

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ

ALEXANDRE FRIEDRICH RIBAS

**PARÂMETROS GENÉTICOS DE MACIEIRAS ESTIMADOS POR MEIO DE
MODELOS MISTOS (REML/BLUP)**

**PATO BRANCO
2026**

ALEXANDRE FRIEDRICH RIBAS

**PARÂMETROS GENÉTICOS DE MACIEIRAS ESTIMADOS POR MEIO DE
MODELOS MISTOS (REML/BLUP)**

**Genetic parameters of apple trees estimated through mixed models
(REML/BLUP)**

Tese apresentada como requisito para
obtenção do título de Doutor em Agronomia /
Programa de Pós-Graduação em Agronomia
da Universidade Tecnológica Federal do
Paraná (UTFPR).

Orientador (a): Moeses Andriago Danner
Coorientador (a): Idemir Citadin

PATO BRANCO

2026



[4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

Esta licença permite compartilhamento, remixe, adaptação e criação a partir do trabalho, mesmo para fins comerciais, desde que sejam atribuídos créditos ao(s) autor(es). Conteúdos elaborados por terceiros, citados e referenciados nesta obra não são cobertos pela licença.



ALEXANDRE FRIEDRICH RIBAS

**PARÂMETROS GENÉTICOS DE MACIEIRAS ESTIMADOS POR MEIO DE MODELOS MISTOS
(REML/BLUP)**

Trabalho de pesquisa de doutorado apresentado como requisito para obtenção do título de Doutor Em Agronomia da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).
Área de concentração: Produção Vegetal.

Data de aprovação: 15 de Dezembro de 2025

Dr. Moeses Andriago Danner, Doutorado - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Dr. Clandio Medeiros Da Silva, Doutorado - Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (Idr-Paraná)

Dr. Gilmar Antonio Nava, Doutorado - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Dr. Giovani Benin, Doutorado - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Dr. Paulo Mauricio Centenaro Bueno, Doutorado - Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Paraná (Ifpr)

Documento gerado pelo Sistema Acadêmico da UTFPR a partir dos dados da Ata de Defesa em 15/12/2025.

Dedico este trabalho à minha família.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente gostaria de agradecer a Deus pela oportunidade de estar realizando mais uma etapa em minha carreira profissional.

Agradecer aos meus pais e a minha família pelo apoio, tanto nas horas boas como nas ruins.

Agradecer ao meu orientador e ao meu coorientador, os quais sempre estiveram prontos para esclarecer dúvidas.

Também gostaria de agradecer ao Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IDR-Paraná) pela disponibilidade dos materiais para colocar em prática o experimento.

Agradecer ao Dr. Clandio Medeiros da Silva pela oportunidade e pela confiança em dar seguimento ao trabalho de pesquisa.

Agradecer a Capes pela concessão de bolsa de estudos, oportunizando a realização do trabalho.

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

Quer você acredite que consiga fazer uma coisa
ou não, você está certo (Henry Ford).

RESUMO

RIBAS, Alexandre F. Parâmetros genéticos de macieiras estimados por meio de modelos mistos (reml/blup). 60 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, 2025.

Um dos objetivos do melhoramento genético de macieira (*Malus domestica* Borkh) no Brasil é a seleção de genótipos de baixa exigência de frio. Esta necessidade é crucial para expandir a área produtiva para regiões subtropicais. Tais genótipos devem possuir ampla adaptação que lhes permita produzir regularmente sob as condições de irregularidade e grande amplitude térmica típicas do período de dormência. Para isso, reveste-se de grande importância a criação e manutenção de Bancos Ativos de Germoplasma com ampla diversidade genética, de forma a permitir a seleção de genótipos com baixa necessidade de frio e com alta produção e qualidade de maçãs. O objetivo deste trabalho foi efetuar a estimativa de parâmetros genéticos por meio da metodologia de modelos mistos REML/BLUP baseados em caracteres fenotípicos de macieiras do programa de melhoramento genético do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná, no município de Palmas, Paraná. Foram avaliados 16 genótipos, sendo 15 já selecionados como promissores, e a cultivar Eva servindo de comparação. As plantas foram conduzidas em sistema líder central, com quatro plantas de cada genótipo, sobre porta-enxerto Marubakaido/M-9 ou M-7. Os caracteres avaliados foram: estádios fenológicos de início da brotação, pleno florescimento e frutos maduros; volume de copa; número de brindilas e esporões; produção (kg/planta^{-1}); e avaliações de qualidade pós-colheita dos frutos (sólidos solúveis, acidez titulável e firmeza de polpa). Os dados de quatro safras (2021/22 à 2024/25) foram submetidos à análise de componentes principais e também às estimativas dos componentes de variância, coeficientes de variação, coeficiente herdabilidade de caracteres via REML/BLUP. A maior parte dos genótipos avaliados foram precoces para os estádios fenológicos de brotação, florescimento e maturação de frutos. A herdabilidade no sentido amplo foi de baixa magnitude para todas as características avaliadas, com exceção de acidez titulável com alta magnitude. A acurácia apresentou valores adequados para todas as características avaliadas, com exceção de número de brindilas e sólidos solúveis. Ao avaliar os BLUEs, o porta-enxerto M-7 apresentou as melhores médias ajustadas. Os valores dos BLUPs indicam que, para as variáveis FIRMEZA e SS, o genótipo PR2.60, cultivado sobre o porta-enxerto Marubakaido/M-9, se destacou. A análise de agrupamento hierárquico demonstra a similaridade entre as 32 combinações genótipo/portaenxerto, onde foram formados apenas dois grupos. Na análise de componentes principais os dois primeiros componentes representaram 67% da variação total, sendo que a variável firmeza de polpa foi responsável por 44,2%. A seleção de genótipos superiores, foi calculada de acordo com dois índices de seleção e o índice mais adequado a ser utilizado foi o de Smith-Hazel. A metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP) permitiu indicar as melhores combinações de genótipos e porta-enxertos para a obtenção de novas cultivares mais adaptada e estáveis ao ambiente de avaliação.

