verde
13	CPATSA 26.18	carnosa	neutro	vermelha	68	CPATSA 51.01	crocante	neutro	vermelha
14	CPATSA 28.14	carnosa	neutro	vermelha	69	CPATSA 53.38	fundente	neutro	verde
15	CPATSA 28.21	crocante	neutro	vermelha	70	CPATSA 62.04	fundente	neutro	verde
16	CPATSA 28.27	fundente	neutro	vermelha	71	CPATSA 62.19	carnosa	neutro	verde
17	CPATSA 31.01	fundente	neutro	verde	72	CPATSA 62.22	fundente	neutro	verde
18	CPATSA 31.07	fundente	neutro	verde	73	CPATSA 62.80	fundente	neutro	verde
19	CPATSA 31.10	fundente	neutro	verde	74	CPATSA 63.01	fundente	neutro	verde
20	CPATSA 31.11	fundente	neutro	verde	75	CPATSA 63.02	carnosa	neutro	verde
21	CPATSA 31.12	fundente	neutro	verde	76	CPATSA 63.03	carnosa	especial	verde
22	CPATSA 31.13	fundente	moscatel	verde	77	CPATSA 63.108	carnosa	neutro	vermelha
23	CPATSA 31.P1	fundente	neutro	verde	78	CPATSA 63.114	carnosa	neutro	vermelha
24	CPATSA 32.02	fundente	especial	verde	79	CPATSA 63.15	fundente	neutro	verde
25	CPATSA 40.05CR	fundente	neutro	verde	80	CPATSA 63.29	fundente	neutro	verde
26	CPATSA 40.12T	fundente	especial	verde	81	CPATSA 63.47	fundente	neutro	verde
27	CPATSA 42.157	fundente	neutro	verde	82	CPATSA 63.77	fundente	neutro	verde
28	CPATSA 42.72T	fundente	neutro	verde	83	CPATSA 65.04	crocante	neutro	vermelha
29	CPATSA 49.05	crocante	especial	vermelha	84	CPATSA 65.104	fundente	neutro	vermelha
30	CPATSA 49.06	carnosa	especial	vermelha	85	CPATSA 65.112	carnosa	neutro	vermelha
31	CPATSA 49.104	carnosa	neutro	vermelha	86	CPATSA 65.18	fundente	neutro	verde

Tabela 4 - Cento e dez híbridos de uva de mesa sem semente com seus respectivos códigos e caracterização quanto à consistência da polpa, sabor e cor da baga. (conclusão)

Híbrido	Código	Consistência	Sabor	Cor	Híbrido	Código	Consistência	Sabor	Cor
32	CPATSA 49.109	fundente	neutro	preta	87	CPATSA 65.64	fundente	neutro	vermelha
33	CPATSA 49.114	carnosa	neutro	verde	88	CPATSA 65.90	crocante	neutro	verde
34	CPATSA 49.119	carnosa	neutro	vermelha	89	CPATSA 67.18	carnosa	neutro	verde
35	CPATSA 49.14	fundente	neutro	vermelha	90	CPATSA 67.24	fundente	neutro	verde
36	CPATSA 49.156	fundente	neutro	vermelha	91	CPATSA 75.09	carnosa	neutro	verde
37	CPATSA 49.166	fundente	neutro	verde	92	CPATSA 76.05	fundente	neutro	verde
38	CPATSA 49.171	carnosa	neutro	vermelha	93	CPATSA 76.06	fundente	neutro	verde
39	CPATSA 49.178	fundente	neutro	verde	94	CPATSA 76.20	fundente	neutro	verde
40	CPATSA 49.184	fundente	neutro	vermelha	95	CPATSA 76.22	fundente	neutro	verde
41	CPATSA 49.188	fundente	neutro	verde	96	CPATSA 76.23	fundente	neutro	verde
42	CPATSA 49.191	fundente	especial	vermelha	97	CPATSA 76.27	fundente	neutro	verde
43	CPATSA 49.192	fundente	neutro	preta	98	CPATSA 79.04	crocante	neutro	vermelha
44	CPATSA 49.197	fundente	moscatel	verde	99	CPATSA 79.18	carnosa	neutro	vermelha
45	CPATSA 49.198	fundente	neutro	verde amarelada	100	CPATSA 79.23	carnosa	neutro	vermelha
46	CPATSA 49.20	fundente	neutro	vermelha	101	CPATSA 79.25	carnosa	neutro	verde
47	CPATSA 49.200	carnosa	moscatel	verde	102	CPATSA 79.27	carnosa	neutro	vermelha
48	CPATSA 49.213	carnosa	neutro	verde	103	CPATSA 79.28	carnosa	neutro	vermelha
49	CPATSA 49.215	fundente	neutro	verde	104	CPATSA 79.38	carnosa	neutro	vermelha
50	CPATSA 49.221	fundente	neutro	vermelha	105	CPATSA 79.42	crocante	neutro	vermelha
51	CPATSA 49.233	fundente	neutro	verde	106	CPATSA 79.47	carnosa	neutro	vermelha
52	CPATSA 49.234	carnosa	moscatel	verde	107	CPATSA 79.48	crocante	especial	vermelha
53	CPATSA 49.235	fundente	neutro	verde	108	CPATSA 79.49	fundente	neutro	vermelha
54	CPATSA 49.246	fundente	neutro	vermelha	109	CPATSA 79.50	crocante	especial	vermelha
55	CPATSA 49.25	carnosa	especial	vermelha	110	CPATSA 89.03	fundente	neutro	vermelha

Fonte: Da autora (2022)

O índice de seleção FAI-BLUP permitiu ordenar os genótipos considerando as múltiplas características simultaneamente. Considerando o ideótipo de uva de mesa sem semente, um total de 10 genótipos com maior potencial foi selecionado por meio do índice FAI-BLUP. Os ganhos genéticos preditos obtidos com a seleção dos genótipos para todas as características avaliadas simultaneamente por meio da seleção direta e do índice FAI-BLUP são apresentados na Tabela 5.

Tabela 5 - Ganhos genéticos preditos com base na seleção direta e no índice FAI-BLUP.

Fatores	Características ¹	Ganho genético predito (%)	
		Seleção direta	FAI-BLUP
Cacho	CC	9.41	0.37
	LC	11.99	4.44
	MC	19.80	-2.75
Qualidade	SS	3.65	0.80
	AT	-12.26	-8.00
	<i>Ratio</i> SS/AT	14.27	9.42
Produção	P	26.14	10.78
	NC	31.73	15.26
Baga	CB	7.28	0.93
	DB	7.61	0.64
	MB	18.32	3.80
Total de ganhos desejáveis (%) ²			29.09
Total de ganhos indesejáveis (%) ³			65.25
Genótipos selecionados pelo FAI-BLUP index: 5, 98, 38, 103, 31, 85, 77, 30, 4 e 2			

¹CC – comprimento do cacho (cm); LC – largura do cacho (cm); MC – massa do cacho (g); SS – teor de sólidos solúveis (%); AT – acidez titulável (%); *ratio* (SS/AT) (adimensional); P – produção por planta (kg); NC – número de cachos por planta; CB – comprimento da baga (mm); DB – diâmetro da baga (mm); MB – massa da baga (g).

²proporção do ganho predito para características que se deseja aumentar (CC, LC, MC, SS, *Ratio* (SS/AT), P, NC, CB, DB, MB) em relação ao ganho predito para seleção direta.

³proporção do ganho predito para características que se deseja diminuir (AT) em relação ao ganho predito para seleção direta.

Fonte: Da autora (2022).

O índice FAI-BLUP permitiu obter ganhos genéticos no sentido desejável para as características do fator cacho - comprimento do cacho e largura do cacho-, mas para a característica massa do cacho, o ganho genético foi no sentido indesejável. Os ganhos genéticos preditos para os fatores características de produção, de qualidade e da baga foram no sentido desejado para todas as características. Esses resultados mostram a eficiência do índice utilizado para proporcionar ganhos equilibrados para as características avaliadas.

Resultados semelhantes foram encontrados por Volpato, Borém e Ludke (2020) que obtiveram ganhos desejados para todas as características avaliadas para soja, utilizando o índice de seleção FAI-BLUP. Já utilizando outros índices houve ganhos no sentido indesejável para algumas variáveis. Almeida *et al.* (2021) selecionando genótipos de mangaba por meio do índice FAI-BLUP também verificaram ganhos desejáveis para a maioria das variáveis consideradas no estudo. Na seleção de genótipos superiores de trigo também foi possível obter ganhos genéticos desejáveis para as características de produtividade (MEIER *et al.* 2021).

A seleção direta fornece o ganho máximo previsto considerando uma característica por vez. O índice FAI-BLUP proporcionou ganhos em relação à seleção direta de aproximadamente 29%, para as características que se deseja aumentar, e de aproximadamente 65% para as características que se deseja diminuir. A seleção de várias características combinadas muitas vezes resulta em ganho de seleção reduzido para todas as características avaliadas quando comparado aos ganhos com a seleção direta (CRUZ *et al.*, 2014). Dessa forma, mesmo que a seleção direta tenha apresentado ganhos maiores em relação ao índice FAI-BLUP, este último deve ser preferido no processo de seleção de híbridos superiores considerando o conjunto de características.

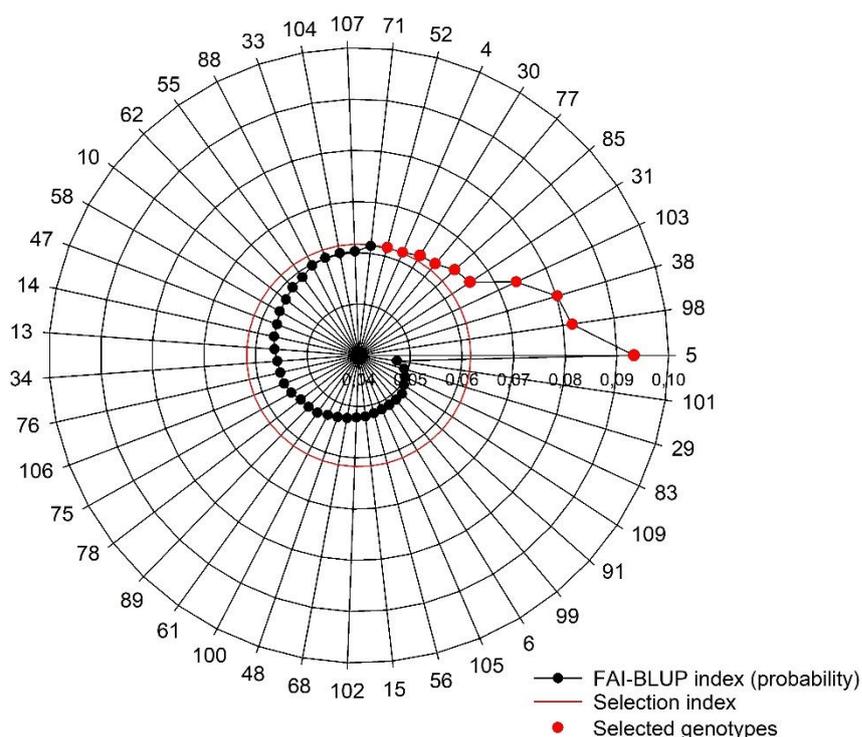
Além disso, o percentual de genótipos coincidentes entre o índice de seleção FAI-BLUP e a seleção direta para a maioria das características avaliadas foi igual ou superior a 50% para a maioria das características, exceto para teor de sólidos solúveis. Utilizando uma intensidade de seleção de 25% as proporções de concordâncias foram de 70% para *ratio*; 60% para produção e acidez titulável; 50% para número de cachos, largura do cacho, comprimento, diâmetro e massa da baga; 40% para comprimento e massa do cacho; e de 20% para teor de sólidos solúveis. Fernandes Filho *et al.* (2020) observaram que a proporção de concordância entre seleção direta e o índice FAI-BLUP aumentou à medida que a intensidade de seleção também aumentou, ficando entre 59% e 73% quando aplicada uma intensidade de seleção de 50%. Esses resultados demonstram que o índice foi eficiente na seleção dos melhores híbridos de uva de mesa sem semente.

A cultivar ‘BRS Tainá’, primeiro híbrido selecionado pelo índice FAI-BLUP, está na lista dos selecionados para todas as características por meio de seleção direta, exceto para teor de sólidos solúveis. O segundo híbrido selecionado pelo índice (CPATSA 79.04) concordou com a seleção direta em oito das onze características avaliadas, discordando apenas nas características produção, número de cachos e teor de sólidos solúveis. CPATSA 49.171, terceiro híbrido selecionado pelo índice, também apresentou alta coincidência, não sendo selecionado

apenas para as características teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) na seleção direta. Os demais híbridos selecionados pelo índice apresentaram menos de 50% de coincidência.

A Figura 2 mostra a classificação dos 43 genótipos de uva sem semente, com textura firme (consistência da polpa crocante ou carnosa), de acordo com o índice FAI-BLUP e sua probabilidade espacial associada. O índice indica que os 10 primeiros genótipos selecionados ('BRS Tainá', CPATSA 79.04, CPATSA 49.171, CPATSA 79.28, CPATSA 49.104, CPATSA 65.112, CPATSA 63.108, CPATSA 49.06, CPATSA 15.04, CPATSA 49.234) apresentam maior potencial para passarem a etapa seguinte como seleções avançadas no melhoramento de uva de mesa, por possuírem características mais próximas ao ideótipo – produção, número de cachos, comprimento do cacho, largura do cacho, peso do cacho, comprimento da baga, diâmetro da baga, peso da baga, teor de sólidos solúveis e *ratio* (SS/AT) (APÊNDICE B).

Figura 2 – Classificação de genótipos de uva de mesa sem sementes e genótipos selecionados usando o índice FAI-BLUP.