Palavras-chave: *Malus domestica* Borkh; Melhoramento Genético; Baixa necessidade em frio

ABSTRACT

RIBAS, Alexandre F. Parameters apple tree genetics estimated put through models mixed (remlblup). 60 p. Thesis (Doctorate) in Agronomy) – Postgraduate Program in Agronomy (Area of Concentration: Plant Production), University Federal Technological University of Paraná. Pato Branco, 2025.

One of the main goals in the genetic breeding of apple (*Malus domestica* Borkh) in Brazil is the selection of genotypes with a low chilling requirement. This necessity is crucial to expand the productive area into subtropical regions. Such genotypes must possess broad adaptation allowing them to produce regularly under the conditions of irregularity and high thermal amplitude typical of the dormancy period. To achieve this, the creation and maintenance of Active Germplasm Banks with ample genetic diversity are of great importance, enabling the selection of genotypes combining a low chilling requirement with high yield and quality. The objective of this study was to perform the estimation of genetic parameters using the REML/BLUP mixed model methodology based on phenotypic traits of apple trees from the breeding programme of the Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná, in the Palmas municipality, Paraná. Sixteen genotypes were assessed, 15 of which were previously selected as promising, with the 'Eva' cultivar serving as a comparison. The plants were trained under a central leader system, with four plants of each genotype, grafted onto Marubakaido/M-9 or M-7 rootstocks. The evaluated traits included: phenological stages of budding commencement, full bloom, and mature fruit; canopy volume; number of spurs and short shoots (brindilas); yield (kg plant⁻¹); and post-harvest quality assessments (soluble solids, titratable acidity, and pulp firmness). Data from four harvests (2021/22 to 2024/25) were submitted to principal component analysis (PCA) and to the estimation of variance components, coefficients of variation, and broad-sense heritability via REML/BLUP. Most of the evaluated genotypes were early for the phenological stages of budding, flowering, and fruit ripening. Broad-sense heritability was of low magnitude for all assessed characteristics, with the exception of titratable acidity, which showed high magnitude. Accuracy presented adequate values for all assessed traits, with the exception of the number of spurs (brindilas) and total soluble solids. Upon evaluating the BLUEs (Best Linear Unbiased Estimates), the M-7 rootstock demonstrated the best adjusted means. The BLUPs (Best Linear Unbiased Predictions) indicated that the PR2.60 genotype, cultivated on the Marubakaido/M-9 rootstock, was the most notable performer for the firmness and Soluble Solids (SS) variables. The hierarchical clustering analysis demonstrated similarity between the 32 genotype/rootstock combinations, forming only two groups. In the PCA, the first two components accounted for 67% of the total variation, with pulp firmness being responsible for 44.2%. The selection of superior genotypes was calculated using two selection indices, with the Smith-Hazel index being the most suitable for use. The mixed models methodology (REML/BLUP) allowed for the indication of the best genotype and rootstock combinations for obtaining new cultivars that are more adapted and stable in the assessment environment.