Fonte: Da autora (2022)

O índice FAI-BLUP é uma nova ferramenta para aplicação em programas de melhoramento genético de qualquer cultura (ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018), permitindo o ranqueamento de genótipos baseado a partir de probabilidade espacial, não requer atribuição de peso às diferentes características e não apresenta problema de multicolinearidade. Além disso, o procedimento permite a seleção de genótipos por meio de valores genéticos

previstos, o que exclui efeitos ambientais (ALMEIDA *et al.*, 2021). Estudos compararam índices de seleção multicaudacterísticas e observaram que os melhores ganhos obtidos foram com a utilização do índice FAI-BLUP (ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018; VOLPATO *et al.*, 2020).

O índice de seleção FAI-BLUP foi eficiente na seleção de genótipos de uva de mesa superiores com base nas características avaliadas. Embora proposto apenas recentemente, esse índice já vem sendo utilizado de forma eficiente na avaliação e seleção de híbridos de sorgo para aumento de biomassa e cogeração de energia (OLIVEIRA *et al.*, 2019; SILVA *et al.*, 2018); seleção de soja para produção de biodiesel (WOYANN *et al.*, 2019); seleção de progênies superiores de feijão (ROCHA *et al.*, 2019); seleção de genótipos de *Jatropha curcas*. L para fins bioenergéticos (RODRIGUES *et al.*, 2020); seleção de genótipos de abóbora superiores com menor tamanho e maior produtividade de sementes para produção de óleo (OLIVEIRA *et al.*, 2020); seleção combinada em milho (PEIXOTO *et al.*, 2021); seleção de mangaba com base em onze caracteres agronômicas simultânea (ALMEIDA *et al.*, 2021); seleção de progênies de soja precoces, mais eretas e com maior potencial de rendimento de grãos (VOLPATO *et al.*, 2021); e seleção de genótipos superiores de trigo para produtividade de grãos, número de afilhos e massa de grãos por planta (MEIER *et al.*, 2021).

O índice FAI-BLUP foi eficaz na seleção de híbridos de videira com ganhos genéticos equilibrados para todas as características desejáveis simultaneamente. Portanto, é uma ferramenta adequada para a seleção simultânea de características importantes no melhoramento da uva de mesa, contribuindo para o sucesso e celeridade no desenvolvimento de cultivares de uvas de mesa apirênicas adaptadas ao semiárido brasileiro.

4 CONCLUSÃO

De acordo com o índice FAI-BLUP, 81.84% de toda a variabilidade genética entre os híbridos de uva foi resumida em quatro fatores (produção, cacho, baga e qualidade).

As características produção, número de cachos, comprimento do cacho, largura do cacho, comprimento da baga, diâmetro da baga, massa da baga, teor de sólidos solúveis, acidez titulável e *ratio* (SS/AT) apresentaram ganhos genotípicos desejáveis.

O índice FAI-BLUP se mostrou eficiente e identificou dez híbridos de uva sem semente ('BRS Tainá', CPATSA 79.04, CPATSA 49.171, CPATSA 79.28, CPATSA 49.104, CPATSA 65.112, CPATSA 63.108, CPATSA 49.06, CPATSA 15.04, CPATSA 49.234) com

características agronômicas desejáveis, promissores para avançar no programa de melhoramento de uvas de mesa para o semiárido brasileiro.

REFERÊNCIAS

- AKKURT. M.; TAHMAZ. H.; VEZIROĞLU. S. Recent Developments in Seedless Grapevine Breeding. **South African Journal of Enology and Viticulture**, v. 40, n. 2, p. 260-265, 2019.
- ALMEIDA. G. Q. *et al.* Selection of *Hancornia speciosa* germplasm accessions based on the FAI-BLUP index. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. Goiânia. v. 51, p. 1-8, 2021.
- BATISTA, P. F. *et al.* Genetic divergence among grapevine varieties from the Active Germplasm Bank of Embrapa Semiárido. **Revista Ciência Agronômica**, Ceará, v. 46, n. 4, p. 800-808, 2015.
- CARGNIN, A. Canonical correlations among grapevine agronomic and processing characteristics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 41, 2019.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014, 668 p.
- CUNHA, T. J. F. *et al.* **Solos do Submédio do Vale do São Francisco**: potencialidades e limitações para o uso agrícola. Petrolina: Embrapa Semiárido, v. 211, 2008, 60 p.
- FERNANDES FILHO, C.C. *et al.* Selection of potato (*Solanum tuberosum* L.) clones for heat tolerance and resistance to viruses X and Y for processing purposes. **Crop Science**, v. 61, p. 552–565, 2021.
- HAZEL. L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**. v. 28. p. 476-490, 1943.
- HENDERSON. C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**. v. 31. p. 423-447, 1975.
- IPGRI. International Plant Genetic Resources Institute. **Descriptors for grapevine: *Vitis* spp.** Roma, 1997, 62 p.
- KAISER. H. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, p. 187-200, 1958.
- LEÃO, P. C. S. BRS Tainá: new white seedless grape cultivar for the Brazilian semi-arid region. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 3, p. 1-6, 2021.
- MEIER. C. *et al.* Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 51, 2021.
- MELO, V.L de. *et al.* Modeling (co)variance structures for genetic and non-genetic effects in the selection of common bean progenies. **Euphytica**, v. 216, n. 5, p.1-13, 2020.
- NIKOLIĆ, D. *et al.* Inheritance and phenotypic correlations of agronomic traits in grapevine offsprings. **Acta Scientiarum Polonorum Hortorum Cultus**, v. 17, n. 5, p. 87-99, 2018.

- OLIVEIRA. I. C.M. *et al.* Combining ability of biomass sorghum lines for agroindustrial characters and multitrait selection of photosensitive hybrids for energy cogeneration. **Crop Science**, v. 59, p. 1554-1566, 2019.
- OLIVEIRA. R. L. *et al.* Multitrait selection of pumpkin genotypes aimed at reducing the growth habit and improving seed production. **Crop Science**, p. 1-10, 2021.
- PATTERSON. H.D.; THOMPSON. R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.
- PEIXOTO, M. A. *et al.* Selection of maize hybrids: an approach with multi-trait. multi-environment. and ideotype-design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 2, p. 1-9, 2021.
- PEREIRA, G. E. *et al.* Avaliação do potencial de cinco cultivares de videiras americanas para sucos de uva no sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.32, n.5, p.1531-1537, 2008.
- R Development Core Team. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing. Vienna. Austria, 2019. Disponível em: <http://www.R-project.org>. Acesso em: 07 dez. 2021.
- RESENDE. M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Viçosa, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.
- ROCHA. J. R. A. S. C. *et al.* Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**. v. 11. p. 1181-1189, 2019.
- ROCHA. J. R. A. S. C.; MACHADO. J. C.; CARNEIRO. P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Global Change Biology Bioenergy**. v. 10, p. 52-60, 2018.
- ROYO. C. *et al.* The Major Origin of Seedless Grapes Is Associated with a Missense Mutation in the MADS-Box Gene *VviAGL111*. **Plant Physiology**, v. 177, p. 1234-1253, 2018.
- SILVA. M. J. *et al.* Evaluation of the potential of lines and hybrids of biomass sorghum. **Industrial Crops and Products**. v. 125, n. 1, p. 379-385, 2018.
- SMITH. H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**. v. 7, p. 240-250, 1936.
- VOLPATO. L. *et al.* Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. **Acta Scientiarum Agronomy, Maringá**, v. 43, 2021.
- WEI, X.; SYKES, S. R.; CLINGELEFFER, P. R. An investigation to estimate genetic parameters in CSIRO's table grape breeding program 2. Quality characteristics. **Euphytica**, v. 128, p. 343-351, 2002.

WOYANN, L. G. *et al.* Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. **Agronomy Journal**. v. 112, p. 175-182, 2020.

ARTIGO 3 RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS DE VIDEIRA AO CANCRO BACTERIANO

RESUMO

O cancro bacteriano, causado por *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* (Xcv), é a doença bacteriana mais importante da videira cultivada nas zonas tropicais. Os objetivos deste estudo foram selecionar híbridos de uva resistentes ao cancro bacteriano da videira com base nos valores genotípicos e avaliar a resposta de híbridos de uva sem semente em relação à infecção artificial com cancro bacteriano. Dois experimentos foram realizados, o experimento de campo (Experimento I) foi conduzido no Campo Experimental de Bebedouro da Embrapa Semiárido, em Petrolina – PE, onde foram avaliados 569 híbridos quanto aos sintomas do cancro bacteriano, na ausência de delineamento experimental, sendo um único indivíduo de cada genótipo. O Experimento II foi conduzido em casa de vegetação, onde foram avaliados dez híbridos de uva sem semente em relação ao período de incubação, incidência, severidade e área abaixo da curva do progresso da incidência da doença do cancro bacteriano, em delineamento inteiramente casualizado. A metodologia REML/BLUP permitiu selecionar quarenta híbridos de uva com menores valores genotípicos visando resistência ao cancro bacteriano. Os híbridos CPATSA 49.25 e CPATSA 49.86 apresentaram maior resistência ao cancro bacteriano em todos os parâmetros epidemiológicos avaliados, em condições de casa de vegetação.

Palavras-chave: *Vitis* spp. *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. REML/BLUP. Valores genotípicos. Parâmetros epidemiológicos.

RESISTANCE OF GRAPEVINE HYBRIDS TO BACTERIAL CANCER

ABSTRACT

Bacterial canker, caused by *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* (Xcv), is the most important bacterial disease of the grapevine cultivated in tropical areas. The objectives of this study were to select grape hybrids resistant to grapevine bacterial canker based on breeding values and to evaluate the response of seedless grape hybrids to artificial infection with bacterial canker. Two experiments were carried out, the field experiment (Experiment I) was carried out in the Experimental Field of Bebedouro da Embrapa Semiárido, in Petrolina - PE, where 569 hybrids were evaluated for the symptoms of bacterial canker, in the absence of an experimental design, being a single individual of each genotype. Experiment II was carried out in a greenhouse, where ten seedless grape hybrids were evaluated in relation to incubation period, incidence, severity and area under the curve of progress of bacterial canker disease incidence, in a completely randomized design. The REML/BLUP methodology allowed to select forty grape hybrids with lower breeding values aiming resistance to bacterial canker. The hybrids CPATSA 49.25 and CPATSA 49.86 showed greater resistance to bacterial canker in all epidemiological parameters evaluated, under greenhouse conditions.

Keywords: *Vitis* spp. *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. REML/BLUP. Breeding values. Epidemiological parameters.

1 INTRODUÇÃO

O cancro bacteriano da videira, cujo agente etiológico é a bactéria *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* (Xcv) (Nayudu) Dye, foi descrito pela primeira vez na Índia em 1972, e posteriormente no Brasil em 1998. É considerada como praga Quarentenária Presente A2 nos Estados da Bahia, Ceará, Pernambuco e Roraima, de acordo com Instrução Normativa nº 38/2018, onde se encontra sob controle oficial (BRASIL, 2018).

Atualmente, é a mais importante doença bacteriana da videira cultivada nas zonas tropicais (LIMA *et al.*, 2017). O cancro bacteriano da videira representa alto potencial de risco ao desenvolvimento da viticultura nacional, pois apresenta incidência expressiva, causa danos severos e perdas significativas em cultivares suscetíveis, além de limitar o potencial de exportação devido ao efeito da doença na qualidade do fruto (GAMA *et al.*, 2018) e as possíveis imposições de barreiras fitossanitárias por parte dos países importadores. As cultivares severamente afetadas foram 'Red Globe' e outras cultivares originadas de 'Thompson Seedless', nas quais a incidência foi de até 100%, com perdas totais na produção em algumas áreas (RODRIGUES NETO *et al.*, 2011).

A sintomatologia da doença é caracterizada nas folhas por manchas pequenas, escuras e angulares, as quais podem coalescer e secar, causando áreas necróticas e queima das folhas. Nas nervuras e pecíolos das folhas, nos ramos e ráquis dos frutos formam-se manchas escuras e alongadas, que evoluem para fissuras longitudinais de coloração negra. As bagas são desuniformes em tamanho e cor, podendo apresentar lesões deprimidas e necróticas (NAYUDU, 1972).

Em condições favoráveis ao desenvolvimento da doença, umidade e temperatura elevadas, o patógeno sobrevive em ramos de videira infectados ou associado a infecções latentes nas plantas assintomáticas (NASCIMENTO; MARIANO, 2004), em hospedeiros alternativos (PEIXOTO *et al.*, 2007; SANTOS *et al.*, 2014), em ferramentas de corte de videira (NAUE *et al.* 2014) e em restos de culturas infectados (SILVA *et al.* 2012). Assim, a disseminação pode ocorrer por meio de materiais propagativos como mudas e estacas, água e ferramentas infectadas, ocorrendo a colonização de forma sistêmica, já tendo sido encontrada a bactéria em sementes, bagas e raízes (TOSTES *et al.*, 2014; VILLELA *et al.*, 2019).

Para o controle da doença, recomenda-se o uso de material propagativo sadio, integrado a práticas de manejo que possam limitar a sobrevivência e disseminação da bactéria, como inspeção no campo, poda drástica de órgãos infectados, eliminação de plantas severamente infectadas, desinfestação de veículos, de equipamentos e de materiais para poda, utilização de protetores cúpricos, e utilização de quebra-ventos (NASCIMENTO *et al.*, 2006). Devido à ausência de práticas eficientes que atuem sobre o patógeno, a resistência genética constitui uma importante alternativa de controle da doença.

Estudos que avaliaram a susceptibilidade de diferentes genótipos de *Vitis* spp. ao cancro bacteriano já foram realizados na Índia (CHAND, 1992; KAMBLE, 2017) e no Brasil, nos estados de São Paulo (MALAVOLTA *et al.*, 2003), Pernambuco (NASCIMENTO *et al.*, 2006) e Bahia (ZUCAL *et al.*, 2016) e os resultados mostraram que a reação dos genótipos de videira a essa bactéria é bastante variável. Embora existam pesquisas sobre a resistência de cultivares de uva ao cancro bacteriano, ainda não existem trabalhos de melhoramento direcionados à seleção de híbridos de videira resistentes a essa doença.

Nesse contexto, este é o primeiro relato científico apresentando resultados de pesquisas de melhoramento genético de videira visando a seleção de híbridos de uva de mesa para resistência ao cancro bacteriano. Os objetivos deste estudo foram selecionar híbridos de uva de mesa resistentes ao cancro bacteriano da videira com base nos valores genotípicos e avaliar a resposta de híbridos de uva sem semente em relação à infecção artificial com cancro bacteriano. Os resultados obtidos fornecem subsídios para a tomada de decisão e futuras estratégias no melhoramento genético da videira para o semiárido brasileiro.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Avaliação de híbridos em condições de campo

Para realização deste trabalho foram conduzidos dois experimentos, sendo um deles em condições de campo (Experimento I) e outro em casa de vegetação (Experimento II).

O Experimento I foi realizado no Campo Experimental de Bebedouro da Embrapa Semiárido em Petrolina, Pernambuco, Brasil (9°08'03" S, 40°18'28" O e 370 m de altitude), em um campo de plantas matrizes ou campo de multiplicação de material vegetativo. O solo da área experimental foi classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo Eutrófico Plíntico (CUNHA *et al.*, 2008).

As videiras foram conduzidas em sistema ‘latada’, com espaçamento de 3m entre filas e cerca de 30 cm entre plantas. As avaliações foram realizadas entre os meses de maio e junho nos anos de 2019 e 2021, dois meses após a poda.

Foram avaliados 569 híbridos (F1) originados de 28 cruzamentos entre cultivares de *V. vinifera*, entre híbridos interespecíficos e também entre *Vitis vinifera* e híbridos interespecíficos (TABELA 1). Cada híbrido foi representado por uma única planta de videira, pé franco, sem delineamento experimental ou repetições.

Tabela 1 - Identificação dos cruzamentos e número de genótipos avaliados em cada cruzamento.

Cruzamento (parental masculino x parental feminino)	Código	Número de genótipos avaliados	Cruzamento (parental masculino x parental feminino)	Código	Número de genótipos avaliados
BRS Vitória x A1581	7	1	BRS Linda x CG351	32	1
CG351 x A Dona	10	2	BRS Isis x A1105	37	1
BRS Vitória x CG102295	11	4	Feal x Princess	47	2
CG351 x CNPUV24	12	5	Jupiter x Marroo	49	177
BRS Isis x CG102295	16	3	Thompson x CG351	61	7
BRS Isis x CNPUV24	17	4	Feal x Marroo	62	22
BRS Vitória x Jupiter	18	2	CG351 x Marroo	63	54
BRS Linda x Marroo	24	32	A1105 x Marroo	64	39
A Dona x Marroo	25	13	BRS Clara x Marroo	65	66
BRS Vitória x Marroo	26	22	CG33716 x ADona	67	8
CG102295 x CNPUV24	27	13	CNPUV8 x CG351	74	6
A1105 x CG351	29	1	A Dona x CG351	76	1
BRS Vitória x A1105	30	1	BRS Linda x Feal	78	6
CG351 x CG102295	31	11	BRS Isis x Marroo	79	65

Fonte: Da autora (2022).

A avaliação da severidade dos sintomas de cancro bacteriano nas plantas, sob infecção natural, foi realizada por meio de uma escala de notas variando de 1 a 4, onde: 1 = sem sintomas; 2 = poucos sintomas (pequenas e poucas lesões nos ramos ou folhas, não ultrapassando 08% da área foliar); 3 = medianos sintomas (lesões nos ramos, pecíolos e folhas, variando entre 09 e 34% da área foliar); 4 = muitos sintomas (grande número de lesões nos ramos, pecíolo e folhas, com manchas coalescidas formando grandes áreas necróticas, acima de 35% da área foliar). Foi utilizada a escala diagramática de Nascimento *et al.* (2005) como base para o percentual de área foliar afetada pela doença.

A estimativa dos componentes de variância e a predição dos valores genotípicos para a característica avaliada foram realizadas através do procedimento de máxima verossimilhança residual/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP) (HENDERSON 1975;

PATTERSON; THOMPSON, 1971), uma vez que é indicado no caso de dados desbalanceados. O modelo estatístico utilizado foi o modelo aditivo de repetibilidade com matriz de parentesco completa (Modelo 166), dado pela Equação 1.

$$y = Xm + Za + Wp + e \quad (1)$$

onde y é o vetor de dados; m é o vetor dos efeitos de medição (fixos), somados à média geral; a é o vetor de efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios); p é o vetor de efeitos do ambiente permanente (aleatórios); e é o vetor de erros; X , Z e W são as matrizes de incidência para m , a e p , respectivamente (RESENDE, 2017).

A escolha de um modelo misto linear (resíduos com distribuição normal) em detrimento de um modelo misto generalizado, cujos resíduos seguem distribuição binomial, foi possível pois, ao testar o último não houve melhoria nos resultados. Quando se tem variáveis categóricas com mais de duas classes, ajustar um modelo com distribuição normal é mais adequado do que com distribuição binomial. Além disso, o REML/BLUP é um procedimento robusto à questão de normalidade dos dados e, mesmo os dados não seguindo distribuição normal, os resultados são confiáveis. Em relação aos efeitos genéticos considerados no modelo, testou-se o efeito de dominância e esse foi não significativo. Logo, pelo critério da parcimônia foi considerado apenas o efeito genético aditivo na análise.

A significância dos efeitos aleatórios do modelo (híbridos) foi avaliada por meio da análise de deviance (ANADEV) via teste da razão de verossimilhança (LTR), conforme recomendado por Viana e Resende (2014). Os híbridos foram classificados de acordo com os valores genotípicos ($u + a$) estimados pelo BLUP, e os 40 melhores híbridos (valores mais baixos) foram selecionados. O software Selegen-REML/BLUP foi utilizado para análise de deviance e predição de valores genéticos (RESENDE, 2016).

2.2 Avaliação de híbridos em condições de casa de vegetação

O Experimento II foi realizado em condições de casa de vegetação (temperatura de $26 \pm 6^\circ\text{C}$, fotoperíodo de 12 horas e umidade relativa média de 66%, na Embrapa Semiárido, Petrolina, Pernambuco, Brasil, no período de junho a julho de 2021.

Mudas foram preparadas a partir de plantas de videira do Campo Experimental de Bebedouro da Embrapa Semiárido. Dentre os genótipos de uvas sem sementes, resultantes de

cruzamentos realizados pela Embrapa Semiárido, foram escolhidos aleatoriamente dez genótipos (CPATSA 49.05, CPATSA 49.114, CPATSA 49.25, CPATSA 49.32, CPATSA 49.86, CPATSA63.108, CPATSA 64.83, CPATSA 67.24, CPATSA79.23 e CPATSA 79.49), avaliados no experimento anterior. Foram coletados ramos desses genótipos e, imediatamente após a coleta, os ramos foram reduzidos a bacelos, com 15 a 20 cm de comprimento, contendo três gemas e um diâmetro médio de 6 mm. Em seguida, os bacelos foram imersos verticalmente em uma lâmina de água de torneira de aproximadamente 10 cm, por 48 horas, para facilitar o enraizamento. Após este período, os bacelos foram levados para a casa de vegetação, com temperatura controlada, e plantados em sacos de polietileno (10 x 20 cm), contendo solo natural. Todas as plantas foram irrigadas diariamente.

O isolado Xcv de *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*, preservado em água destilada esterilizada (ADE), foi reativado e testado quanto à patogenicidade pelo método de picada na haste, em mudas da cultivar 'Red Globe' sadias, as quais foram mantidas em câmara úmida por 48 horas em casa de vegetação. O isolado utilizado pertence à Coleção do Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Semiárido.

O isolado foi multiplicado e mantido em meio NYDA (extrato de carne 3g, peptona 5g, glicose 10g, extrato de levedura 5g, ágar 18g L⁻¹ de água destilada), durante 48 horas a 28°C. Após dois dias de cultivo, as células bacterianas foram utilizadas para preparar a suspensão em água destilada esterilizada (ADE), e ajustada em espectrofotômetro para A₅₇₀ = 0.4, que corresponde a uma concentração de 10⁸ unidades formadoras de colônia (UFC) mL⁻¹ (PEIXOTO; MARIANO; VIANA, 2006).

A inoculação dos genótipos foi realizada por meio do método da picada com o auxílio de uma almofada contendo dois alfinetes entomológicos e deposição da suspensão bacteriana (MAJI; NATH, 2015). Os ferimentos foram realizados na porção intermediária do pecíolo e no terço superior da haste, onde se depositou 10 µL da suspensão utilizando um micropipetador de volume fixo. O ponto de inoculação foi coberto com chumaço de algodão umedecido e envolvido com papel alumínio (LIMA *et al.*, 1999). Após a inoculação, as plantas foram mantidas em câmara úmida por 48 horas para favorecer a infecção e, em seguida, em condições de casa de vegetação.

As plantas foram avaliadas diariamente, até 30 dias após a inoculação, registrando-se os seguintes parâmetros epidemiológicos: período de incubação da doença (PI); incidência da doença (I); área abaixo da curva de progresso da incidência da doença (AACPID), calculada com base nos valores de incidência; e severidade da doença (S).

O período de incubação, que representa o número de dias entre a inoculação e o surgimento da doença, foi calculado a partir de avaliações diárias no pecíolo da folha e na haste. Para o pecíolo, considerou-se o período de incubação médio quando 50% ou mais dos pecíolos das folhas de cada planta apresentavam sintomas, e para a haste, como é única, foi considerado apenas o número de dias para início dos sintomas em cada planta. A incidência de pecíolo ou haste com sintomas, foi calculada pela porcentagem de pecíolo ou haste com sintomas em relação ao total de pecíolo ou haste avaliados por planta. A área abaixo da curva do progresso da incidência da doença (AACPID) foi calculada pela expressão: $AACPID = \sum[(y_i + y_{i+1})/2] d_{ti}$, onde y_i e y_{i+1} representam os valores de incidência observados em duas avaliações consecutivas e d_{ti} o intervalo entre as avaliações (SHANER; FINNEY, 1977). A severidade foi avaliada por meio das áreas das lesões, consideradas um retângulo, aos trinta dias após inoculação

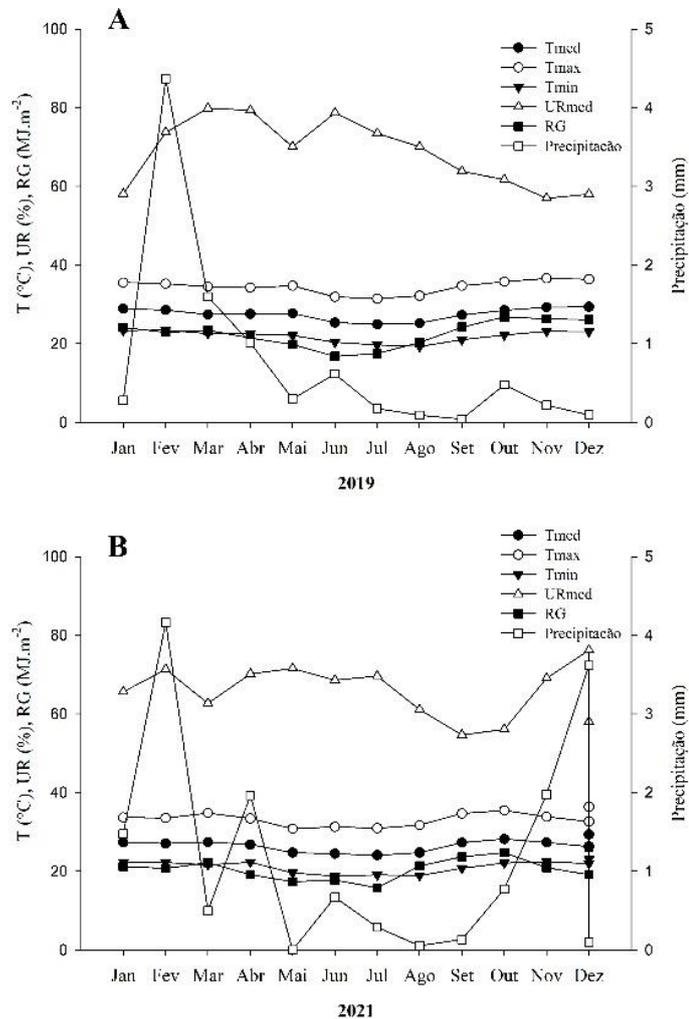
O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com 10 tratamentos (genótipos) e cinco repetições, sendo a unidade experimental representada por uma planta com seis meses de idade, onde foram avaliados quatro pecíolos e uma haste. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p \leq 0.05$). Os dados foram analisados com o software Statistical Analysis System (SAS®)

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Avaliação de híbridos em condições de campo

No período do experimento no campo, desde a poda até o fim das avaliações, as condições climáticas foram favoráveis ao surgimento do cancro bacteriano, conforme pode ser observado na Figura 1. Quando se trata de fitopatógenos, a sobrevivência em tecido infectado é comum e, quando as condições climáticas são favoráveis, eles se reproduzem e garantem o inóculo primário para novas epidemias (BATISTA *et al.*, 2015).

Figura 1 – Dados meteorológicos de precipitação (mm), temperatura média, mínima e máxima do ar (°C), umidade relativa (%) e radiação global (MJ m⁻²) para os anos de 2019 (A) e 2021 (B).



Fonte: Da autora (2022).

Durante o experimento, o índice acumulado e as ocorrências de precipitações pluviométricas foram um pouco superiores no ano de 2019 (352 mm), quando comparado ao de 2021 (313 mm), e conseqüentemente, 2019, apresentou maior umidade relativa média (76.99%) em relação ao ano de 2021 (68.26%). As temperaturas médias mensais variaram de 25 a 28.5°C e de 24.5 a 27°, nos anos de 2019 e de 2021, respectivamente. Períodos de alta precipitação pluviométrica, que promovem o aumento da umidade relativa do ar, e temperatura elevada ocorreram após a poda, estabelecendo um ambiente propício para o surgimento e aumento da intensidade do cancro bacteriano, uma vez que a bactéria coloniza com maior facilidade o tecido jovem. Além disso, a chuva favorece a disseminação do patógeno (NASCIMENTO; MARIANO, 2004).

Efeito significativo dos híbridos ($p < 0.01$) foi observado pela análise de deviance para os sintomas do cancro bacteriano em condições de campo (Experimento I). Isso indica existência de variabilidade na intensidade dos sintomas de cancro bacteriano entre os genótipos avaliados, em condições de ocorrência natural e, portanto, há possibilidade de obtenção de ganhos genéticos pela seleção de genótipos resistentes. Esses sintomas variaram de plantas assintomáticas a plantas com grandes lesões (cancros) nos ramos e nas folhas.

As estimativas de parâmetros genéticos são essenciais para orientar a correta seleção de indivíduos superiores. Ao particionar a variância fenotípica, observou-se menor contribuição da variância genética (0.07), representada pela variância aditiva, nos efeitos fenotípicos totais. Esses resultados corroboram com os de Amaral et al. (2020), que avaliaram uma população de híbridos interespecíficos de *Vitis* spp para resistência ao míldio e verificaram baixa contribuição da variância aditiva e Santos et al. (2018), que avaliaram a mesma população de híbridos para resistência ao nematoide das galhas (*Pratylenchus brachyurus*) e também verificou pequena participação da variação aditiva na composição da variância fenotípica. Por outro lado, Vivas et al. (2014) mencionaram que para severidade de mancha de phoma (*Stagonosporopsis caricae*) em folha de mamoeiro, a variância fenotípica foi explicada quase que absolutamente pela variância aditiva.

A contribuição do efeito ambiental permanente também foi baixa (0.005), ou seja, nenhuma condição ambiental afetou as plantas permanentemente em todas as medidas realizadas. Conseqüentemente, o coeficiente de determinação do ambiente permanente também foi baixo (0.005).

Por outro lado, observou-se alta estimativa de variância ambiental (0.79) influenciando a variância fenotípica, nos dois períodos avaliados. Em avaliação de progênies, altas estimativas de variância ambiental apontam que doenças de caráter poligênico são, em grande parte, influenciadas pelo ambiente (AMARAL et al., 2020). Isso demonstra que os fatores ambientais influenciaram fortemente a doença. As condições ambientais foram distintas nos dois anos avaliados, sendo a precipitação e a umidade relativa nos meses antecedentes a avaliação mais elevada, em 2019 (FIGURA 1), o que pode ter contribuído para o alto valor da variância ambiental. A presença de umidade associada a altas temperaturas é a condição climática ideal para o desenvolvimento da doença (NASCIMENTO; MARIANO, 2004). Além disso, a fonte inicial de inóculo do patógeno influencia a ocorrência de doenças em videiras (ALMANÇA et al. 2015).

Resultados semelhantes a esses foram encontrados por Amaral *et al.* (2020) que obtiveram altas estimativas de variância ambiental atuando na variância fenotípica para severidade do míldio em videira nas estações avaliadas. Altas estimativas de variância ambiental também foram obtidas por Gomes *et al.* (2017), que avaliou uma população de híbridos interespecíficos de *Psidium* spp. para resistência ao nematoide *Meloidogyne enterolobii*. Os resultados obtidos discordam daqueles de Santos *et al.* (2015) que avaliaram a resistência do maracujazeiro ao Cowpea aphid-borne mosaic virus e detectaram baixa variância ambiental relacionada, o que resultou em altos valores de herdabilidade. No entanto, essas estimativas variam de acordo com o patossistema envolvido e o delineamento experimental. A estimativa de herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) captura efeitos de variâncias genéticas aditivas. A herdabilidade individual no sentido restrito foi de baixa magnitude, como evidenciado pelas baixas estimativas de variâncias aditivas. A herdabilidade é um parâmetro genético importante, pois quantifica a fração da variação fenotípica herdável disponível para seleção (SANTOS *et al.*, 2019). Verificou-se que aproximadamente 7.9 % dos valores fenotípicos originaram de causas genéticas. Embora a estimativa de herdabilidade tenha sido considerada de baixa magnitude, ainda assim existe possibilidade de seleção (VIANA; RESENDE, 2014). Resultados de baixas herdabilidades individuais de sentido restrito foram verificadas por Santos *et al.* (2019) para características de resistência ao nematoide *Pratylenchus brachyurus* em *Vitis* spp. Pereira *et al.* (2013) selecionando cafeeiros para características agrônômicas e resistência a doenças, também observaram que as herdabilidades aditivas dentro de famílias foram baixas, sendo que a reação à ferrugem apresentou um maior valor (7,2%), podendo-se inferir que a seleção dentro de progênies é possível somente para essa variável. Em estudos que consideraram o efeito genético de dominância, as herdabilidades no sentido amplo foram mais altas do que as herdabilidades no sentido restrito (AMARAL *et al.*, 2020; SANTOS *et al.*, 2018).

Os componentes de média (BLUP individual), os ganhos genéticos e a nova média em híbridos de videira para resistência ao cancro bacteriano estão apresentados na Tabela 2. Dos 569 híbridos avaliados, os 40 melhores foram selecionados de acordo com os menores valores genéticos para os sintomas de cancro bacteriano, que corresponderam a 7% dos genótipos. Os dez genótipos mais resistentes em condições de campo foram CPATSA 18.04, CPATSA 18.05, CPATSA 49.72, CPATSA 49.34, CPATSA 49.25, CPATSA 49.264, CPATSA 49.92, CPATSA 49.90, CPATSA 49.89 e CPATSA 49.86 (Tabela 2).

Tabela 2 – Ranking dos 40 híbridos interespecíficos de *Vitis* spp. para resistência ao cancro bacteriano (*Xanthomonas campestris* pv. *viticola*), em que são previstos (a) efeitos aditivos, (u + a) valores médios ou genotípicos, ganho genético e novos valores médios ou genotípicos para sintomas de cancro. (continua)

Rk	Híbrido	a	u+a	Ganho	Nova média
1	CPATSA 18.04	-0,4697	1,9740	-0,0228	2,4209
2	CPATSA 18.05	-0,4301	2,0136	-0,0220	2,4217
3	CPATSA 49.72	-0,3701	2,0736	-0,0213	2,4224
4	CPATSA 49.34	-0,3701	2,0736	-0,0207	2,4230
5	CPATSA 49.25	-0,3701	2,0736	-0,0201	2,4236
6	CPATSA 49.264	-0,3701	2,0736	-0,0195	2,4242
7	CPATSA 49.92	-0,3305	2,1132	-0,0189	2,4248
8	CPATSA 49.90	-0,3305	2,1132	-0,0183	2,4253
9	CPATSA 49.89	-0,3305	2,1132	-0,0178	2,4259
10	CPATSA 49.86	-0,3305	2,1132	-0,0173	2,4264
11	CPATSA 49.85	-0,3305	2,1132	-0,0167	2,4269
12	CPATSA 49.84	-0,3305	2,1132	-0,0162	2,4275
13	CPATSA 49.79	-0,3305	2,1132	-0,0156	2,4280
14	CPATSA 49.76	-0,3305	2,1132	-0,0151	2,4286
15	CPATSA 49.71	-0,3305	2,1132	-0,0145	2,4291
16	CPATSA 49.69	-0,3305	2,1132	-0,0140	2,4297
17	CPATSA 49.58	-0,3305	2,1132	-0,0134	2,4302
18	CPATSA 49.55	-0,3305	2,1132	-0,0129	2,4308
19	CPATSA 49.49	-0,3305	2,1132	-0,0123	2,4314
20	CPATSA 49.46	-0,3305	2,1132	-0,0117	2,4319
21	CPATSA 49.42	-0,3305	2,1132	-0,0112	2,4325
22	CPATSA 49.40	-0,3305	2,1132	-0,0106	2,4331
23	CPATSA 49.39	-0,3305	2,1132	-0,0100	2,4336
24	CPATSA 49.38	-0,3305	2,1132	-0,0095	2,4342
25	CPATSA 49.33	-0,3305	2,1132	-0,0089	2,4348
26	CPATSA 49.20	-0,3305	2,1132	-0,0083	2,4353
27	CPATSA 49.19	-0,3305	2,1132	-0,0077	2,4359
28	CPATSA 49.14	-0,3305	2,1132	-0,0072	2,4365
29	CPATSA 49.12	-0,3305	2,1132	-0,0066	2,4371
30	CPATSA 49.253	-0,3305	2,1132	-0,0060	2,4377
31	CPATSA 49.250	-0,3305	2,1132	-0,0054	2,4382
32	CPATSA 49.242	-0,3305	2,1132	-0,0048	2,4388
33	CPATSA 49.240	-0,3305	2,1132	-0,0042	2,4394
34	CPATSA 49.235	-0,3305	2,1132	-0,0036	2,4400
35	CPATSA 49.230	-0,3305	2,1132	-0,0031	2,4406
36	CPATSA 49.221	-0,3305	2,1132	-0,0025	2,4412
37	CPATSA 49.201	-0,3305	2,1132	-0,0019	2,4418

Tabela 2 – Ranking dos 40 híbridos interespecíficos de *Vitis* spp. para resistência ao cancro bacteriano (*Xanthomonas campestris* pv. *viticola*), em que são previstos (a) efeitos aditivos, (u + a) valores médios ou genotípicos, ganho genético e novos valores médios ou genotípicos para sintomas de cancro. (conclusão)

Rk	Híbrido	a	u+a	Ganho	Nova média
38	CPATSA 49.200	-0,3305	2,1132	-0,0013	2,4424
39	CPATSA 49.198	-0,3305	2,1132	-0,0007	2,4430
40	CPATSA 49.197	-0,3305	2,1132	-0,0001	2,4436

Fonte: Da autora (2022).

Todos os quarenta híbridos selecionados apresentaram ganhos negativos, isto é, foi possível selecionar genótipos com menor valor para o sintoma do cancro bacteriano. Os híbridos selecionados também apresentaram valores negativos para os efeitos genéticos preditos, ou seja, tenderam a contribuir para a redução da intensidade de cancro bacteriano nas novas gerações. Ressalta-se que a seleção a partir do efeito genético aditivo facilita a obtenção de plantas superiores (VIVAS *et al.*, 2014).

Esses resultados corroboram com os encontrados por Vivas *et al* (2014) que obtiveram valores de efeitos genéticos aditivos desejáveis (negativos) ao avaliar genótipos de mamoeiro para resistência a mancha de phoma. Santos *et al.* (2019), por sua vez, selecionaram indivíduos de videira para resistência ao nematoide com menores valores genotípicos, com ganhos previstos abaixo de 1%.

O progresso dos programas de melhoramento genético é significativamente influenciado pela seleção dos melhores genótipos que constituirão as próximas gerações (AMARAL *et al.*, 2020). Portanto, pode-se inferir que dentro das estimativas de seleção de genótipos obtidas pelo BLUP, os valores genotípicos são de grande relevância para seleção de genótipos.

Assim, de acordo com os parâmetros estimados e considerando os menores valores genéticos preditos e os ganhos negativos, recomenda-se que os genótipos selecionados avancem para a próxima etapa de seleção para resistência em condições controladas para confirmar a resistência genética. Além de considerar a avaliação das características agronômicas e comerciais visando o desenvolvimento de novas cultivares de uvas de mesa sem sementes resistentes ao cancro bacteriano e adaptadas ao semiárido brasileiro.

3.2 Avaliação de híbridos em condições de casa de vegetação

No Experimento II, as plantas de todos os híbridos de videira apresentaram sintomas do cancro bacteriano. Foram constatadas diferenças significativas ($p < 0.05$) entre os genótipos

para os diferentes componentes epidemiológicos, exceto para a incidência da doença aos 30 dias após inoculação, pois tanto a haste quanto o caule apresentaram 100% de incidência 19 dias após inoculação (TABELA 3).

Tabela 3 - Reação de genótipos de videira a *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*, baseada nos componentes epidemiológicos do cancro bacteriano, em condições de casa de vegetação.

Híbrido	PI _h (dias)	SEV _h (mm ²)	AACPID _h	PI _p (dias)	SEV _p (mm ²)	AACPID _p
CPATSA 49.05	6.8 d	2.92 c	1370.0 a	6.2 d	3.94 cd	1390.0 a
CPATSA 49.25	16.8 a	2.47 c	390.0 e	12.4 ab	3.02 cd	647.5 c
CPATSA 49.32	13.2 ab	4.08 bc	740.0 de	10.0 bc	4.10 cd	882.5 bc
CPATSA 49.86	14.0 ab	2.87 c	650.0 de	14.4 a	3.87 cd	620.0 c
CPATSA 49.114	10.2 bc	3.33 bc	1030.0 abcd	10.8 bc	2.93 cd	942.5 bc
CPATSA 63.108	11.0 bc	4.89 abc	880.0 cd	11.8 ab	5.54 bc	845.0 bc
CPATSA 64.83	8.0 cd	2.39 c	1260.0 abc	8.8 bc	1.74 d	1100.0 ab
CPATSA 67.24	12.0 bc	2.27 c	900.0 bcd	11.6 ab	2.05 d	872.5 bc
CPATSA 79.23	7.4 d	7.35 a	1310.0 a	6.8 cd	11.13 a	1310.0 a
CPATSA 79.49	6.8 d	6.50 ab	1270.0 abc	6.8 cd	8.86 ab	1330.0 a

h: haste da planta; p: pecíolo da folha; PI: período de incubação da doença; SEV: severidade da doença aos 30 dias após a inoculação; AACPID: área abaixo da curva do progresso da incidência da doença. Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem significativamente entre si ($p \geq 0.05$) pelo teste de Tukey.

Fonte: Da autora (2022).

O período de incubação reflete a susceptibilidade do genótipo ao patógeno. O maior período de incubação da doença na haste foi para o genótipo CPATSA 49.25 (16.8 dias), o qual não diferiu estatisticamente dos genótipos CPATSA 49.86 e CPATSA 49.32; no pecíolo, foi para o genótipo CPATSA 49.86 (14.4 dias), que foi estatisticamente igual aos genótipos CPATSA 49.25, CPATSA 63.108, CPATSA 67.24; indicando que esses híbridos apresentam menor susceptibilidade ao cancro bacteriano. Os híbridos CPATSA 49.25 e CPATSA 49.86 possuem os maiores valores do período de incubação da doença tanto na haste como no pecíolo.

Kamble *et al.* (2019) verificaram sintomas em ‘Thompson seedless’ três dias após inoculação por meio de infiltração. Nayudu (1972) constatou período de incubação de seis dias em ‘Anab-e-Shahi’ com inoculação foliar. Para a cultivar ‘Red Globe’, foi observado período de incubação em torno de doze dias, sendo a inoculação na folha e no pecíolo (LIMA *et al.*, 1999). Em contrapartida, Zucal *et al.* (2016) observaram período de incubação em torno de 25 dias em ‘Ugni Blanc’, ‘Petit Verdot’, ‘BRS Cora’, ‘Moscatto’ e ‘Paulistinha’, ‘Liberty’. ‘Isabel’ e ‘Paulsen 1103’ apresentaram sintomas somente 39 dias após inoculação (NASCIMENTO *et al.*, 2009). A variação no tempo de aparecimento da doença pode estar relacionada às diferentes

constituições genótípicas dos materiais, ou seja, cultivares suscetíveis tendem a reduzir este período, mas também pode ser afetado pelo método de inoculação utilizado, ponto de inoculação, concentração da suspensão bacteriana, agressividade do isolado inoculado, temperatura, umidade do ar, idade da planta, método e ponto de inoculação (KONG *et al.*, 2008). Diferenças no período de incubação refletem diferenças na taxa de crescimento do patógeno no hospedeiro e, conseqüentemente, na taxa de progresso da epidemia, sendo um importante componente de resistência (PARLEVLIET, 1979).

Em relação à severidade da doença, aos 30 dias após inoculação, os genótipos que apresentaram as menores lesões na haste foram CPATSA 67.24, CPATSA 64.83, CPATSA 49.25, CPATSA 49.86 e CPATSA 49.05, variando de 2.27 mm² a 2.92 mm²; e no pecíolo foram CPATSA 64.83, CPATSA 67.24, CPATSA 49.05, CPATSA 49.25, CPATSA 49.32, CPATSA 49.86 e CPATSA 49.114, variando de 1.74 mm² a 4.10 mm². Malavolta *et al.* (2003), em inoculação por infiltração foliar, observaram baixos níveis de severidade da doença em clones ‘Niágara branca’ (*V. labrusca* x *V. vinifera*) e ‘Niágara rosada’ (mutação natural de Niágara branca), supondo que a resistência destes híbridos tenha vindo de *V. labrusca*, cujo genótipo deve conter os genes para esta característica. Nascimento *et al.* (2006), utilizando o método de inoculação fricção com gaze em folha, observou que ‘Paulsen 1103’ e ‘Isabel’ apresentaram menor severidade aos 42 dias após a inoculação. Utilizando o mesmo método de fricção com gaze, verificou-se baixa severidade para cultivar ‘BRS Cora’ (0.04%) (ZUCAL *et al.*, 2016).

Plantas de ‘Red Globe’ inoculadas nos pecíolos apresentaram necrose, lesões escuras e pequenos cancrios causando fissuras longitudinais a partir do ponto de inoculação, sendo que vinte e cinco dias após a inoculação, as lesões variaram de 5 a 26 mm e a necrose circundou mais de 50% das hastes (LIMA *et al.*, 1999). Malavolta *et al.* (2003), em inoculação por infiltração foliar, identificaram elevada severidade do cancro bacteriano nos clones ‘Red Globe’, ‘Itália’, ‘Benitaka’ e ‘Rubi’, todas pertencentes à espécie *V. vinifera*. Nascimento *et al.* (2006), utilizando o método de inoculação fricção com gaze em folha, observou que a severidade, aos 42 dias após a inoculação, variou de 0,08 a 23,24%, sendo que os clones Benitaka, Brasil, Catalunha e Thompson Seedless, apresentaram elevada severidade da doença. Zucal *et al.* (2016), utilizando o mesmo método, encontrou a severidade do cancro na folha variando de 0.04% a 10.85%, sendo que ‘Red Globe’ e ‘Itália melhorada’ apresentaram maiores valores de severidade.

Pode-se inferir que os híbridos com menores lesões apresentam maior resistência à colonização, enquanto que os híbridos com maiores lesões possuem menor resistência à

colonização. Relacionando os genótipos que apresentaram menores lesões da haste e no pecíolo, verificou-se que há cinco híbridos em comum (CPATSA 49.25, CPATSA 49.86, CPATSA 49.05, CPATSA 67.24 e CPATSA 64.83).

A área abaixo da curva do progresso da incidência da doença representa a proporção de órgãos da planta com sintomas em relação ao total, sem levar em conta a quantidade da doença em cada planta. Quando calculada a área abaixo da curva do progresso da incidência da doença na haste, os genótipos que se destacaram com menores valores foram CPATSA 49.25, CPATSA 49.32 e CPATSA 49.86. A área abaixo da curva do progresso da incidência da doença no pecíolo foi menor para os genótipos CPATSA 49.86 (620) e CPATSA 49.25 (647). Na comparação entre genótipos que apresentaram menor área abaixo da curva do progresso da incidência da doença na haste e pecíolo, dois deles foram comuns (CPATSA 49.25 e CPATSA 49.86).

Em estudo buscando encontrar fontes de resistência ao cancro bacteriano em videiras foi observado que, em condições de campo, *Vitis vinifera* foi altamente suscetível, enquanto que *Vitis labrusca* apresentou certa resistência, mas após inoculação artificial tornou-se 'moderadamente resistente'. Além disso, entre as cultivares *Vitis vinifera*, as sem sementes foram altamente suscetíveis em relação às que possuíam sementes. Observou-se ainda que cultivares sem sementes e coloridas apresentaram maior susceptibilidade quando comparadas às cultivares sem sementes e brancas (CHAND, 1992). Kamble *et al.* (2017) verificou que em todo o germoplasma de *Vitis* spp. estudados, 90% dos genótipos com sementes e pigmentados eram resistentes e 86% dos genótipos sem sementes e brancos eram altamente suscetíveis. Segundo Chand (1992), o mecanismo exato de suscetibilidade em cultivares sem sementes não é conhecido, mas é possível dizer que as características de resistência estão ligadas à presença ou ausência de semente.

Em todos os parâmetros epidemiológicos avaliados os híbridos CPATSA 49.25 e CPATSA 49.86 demonstraram maior resistência ao cancro bacteriano, enquanto que os híbridos CPATSA 79.23 e CPATSA 79.49 evidenciaram maior susceptibilidade a essa doença (APÊNCIDE C). A maior resistência dos híbridos CPATSA 49.25 e CPATSA 49.86 verificada neste experimento, confirmam os resultados obtidos no Experimento I com a seleção de híbridos em campo, no qual os híbridos CPATSA 49.25 e CPATSA 49.86 estão entre os 40 híbridos que se destacaram pela maior resistência ao cancro bacteriano da videira em condições de campo.

Os dois híbridos selecionados são oriundos do cruzamento entre Júpiter e Marroo e são uva de mesa sem semente ou com traços pequenos de sementes. O híbrido CPATSA 49.25 é uma uva de mesa vermelha, tamanho natural da baga 17mm x 14 mm, e baga com consistência carnosa e sabor neutro. O híbrido CPATSA 49.86 é uma uva de mesa verde, tamanho natural da baga 16mm x 13 mm e baga com consistência crocante e sabor neutro (APÊNDICE D).

4 CONCLUSÃO

A análise pelo método REML/BLUP e o modelo apresentado são adequados para a seleção de genótipos de videira com resistência a *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. Portanto, os quarenta híbridos selecionados neste estudo poderão avançar para a próxima etapa do programa de melhoramento da videira.

Os híbridos sem semente CPATSA 49.25 e CPATSA 49.86 apresentam-se como resistentes ao cancro bacteriano em condições de casa de vegetação e campo.

REFERÊNCIAS

- ALMANÇA, M. A. K.; LERIN, S.; CAVALCANTI, F. R. Doenças da videira. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 36, n. 289, p.7-12, 2015.
- AMARAL, B. D. *et al.* Prospecting for resistance of interspecific hybrids of *Vitis* spp. to *Plasmopara viticola*. **Euphytica**, v. 216, n. 68, p. 1-14, 2020.
- BATISTA, D. C. *et al.* Dinâmica de inóculos e doenças em videira sob sistema convencional e protegido. **Revista Caatinga, Mossoró**, v. 28, n. 2, p. 256 – 262, 2015.
- BRASIL. Ministério da agricultura, pecuária e abastecimento/Secretaria de defesa agropecuária. **Instrução Normativa Nº 38, de 1º de outubro de 2018**. Disponível em: http://www.in.gov.br/materia/-/asset_publisher/Kujrw0TZC2Mb/content/id/43461167/do1-2018-10-02-instrucao-normativa-n-38-de-1-de-outubrode-2018-43461024. Acesso em: 15 dez. 2021.
- CHAND, R. Sources of resistance to grapevine bacterial canker disease in *Vitis*. **Indian Institute of Horticultural Research**, Bangalore, v. 31, n. 2, p.83-86, 1992.
- CUNHA, T. J. F. *et al.* **Solos do Submédio do Vale do São Francisco**: potencialidades e limitações para o uso agrícola. Petrolina: Embrapa Semiárido, v. 211, 2008, 60 p.
- FERREIRA, M. A. S. V. *et al.* *Xanthomonas citri* pv. *viticola* affecting grapevine in Brazil: Emergence of a successful monomorphic pathogen. **Front Plant Science**, v. 10, n. 489, p. 1-8, 2019.
- GAMA, M. A. S. *et al.* Taxonomic Repositioning of *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* (Nayudu 1972) Dye 1978 as *Xanthomonas citri* pv. *viticola* (Nayudu 1972) Dye 1978 comb. nov. and Emendation of the Description of *Xanthomonas citri* pv. *anacardii* to Include Pigmented Isolates Pathogenic to Cashew Plant. **Phytopathology**, St. Paul, v. 108, n. 10, p. 1143-1153, 2018.
- GOMES, V. M. *et al.* Inheritance of resistance to *Meloidogyne enterolobii* and individual selection in segregating populations of *Psidium* spp. **European Journal of Plant Pathology**, v. 148, n. 3, p. 699-708, 2017.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, p.423-447, 1975.
- KAMBLE, A. K. *et al.* Screening of Grapevine Germplasm to Identify Sources of Resistance to Bacterial Leaf Spot Causing *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **International Journal of Agriculture Innovations and Research**, Akola, v. 5, n. 5, p. 2319-1473, 2017.
- KAMBLE, A. K. *et al.* Characterization of *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* causing bacterial leaf spot of grapes in Maharashtra, India. **Journal of Environmental Biology**, v. 40, n. 6, p. 1145-1150, 2019.

- KONG, G. A. *et al.* Components of quantitative resistance in sunflower to *Alternaria helianthi*. **Annals of Applied Biology**, v. 130, n. 3, p. 439-451, 2008.
- LIMA, M.F. *et al.* Bacterial canker of grapevine in Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.24, n.3, p.440-443, 1999.
- LIMA, N. B. *et al.* Complete Genome Sequence of *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* Strain CCRMXCV 80 from Brazil. **Genome Announcements**, Washington, v. 5, n. 46, p. 1-2, 2017.
- MAJI, A.; NATH, R. Pathogenicity test by using different inoculation methods on *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* caused of black rot of cabbage. **International Journal of Research in Applied, Natural and Social Sciences**, v. 3, p. 53-58, 2015.
- MALAVOLTA JÚNIOR, V. A. *et al.* Resistência de variedades de videira a *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **Arquivos do Instituto Biológico**, São Paulo, v. 70, n. 3, p. 373-376, 2003.
- NASCIMENTO, A. R. P. *et al.* Reação de clones de videira a *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*, baseada nos componentes epidemiológicos do cancro bacteriano. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 1, p. 1-7, 2006
- NASCIMENTO, A. R. P.; MARIANO, R. L. R. Cancro bacteriano da videira: etiologia, epidemiologia e medidas de controle, **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 1, p. 301-07, 2004.
- NAUE, C. R. *et al.* *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* on grapevine cutting tools and water: Survival and disinfection, **Journal of Plant Pathology**, Portici, v. 96, n. 3, p. 451-458, 2014.
- NAYUDU, M.V. *Pseudomonas viticola* sp. nov., incitant of a new bacterial disease of grape vine. **Phytopathologische Zeitschrift**, Berlin, v.73, p.183-186, 1972.
- PARLEVLIET, J.E. Components of resistance that reduce the rate of epidemic development. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v.17, n. 1, p.203-222, 1979.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal, **Biometrika**, v.58, n. 3, p.545-554, 1971.
- PEIXOTO, A. R. *et al.* Hospedeiros alternativos de *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 2, p. 161-164, 2007.
- PEIXOTO, A. R.; MARIANO, R. L. R.; VIANA, I. O. Meio semi-seletivo para isolamento de *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **Ciência Rural**, v. 36, n. 4, p. 1317-1320, 2006.
- RESENDE, M. D. V. **Sistema estatístico e seleção genética computadorizada**: manual complementar do Selegen REML/BLUP. Viçosa: Embrapa, 2017.
- RODRIGUES NETO, J. *et al.* Grapevine bacterial canker in the State of São Paulo, Brazil: detection and eradication. **Tropical Plant Pathology**, Viçosa, v. 36, n. 1, p. 42-44, 2011.

- SANTOS, E. A. Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from in interspecific *Passiflora* spp. crossing. **Euphytica**, v. 204, n. 1, p. 1-11, 2015.
- SANTOS, P. R. *et al* Clonal selection in interspecific *Vitis* spp. hybrids resistant to the root-lesion nematode *Pratylenchus brachyurus* by REML/ BLUP. **Fruits**, v. 73, n. 3, p. 191-197, 2018.
- SANTOS, M. M. *et al*. Identificação de potenciais plantas hospedeiras alternativas de *Xanthomonas campestris* pv. *viticola*. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 4, p. 595-598, 2014.
- SANTOS, P. R. D. *et al*. Resistance to *Pratylenchus brachyurus* in *Vitis* species population through multivariate approaches and mixed models. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 76, n. 5, p. 424-433, 2019.
- SHANER, G.; FINNEY, R.E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in knox wheat. **Phytopathology**, St. Paul, v.67, n.8, p.1051-1056, 1977.
- Silva, A. M. F. *et al*. Sobrevivência de *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* em tecido infectado de videira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 34, n. 3, p. 757-765, 2012.
- TOSTES, G. de O. *et al*. Detection and cellular localization of *Xanthomonas campestris* pv. *viticola* in seeds of commercial “Red Globe” grapes. **Tropical Plant Pathology**, Viçosa, v. 39, n. 2, p. 134-140, 2014.
- VIANA, A. P.; RESENDE, M. D. V. Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras. Rio de Janeiro: Interciência, 2014. 296 p.
- VIVAS, M. *et al*. Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. **Bragantia**, Campinas, v. 73, n. 4, p. 446-450, 2014.
- ZUCAL, M. P. M. *et al* Reação de genótipos de videira ao cancro bacteriano. **Interciência**, v. 41, n. 9, p. 639-645, 2016.

ARTIGO 4 REAÇÃO DE HÍBRIDOS DE UVA SEM SEMENTE AO MÍLDIO DA VIDEIRA

RESUMO

O míldio da videira, causado pelo fungo *Plasmopara viticola* (Berk. & Curt) Berl. & de Toni, é uma doença de grande impacto econômico no cultivo da videira. O objetivo do estudo foi avaliar a intensidade do míldio em híbridos de videira sem semente, a partir de infecção natural e de infecção artificial, em condições de casa de vegetação. Foram realizados dois experimentos, o primeiro através de infecção natural a partir do contato com plantas doentes, e o segundo por meio de infecção artificial por pulverização de uma suspensão de esporos com concentração de 10^5 conídios mL^{-1} . Foram avaliados 15 híbridos de uva sem semente em ambos os experimentos, sendo a cultivar 'Thompson Seedless' o padrão de susceptibilidade. As variáveis avaliadas foram incidência final, severidade final, área abaixo da curva do progresso da incidência da doença e área abaixo da curva do progresso da severidade da doença. Todos os genótipos avaliados apresentaram sintomas de míldio. O genótipo CPATSA 28.14 apresentou os menores valores de severidade, incidência, área abaixo da curva do progresso da severidade da doença e área abaixo da curva do progresso da incidência da doença, em ambos os experimentos. Portanto, foi identificado com maior resistência ao míldio da videira. O agrupamento pelo método UPGMA permitiu a separação dos genótipos em três e dois grupos de similaridade, nos experimentos I e II, respectivamente.

Palavras-chave: *Vitis* spp, *Plasmopara viticola* L. Componentes epidemiológicos. Análise multivariada. Incidência. Severidade.

REACTION OF SEEDLESS GRAPE HYBRIDS TO GRAPEVINE DOWNY MILDEW

ABSTRACT

Grapevine downy mildew, caused by the fungus *Plasmopara viticola* (Berk. & Curt) Berl. & de Toni, is a disease of great economic impact on grapevine cultivation. The objective of the study was to evaluate the intensity of downy mildew in seedless grapevine hybrids, from natural infection and artificial infection, under greenhouse conditions. Two experiments were carried out, the first through natural infection from contact with diseased plants, and the second through artificial infection by spraying a spore suspension with a concentration of 10^5 conidia mL^{-1} . Fifteen seedless grape hybrids were evaluated in both experiments, with the cultivar 'Thompson Seedless' being the susceptibility standard. The variables evaluated were final incidence, final severity, area under the disease incidence progress curve and area under the disease severity progress curve. All genotypes evaluated showed symptoms of downy mildew. The CPATSA 28.14 genotype showed the lowest values of severity, incidence, area under the disease severity progress curve and area under the disease incidence progress curve, in both experiments. Therefore, it was identified with greater resistance to vine downy mildew. The

clustering by the UPGMA method allowed the genotypes to be separated into three and two similarity groups, in experiments I and II, respectively.

Keywords: *Vitis* spp. *Plasmopara viticola* L. Epidemiological componentes. Multivariate analysis. Incidence. Severity.

1 INTRODUÇÃO

A viticultura apresenta uma grande relevância socioeconômica para o Brasil. A uva é a terceira fruta mais produzida no país e ocupa uma área em torno de 7,5 mil de hectares, com produtividade média de 22,9 t/ha e produção anual de cerca de 1,7 milhões de toneladas, que corresponde a um valor estimado de 3,6 bilhões de reais (IBGE, 2022). O Brasil possui a peculiaridade de ser o único país onde se encontram os três tipos de viticultura (temperada, subtropical e tropical), associadas à diferentes condições edafoclimáticas e manejos da videira (PEREIRA, 2020; SILVA *et al.*, 2019).

Algumas condições climáticas favorecem o surgimento de doenças, que se não controladas adequadamente, leva à redução da produtividade nos vinhedos. Dentre as doenças da videira, o míldio é considerado uma das principais doenças da viticultura brasileira, com ocorrência em todos os estados (BUONASSISI *et al.*, 2017; AMARAL *et al.*, 2020), além de ser a mais significativa economicamente em todo o mundo, devido ao seu alto poder de devastação (ATTAK *et al.*, 2017).

O míldio da videira tem como agente causal o oomiceto biotrófico obrigatório *Plasmopora viticola* (Berk. & Curt) Berl. & de Toni. Este fitopatógeno foi relatado como uma espécie complexa (ROUXEL *et al.*, 2013), sendo capaz de danificar caules, folhas, ramos herbáceos, inflorescências e frutos, afetando a qualidade e o rendimento (AMARAL *et al.*, 2020), podendo causar até 100% de perdas na produção e impactar na produção dos anos seguintes (ANGELIOTTI *et al.*, 2017). Alta umidade do ar, temperaturas entre 20° e 25°C e água livre na folha são condições ótimas para o desenvolvimento da doença (ATTAK *et al.* 2017).

Os sintomas iniciais do míldio são caracterizados por manchas irregulares amareladas e com aparência oleosa na superfície adaxial da folha, que evoluem em manchas marrons ou necróticas causando morte dos tecidos infectados (YIN *et al.*, 2017). Sob condições climáticas favoráveis, as estruturas reprodutivas do patógeno de aparência branco cotonosa cobrem a maior parte face abaxial da folha e também podem surgir nos brotos e ponteiros que se tornam curvos e grossos quando infectados (BUFFARA *et al.*, 2014). Os sintomas nos cachos são

bagas acinzentadas e com crescimento fúngico na sua superfície (YIN *et al.*, 2017; BUFFARA *et al.*, 2014).

A avaliação da incidência e severidade da doença é uma decisão importante na adoção de medidas de controle. A atual estratégia de controle do míldio da videira baseia-se em tratamentos químicos. Repetidas aplicações de fungicidas são realizadas para controle da doença, levando à poluição ambiental, desenvolvimento de cepas resistentes, toxicidade residual e pressão do patógeno (BUONASSISI *et al.*, 2017).

Muito esforço tem sido focado em melhorar a resistência de videiras suscetíveis, e as espécies de videiras selvagens resistentes são importantes para o melhoramento de germoplasma de cultivares comerciais (MA *et al.*, 2018). Diversos estudos mostram que os genótipos de *Vitis labrusca* exibem um grau de resistência, ao míldio, geralmente mais elevado do que as cultivares de *Vitis vinifera*. No entanto o nível de resistência pode variar de cultivar para cultivar (ATAK *et al.*, 2017).

A utilização de genótipos de videiras resistentes, obtidas por meio de programas de melhoramento, representa uma alternativa para o controle do míldio da videira, com baixo custo para o produtor e que pode ser amplamente utilizada, embora esta abordagem esteja condicionada pelos limites da resistência natural (BUONASSISI *et al.*, 2017). Nesse sentido, o objetivo do estudo foi avaliar a intensidade do míldio em híbridos de videira sem semente, a partir de infecção natural e de infecção artificial, em condições de casa de vegetação.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material vegetal

Foram avaliados 15 genótipos de uvas sem sementes resultantes de cruzamentos realizados na Embrapa Semiárido (TABELA 1) e a cultivar de *Vitis vinifera* ‘Thompson seedless’ como padrão de suscetibilidade.

Tabela 1 – Genótipos de uvas sem sementes avaliados em condições de casa de vegetação.

Genótipos de uvas sem sementes	
CPATSA 79.23	CPATSA 42.49
CPATSA 28.14	CPATSA 49.32
CPATSA 51.01	CPATSA 49.25
CPATSA 49.114	CPATSA 63.114
CPATSA 79.49	CPATSA 65.04
CPATSA 67.24	CPATSA 64.83
CPATSA 49.05	CPATSA 63.108
CPATSA 49.86	‘Thompson seedless’

Fonte: Da autora (2022).

Mudas de cada genótipo e de ‘Thompson Seedless’ foram cultivadas em sacos de polietileno contendo mistura de solo natural e areia (3:1 v:v), em condições de casa de vegetação ($27,5 \pm 8^\circ\text{C}$, fotoperíodo de 12 horas e umidade relativa média de 65%, na Embrapa Semiárido, Petrolina, Pernambuco, Brasil. As regas ocorreram diariamente com utilização de mangueira, molhando apenas o solo.

2.2 Avaliação da resistência sob infecção natural em casa de vegetação

Para ocorrência de infecção natural, mudas de videira com sintomas de míldio foram colocadas, aleatoriamente, entre o material a ser avaliado, em uma câmara úmida conjunta, por 48 horas.

As avaliações de severidade e incidência da doença foram realizadas a cada três dias, após a retirada da câmara úmida até dezessete dias totalizando cinco avaliações. A incidência da doença foi calculada pela porcentagem de folhas com sintomas em relação ao total de folhas avaliadas por planta. A severidade da doença foi quantificada através de porcentagem de área foliar doente utilizando escala diagramática (BUFFARA *et al.*, 2014). A área abaixo da curva do progresso da incidência da doença (AACPID) e área abaixo da curva do progresso da severidade da doença (AACPSD) foram calculadas pela expressão: $AACPD = \sum[(y_i + y_{i+1})/2] d_{ti}$, onde y_i e y_{i+1} representam os valores de incidência observados em duas avaliações consecutivas e d_{ti} o intervalo entre as avaliações (SHANER; FINNEY, 1977).

O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com 16 tratamentos (genótipos) e cinco repetições (plantas/genótipo), sendo avaliadas quatro folhas por planta.

2.3 Avaliação da resistência sob infecção artificial em casa de vegetação

Plantas com infecção ativa de míldio nas folhas foram cultivadas em casa de vegetação para preparo do inóculo. Folhas contendo esporos (esporangiósporos) do patógeno foram levadas ao laboratório e, com o auxílio de um pincel, os esporos foram retirados e depositados em um Becker com água destilada esterilizada. A contagem de esporos foi realizada em Câmara de Neubauer e a suspensão ajustada para a concentração de 10^5 conídios mL^{-1} e adicionado Tween 80 (0,05%).

Mudas sadias foram inoculadas por meio de pulverização das folhas até o ponto de escorrimento utilizando um pulverizador DeVilbiss. Após a inoculação, as plantas foram mantidas em câmara úmida por 48 horas. Três dias após a retirada da câmara úmida, as avaliações tiveram início conforme descrito anteriormente.

O delineamento experimental foi o mesmo utilizado anteriormente.

2.4 Análise estatística

Os experimentos foram analisados separadamente. Análises univariada e multivariada foram realizadas. Na análise univariada, os dados foram transformados em $(x)^{0.5}$ e submetidos à análise de variância, sendo as médias comparadas pelo teste de agrupamento de Scott-Knott ($p < 0.05$) utilizando o software SISVAR. Na análise multivariada, considerando todos os parâmetros epidemiológicos avaliados, adotou-se a distância euclidiana como medida de dissimilaridade e o método de agrupamento hierárquico UPGMA (agrupamento aos pares pela média aritmética não ponderada), no qual os grupos são unidos com base na distância média entre os genótipos, utilizando o software PAST

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A ocorrência de míldio da videira foi observada em todos os híbridos de uva sem semente avaliados, no entanto com diferentes níveis de incidência e severidade. Foram verificadas diferenças significativas ($p < 0.05$) entre os genótipos para os quatro componentes epidemiológicos: severidade final (SF), incidência final (IF), AACPSD e AACPID, em ambos os experimentos.

Em todos os componentes epidemiológicos os genótipos foram distribuídos em dois grupos de similaridade, exceto para a AACIPD do primeiro experimento, em que os genótipos foram separados em três grupos, pelo teste de agrupamento Scott-knott (TABELAS 2 e 3).

Tabela 2 – Reação de genótipos de videira sem semente à infecção natural por *Plasmopara viticola*, baseada nos componentes epidemiológicos do míldio, em condições de casa de vegetação.

Híbrido	SF (%)	IF (%)	AACPSD	AACIPD
CPATSA 28.14	0.33 a	20 a	0.50 a	30 a
CPATSA 42.49	12.73 a	80 b	58.30 a	440 b
CPATSA 49.05	13.47 b	60 a	133.10 b	630 c
CPATSA 49.114	24.73 b	100 b	226.90 b	1140 c
CPATSA 49.25	15.67 b	93 b	103.50 b	960 c
CPATSA 49.32	5.27 a	47 a	49.70 a	490 b
CPATSA 49.86	8.33 a	93 b	27.70 a	320 b
CPATSA 51.01	19.60 b	100 b	133.70 b	1070 c
CPATSA 63.108	7.80 a	80 b	77.10 a	680 c
CPATSA 63.114	4.47 a	60 a	22.10 a	310 b
CPATSA 64.83	9.73 a	87 b	61.00 a	610 c
CPATSA 65.04	9.40 a	87 b	83.50 a	720 c
CPATSA 67.24	16.67 b	100 b	116.30 b	1000 c
CPATSA 79.23	7.60 a	93 b	37.20 a	510 b
CPATSA 79.49	11.33 a	87 b	83.60 a	630 c
'Thompson seedless'	35.30 b	100 b	218.21 b	1080 c

SF: severidade da doença aos 17 dias após a inoculação do patógeno; IF: incidência de folhas com sintomas da doença, aos 17 dias após a inoculação do patógeno; AACPSD: área abaixo da curva do progresso da severidade da doença; AACIPD: área abaixo da curva do progresso da incidência da doença. Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si ($p \geq 0.05$) pelo teste de Scott-Knott. Dados originais. Para efeito de análise, todos os dados foram transformados em $(x)^{0.5}$.

Fonte: Da autora (2022).

Tabela 3 – Reação de genótipos de videira sem semente à infecção artificial de *Plasmopara viticola*, baseada nos componentes epidemiológicos do míldio, em condições de casa de vegetação.

Híbrido	SF (%)	IF (%)	AACPSD	AACPID
CPATSA 28.14	8.30 a	80 a	52.73 a	765 a
CPATSA 42.49	24.35 b	100 b	131.10 b	795 a
CPATSA 49.05	4.60 a	100 b	28.35 a	593 a
CPATSA 49.114	20.35 b	100 b	140.85 b	1095 b
CPATSA 49.25	10.00 a	100 b	57.45 a	900 b
CPATSA 49.32	5.80 a	100 b	31.50 a	690 a
CPATSA 49.86	12.15 a	100 b	83.85 a	720 a
CPATSA 51.01	10.25 a	100 b	64.95 a	743 a
CPATSA 63.108	14.55 a	100 b	104.10 b	998 b
CPATSA 63.114	13.75 a	100 b	76.95 a	900 b
CPATSA 64.83	18.80 b	100 b	120.68 b	1028 b
CPATSA 65.04	12.25 a	100 b	74.40 a	945 b
CPATSA 67.24	12.15 a	75 a	67.95 a	758 a
CPATSA 79.23	15.45 a	100 b	82.35 a	773 a
CPATSA 79.49	26.40 b	100 b	179.55 b	923 b
‘Thompson seedless’	32.70 b	100 b	180.53 b	990 b

SF: severidade da doença aos 17 dias após a inoculação do patógeno; IF: incidência de folhas com sintomas da doença, aos 17 dias após a inoculação do patógeno; AACPSD: área abaixo da curva do progresso da severidade da doença; AACPID: área abaixo da curva do progresso da incidência da doença. Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si ($p \geq 0.05$) pelo teste de Scott-Knott. Dados originais. Para efeito de análise, todos os dados foram transformados em $(x)^{0.5}$.

Fonte: Da autora (2022).

Sob infecção natural, os menores valores para todas as variáveis analisadas foram obtidos por CPATSA 28.14. Quando observados os dados de SF, o genótipo CPATSA 28.14 (0.3%) não apresentou diferença significativa de CPATSA 42.49, CPATSA 49.32, CPATSA 49.86, CPATSA 63.108, CPATSA 63.114, CPATSA 64.83, CPATSA 65.04, CPATSA 79.23 e CPATSA 79.49. Estes mesmos genótipos também não diferiram entre si para AACPSD.

Em relação a IF, os genótipos CPATSA 28.14, CPATSA 49.32, CPATSA 49.05 e CPATSA 63.114 se destacaram por apresentarem menores valores do que a cultivar Thompson seedless, indicando menor suscetibilidade ao míldio (TABELA 2). Já para AACPID, o menor valor foi verificado para o genótipo CPATSA 28.14, que juntamente com os genótipos CPATSA 42.49, CPATSA 49.32, CPATSA 49.86, CPATSA 63.114 e CPATSA 79.23, foram superiores à ‘Thompson seedless’, em se tratando de resistência ao míldio (TABELA 2). Regina *et al.* (2006) avaliaram híbridos de videira destinados à elaboração de vinhos brancos em Caldas, Minas Gerais, e verificaram que a incidência de míldio foi relativamente baixa, sendo ‘G 159

OC 32258', 'G 159 OC 32458', 'Baco blanc' e 'Seibel 10173', os mais sensíveis ao míldio. Allebrandt *et al.* (2017) observaram que, em condições naturais de campo, tanto a incidência quanto a severidade do míldio foi menor nas cultivares Bordô e Concord, ambas *V. labrusca*.

De Bem *et al.* (2020) avaliaram a resposta de nove cultivares Piwi com resistência constitutiva ao míldio e uma cultivar vinífera (suscetível) como controle em um vinhedo e verificaram que as cultivares Piwi apresentaram uma redução média de 93,9% na severidade do míldio em relação a cultivar vinífera 'Pinot Grigio'.

Nesse sentido, Sônego; Garrido; Gregoletti Junior (2005) afirmam que cultivares de uva *V. labrusca* e híbridas são mais resistentes que *V. vinifera*. Corroborando, Toffolatti *et al.* (2016) afirmam que cultivares de *V. vinifera* são geralmente mais suscetíveis ao míldio. Entretanto, Atak *et al.* (2017) observaram que além de cultivares *V. vinifera*, alguns cruzamentos interespecíficos são suscetíveis ao míldio.

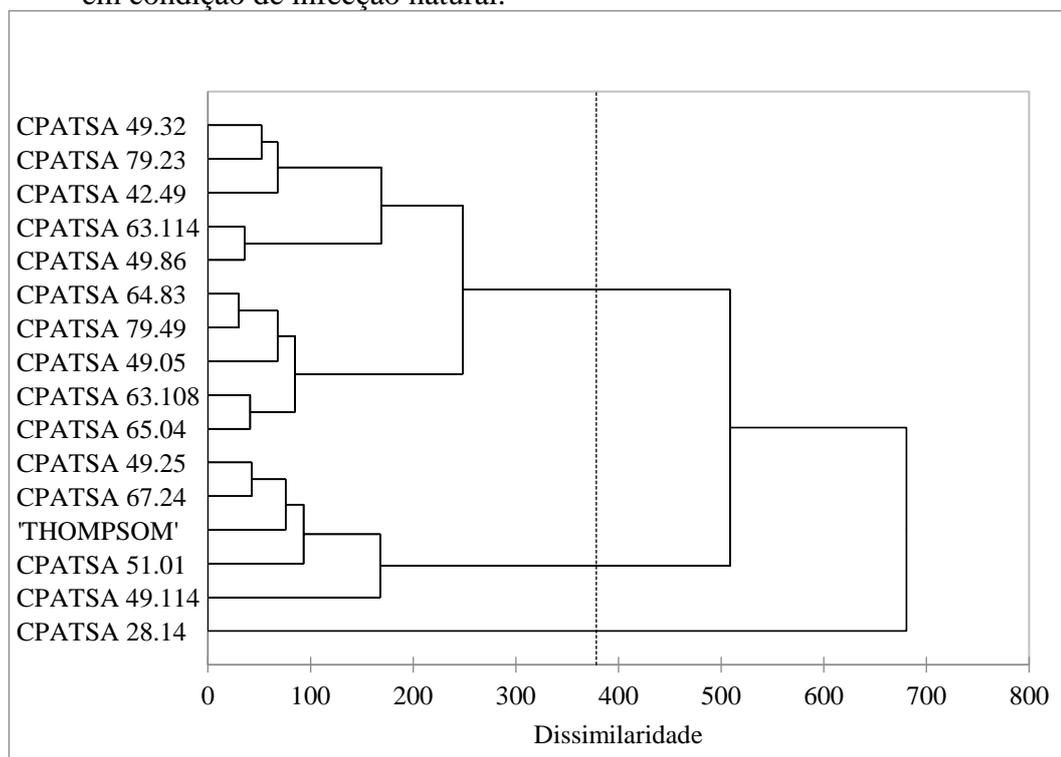
Em condição de infecção artificial, além do genótipo CPATSA 28.14, o CPATSA 67.24 também se destacou em todas as variáveis analisadas, não diferindo do CPATSA 28.14. Isto não aconteceu na avaliação sob condições de infecção natural de *P. viticola*. Apesar de ter havido confirmação dos níveis de resistência para os demais genótipos avaliados, o CPATSA 67.24 apresentou comportamento distinto nos dois experimentos. Isto pode ter ocorrido devido à concentração do patógeno ter sido menor do que em condições de infecção natural, ou mesmo alguma falha na inoculação, tendo ocorrido escape de algumas plantas. Em relação à SF, onze genótipos foram mais resistentes ao míldio por apresentarem SF diferindo significativamente da cultivar 'Thompson seedless'. Os genótipos CPATSA 67.24 e CPATSA 28.14 se destacaram pelos baixos valores de IF da doença, mostrando-se mais resistentes quando comparados à 'Thompson seedless' (TABELA 3). Analisando a AACPSD, verificou-se que dez genótipos foram mais resistentes do que 'Thompson seedless'. Considerando a AACPIC, oito genótipos se mostraram mais resistentes do que a cultivar utilizada como padrão de suscetibilidade.

Esses resultados são consistentes com experimentos de inoculação realizados em discos foliares, que revelaram diferentes graus de suscetibilidade e resistência a *P. viticola* entre híbridos interespecíficos de *Vitis*, confirmando que materiais que não são de *V. vinifera* não são totalmente resistentes ao míldio (PRAJONGJAI *et al.*, 2014; VEZULLI *et al.*, 2018).

Comparando os resultados obtidos com os dois métodos de infecção, verifica-se que sob infecção natural, apenas o genótipo CPATSA 28.14 apresentou os menores valores para todos os componentes epidemiológicos avaliados, já sob infecção artificial, dois genótipos (CPATSA 28.14 e CPATSA 67.24) apresentaram menores níveis de doença para todas as variáveis.

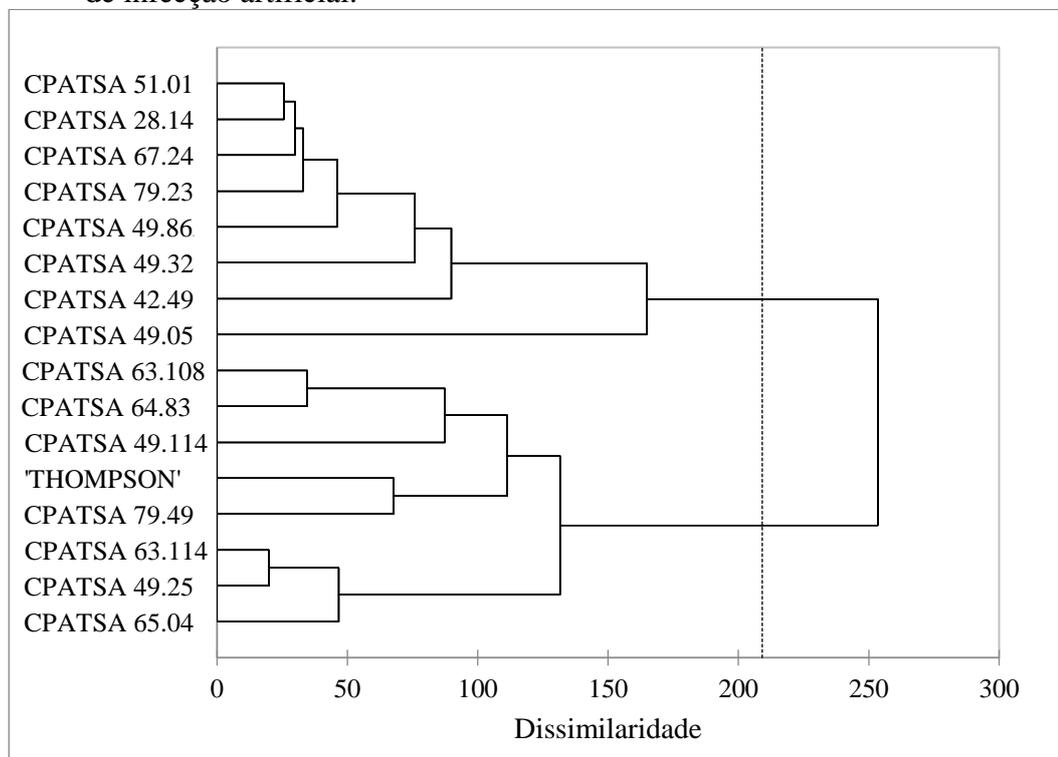
A análise de agrupamento pelo método UPGMA, com base no conjunto de componentes epidemiológicos do míldio da videira, permitiu a distribuição dos genótipos em três grupos de similaridade, no experimento de infecção natural, e em dois grupos no experimento de infecção artificial (FIGURAS 1 e 2). A linha de corte foi estabelecida no local de ocorrência da mudança abrupta nas ramificações presentes no dendrograma (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Figura 1 – Dendrograma referente à análise de agrupamento de 16 genótipos de videira, com base nos valores médios dos componentes epidemiológicos do míldio da videira em condição de infecção natural.



Fonte: Da autora (2022).

Figura 2 – Dendrograma referente à análise de agrupamento de 16 genótipos de videira, com de infecção artificial.



Fonte: Da autora (2022).

Entre os híbridos de uva sem semente com infecção natural de míldio, um grupo foi formado somente pelo genótipo CPATSA 28.14, que apresentou valores de severidade, incidência, AACPSD e AACPID de 0.33%, 20%, 0.50 e 30, respectivamente. Um segundo grupo foi formado por CPATSA 49.32, CPATSA 79.23, CPATSA 42.49, CPATSA 63.114, CPATSA 49.86, CPATSA 64.83, CPATSA 79.49, CPATSA 49.05, CPATSA 63.108, CPATSA 65.04. No primeiro, principalmente, e segundo grupos estão presentes os genótipos que apresentam o melhor desempenho quanto à resistência ao míldio da videira. Os demais genótipos constituíram o terceiro grupo de similaridade, sendo os mais suscetíveis ao míldio (FIGURA 1).

Para os híbridos de uva sem semente submetidos à infecção artificial de míldio, um grupo foi formado pelos genótipos CPATSA 51.01, CPATSA 28.14, CPATSA 67.24, CPATSA 79.23, CPATSA 49.86, CPATSA 49.32, CPATSA 42.49 e CPATSA 49.05, que apresentaram variação de 4.6% a 24.35% para severidade, 75% a 100% para incidência, 31.5 a 131.1 para AACPSD e 593 a 795 para AACPID. Verifica-se que nesse grupo estão os genótipos mais resistentes ao míldio. O segundo grupo corresponde aos demais genótipos com maior susceptibilidade ao míldio da videira (FIGURA 2).

O genótipo CPATSA 28.14 foi identificado com maior resistência ao míldio da videira, por apresentar os menores valores de severidade, incidência, AACPSD e AACPID tanto sob infecção natural quanto sob infecção artificial, diferindo-se do padrão de suscetibilidade ‘Thompson Seedless’, e indicando grande potencial de utilização em programas de melhoramento genético (APÊNDICE E). CPATSA 28.14 é um híbrido de uva de mesa sem semente ou com traços pequenos de sementes, resultante do cruzamento entre Júpiter e Marro, apresenta coloração vermelha, com tamanho natural da baga 20 mm x 17 mm, e baga com consistência carnosa e sabor neutro (APÊNDICE F). Estas características credenciam este genótipo com características qualitativas importantes para seleção e avançar para etapas seguinte do melhoramento genético, ou campo de seleções.

‘BRS Vitória’, uma cultivar sem semente lançada pela Embrapa, oriunda do cruzamento CNPUV 681-29 [Arkansas 1976 X CNPUV 147-3 (‘Niagara Branca’ X Vênus)] X BRS Linda. É considerada tolerante ao míldio e isso a diferencia de outras cultivares, pois precisa de menos tratamentos fitossanitários, diminuindo os custos de produção e riscos de contaminação ambiental, garantindo a segurança de produtores e consumidores (MAIA *et al.*, 2012).

Vários genes derivados de espécies de *Vitis* intimamente relacionadas à videira cultivada e que conferem proteção contra o míldio já foram identificados. No entanto, muitos dos principais genes de resistência foram superados por cepas virulentas de patógenos em várias interações fitopatogênicas. A restencia é horizontal e os genes de resistência são um recurso limitado, sendo sua introdução em uma nova cultivar um processo caro e de longo prazo. É por isso que a avaliação e melhoria da resistência é crucial, principalmente no caso de uma espécie perene (MERCINOGLU *et al.*, 2018).

Além disso, atualmente, o método mais utilizado para controle do míldio da videira é a aplicação de fungicidas, o que aumenta os custos de produção, favorece o surgimento de indivíduos resistentes aos princípios ativos e causa impactos negativos ao meio ambiente (TOFFOLATTI *et al.*, 2016). Dessa forma, a identificação e o uso de cultivares que apresentam resistência ao míldio é considerada a estratégia mais efetiva e econômica para o produtor no manejo da doença (BUONASSISI *et al.*, 2017).

Assim, os resultados encontrados nesse estudo devem ser considerados e complementados com avaliações do comportamento dos híbridos no campo, servindo de subsídio para projetos de melhoramento genético da videira. A identificação de genótipos que apresentem maior resistência ao míldio da videira poderá ser útil para redução do número de aplicações de fungicidas e, conseqüentemente, para sustentabilidade da viticultura.

4 CONCLUSÃO

Todos os híbridos de uva sem semente avaliados apresentam suscetibilidade do míldio da videira.

O genótipo CPATSA 28.14 foi identificado com maior resistência ao míldio da videira, pois apresenta os menores níveis de doença em todos os componentes epidemiológicos avaliados, sob infecção natural e artificial, indicando grande potencial para seleção e utilização em programas de melhoramento genético.

Pela análise de agrupamento, observa-se baixa diversidade entre os híbridos avaliados, em relação à resistência ao míldio.

REFERÊNCIAS

- AMARAL, B. D. *et al.* Prospecting for resistance of interspecific hybrids of *Vitis* spp. to *Plasmopara viticola*. **Euphytica**, v. 216, n. 68, p. 1-14, 2020.
- ATAK, A. *et al.* Susceptibility to downy mildew (*Plasmopara viticola*) and powdery mildew (*Erysiphe necator*) of different *Vitis* cultivars and genotypes. **Ciência e Técnica Vitivinícola**, Oeiras, v.32, n.1, p.23-32, 2017.
- BUFFARA, C. R. S. *et al.* Elaboration and validation of a diagrammatic scale to assess downy mildew severity in grapevine. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 8, p. 1384–1391, 2014.
- BUONASSISI, D. *et al.* Breeding for grapevine downy mildew resistance: a review of “omics” approaches. **Euphytica**, Dordrecht, v. 213, n.103, p.1-21, 2017.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014. 668 p.
- DE BEM, B. P. *et al.* Dinâmica temporal do míldio da videira em variedades Piwi na região de San Michele all’Adige, Trentino – Itália. **Summa Phytopathol**, Botucatu, v. 46, n. 3, p. 212-220, 2020.
- IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola**. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/home/lspa/brasil>. Acesso em: jan. 2022.
- MA, H. *et al.* Grapevine VpPR10.1 functions in resistance to *Plasmopara viticola* through triggering a cell death-like defence response by interacting with VpVDAC3. **Plant Biotechnology Journal**, v. 16, n. 8, p. 1488-1501, 2018.
- MAIA, J. D.G. *et al.* ‘**BRS Vitória**’: Nova cultivar de uva de mesa sem sementes com sabor especial e tolerante ao míldio. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2012. 12 p. (Embrapa Uva e Vinho. Comunicado Técnico, 126). Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/941724/1/cot126.pdf>. Acesso em: 01 nov. 2021.
- MERDINOGLU, D. *et al.* Breeding for durable resistance to downy and powdery mildew in grapevine. **OENO One**, v. 52, n. 3, p. 189-195, 2018.
- PEREIRA, G. E. The three different winegrowing zones in Brazil according to climate conditions and vine managements. In: JORDÃO, A. M.; BOTELHO, R. V. **Vitis: Biology and Species**. Nova Science Publishers, 2020. Chapter 6.
- PRAJONGJAI, t. *et al.* Evaluation of Grapevines for Resistance to Downy Mildew (*Plasmopara viticola*) under Laboratory and Field Conditions. **South African Journal of Enology and Viticulture**, v. 35, n. 1, p. 43–50, 2014.

REGINA, M. A. *et al.* Avaliação de híbridos de videira destinados à elaboração de vinhos brancos em Caldas, Minas Gerais. **Revista Brasileira de Fruticultura.**, Jaboticabal, v. 28, n. 2, p. 262-266, 2006.

ROUXEL, M. *et al.* Phylogenetic and experimental evidence for host-specialized cryptic species in a biotrophic oomycete. **New Phytol.**, v.197, n. 1, p. 251-263, 2013.

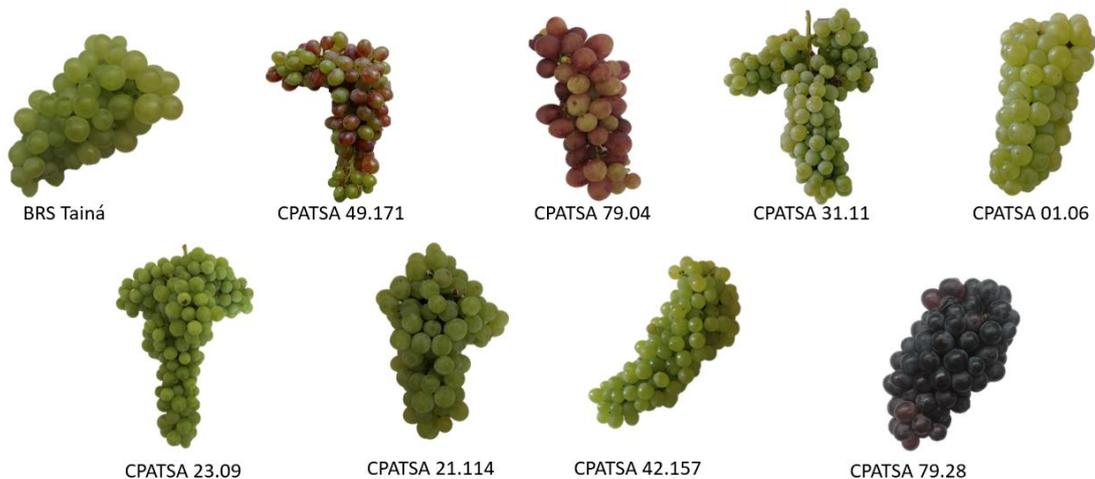
SILVA, J.N. *et al.* Caracterização da viticultura tropical nas regiões norte e noroeste fluminense. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 41, n. 6, p. 1-8, 2019.

SÔNEGO, O. R.; GARRIDO, L. R.; GREGOLETTI JUNIOR, A. **Principais doenças fúngicas da videira no Sul do Brasil.** Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2005.

YIN, L. *et al.* Genome sequence of *Plasmopara viticola* and insight into the pathogenic mechanism. **Scientific Reports.** v. 7, p. 1-12, 2017.

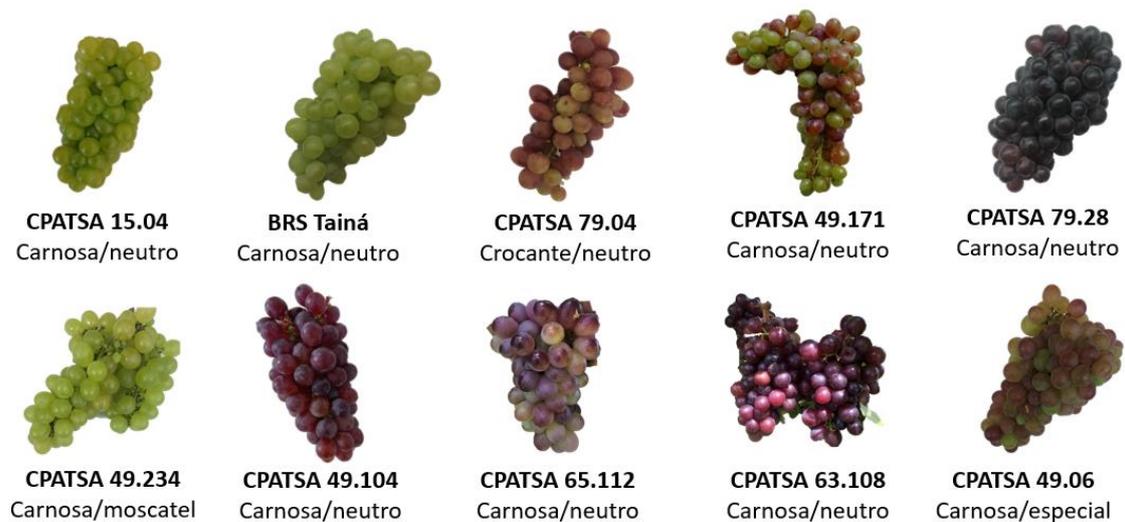
APÊNDICES

APÊNDICE A – Híbridos de uva de mesa sem sementes selecionados para quatro características simultaneamente por meio de seleção direta.



Fonte: Da autora (2022).

APÊNDICE B – Híbridos de uva de mesa sem sementes selecionados por meio do índice FAI-BLUP.



Fonte: Da autora (2022).

APÊNDICE C – Sintomas de cancro bacteriano em híbridos de uva com maior resistência e maior suscetibilidade à doença.



Híbridos de uva com maior resistência ao míldio: CPATSA 49.25 e CPATSA 49.86

Híbridos de uva com maior suscetibilidade ao míldio: CPATSA 79.23 e CPATSA 79.49

Fonte: Da autora (2022).

APÊNDICE D – Híbridos de uva com maior resistência ao cancro bacteriano.



CPATSA 49.25

Dimensões da baga: 17mm x 14 mm

Consistência da baga: carnosa

Sabor: neutro



CPATSA 49.86

Dimensões da baga: 16mm x 13 mm

Consistência da baga: crocante

Sabor: neutro

Fonte: Da autora (2022).

APÊNDICE E – Sintomas de míldio em híbrido de uva com maior resistência em comparação ao padrão de suscetibilidade ‘Thompson Seedless’.



Fonte: Da autora (2022).

APÊNDICE F – Híbrido de uva com maior resistência ao míldio.



CPATSA 28.14

A1581 x Maroo

Ausência ou traços de sementes

Dimensões da baga: 20 mm x 17 mm

Consistência da baga: carnosa

Sabor: neutro

Fonte: Da autora (2022).