Keywords: *Malus domestica* Borkh; Genetic improvement; Low chill requirement

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 - Área da Estação Experimental do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IDR-Paraná).	21
Figura 2 - Dados de precipitação mensal (mm) e temperatura média mensal (°C) no período de 01/07/2021 a 31/03/2025.	22
Figura 3 - Acúmulo mensal de horas de frio ($\leq 7,2$ °C) no município de Palmas, Paraná, para o período de 01/04/2021 a 31/09/2024.	24
Figura 4 – Estádios fenológicos da macieira. UTFPR, Campus Pato Branco – PR, 2025.	26
Figura 5 – Fenologia da brotação, florescimento e maturação de frutos de dezesseis genótipos de macieira no Banco de Germoplasma do IDR-Paraná (Palmas, Paraná), avaliado nas safras 2021/22, 2022/23; 2023/24 e 2024/25, conduzidas sob os porta enxertos M7 e Marubakaido/M9 (MM9).	31
Figura 6 – Blues dos porta-enxertos de todas as variáveis de dezesseis genótipos presentes no Banco de Germoplasma, com o uso dos porta enxertos Marubakaido/M9 (MM9) e M7.	37
Figura 7 – Blups da interação genótipo (copa) x porta enxerto (GEN x PE) de todas as variáveis de dezesseis genótipos presentes no Banco de Germoplasma, com o uso dos porta enxertos Marubakaido/M9 (MM9) e M7. ...	39
Figura 8 – Dendrograma de similaridade das 32 combinações genótipo (copa)/porta-enxerto de macieira com base nos BLUPs da interação GENxPE, utilizando o método de agrupamento de UPGMA.	42
Figura 9 – Biplot de dispersão obtido a partir dos escores PC 1 e PC 2 para os 16 genótipos de macieira, conduzidos sobre dois porta-enxertos.	43
Figura 10 – Contribuição Genética Relativa dos caracteres para a divergência da interação Genótipo (copa) x Porta-Enxerto de macieira, estimada pelo método de Singh (1981) com base nos BLUPs.	45
Figura 11 – Ranking da combinação entre genótipo (copa) x porta-enxerto, com base nos índices de seleção por soma de Hanks (A) e de Smith-Hazel (B).	46
Figura 12 – Biplot <i>Mean vs. Stability</i> (Média vs. Estabilidade) demonstrando o ranking e a homeostase de genótipos de macieira através dos porta-enxertos M/M9 e M7.	48

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Relação dos genótipos utilizados e suas genealogias.	25
Tabela 2 – Estimativas de parâmetros genéticos em 16 genótipos de macieira nas safras 2021/22, 2022/23, 2023/24 e 2024/25.	34
Tabela 3 – Resultados do Teste F para o tratamento de efeito fixo do modelo estatístico utilizado.	36
Tabela 4 – Resultados do Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) para os tratamentos de efeito aleatório do modelo estatístico utilizado.	38
Tabela 5 – Médias preditas (BLUPs) de produção (kg planta⁻¹) de 16 seleções de macieira e da cultivar Eva, sobre dois porta-enxertos (M7 e MM9), em quatro safras (2021/22 a 2024/25) em Palmas, PR.	40

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ABHF	Anuario Brasileiro de Horti e Fruti
ABPM	Associação Brasileira de Produtores de Maçã
ACIDEZ	Acidez titulável
Acm	Acurácia
B	Estádio fenológico de início de brotação
BAGs	Bancos Ativos de Germoplasma
BLUEs	Best Linear Unbiased Estimated
BLUP	Best Linear Unbiased predictors
BNF	Baixa necessidade em frio
<i>Cfb</i>	Clima oceânico temperado
CGR	Contribuição Genética Relativa
Dim 1	Dimensão 1
Dim 2	Dimensão2
e	Vetor do resíduo
F2	Estádio fenológico de plena floração
FAO	Food and Agriculture Organization
FIRMEZA	Firmeza de polpa
GEN	Genótipo
GENXPE	Interação genótipo porta-enxerto
<i>h</i>	Altura de copa
h^2	herdabilidade
HF < 7,2 °C	Horas de frio abaixo de 7,2 graus Celcius
IAPAR	Instituto Agrônômico do Paraná
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
IDR-Paraná	Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR-EMATER
INPE	Instituto nacional
L	Estádio fenológico de frutos maduros
Lb	Libras-força
LRT	Teste da Razão de Verossimilhança
m	Vetor de efeitos fixos
M-7	Porta enxerto M-7
Maruba/M-9	Marubakaido com interenxerto de M-9
meq.	Miliequivalentes
mL	Mililitros
mm	Milímetros
N	Newton
NBRIND	Número de brindilas
NESPOR	número de esporões
ns	Não significativo
OPS	Polinização livre
p	Vetor de efeitos aleatórios
PCA	Análise de Componentes Principais
PE	Porta-enxerto
PROD	Produção por planta

r	Raio de copa
REML	Máxima Verossimilhança Res
REML/BLUP	máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada
SST	sólidos solúveis totais
UPGMA	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean
V	Volume de copa
Va	Variância dos genótipos
Vc	Variância de safra
Ve	Variância do resíduo
Vf	Variância fenotípica total
Vgpx	Variância da interação genótipo-portaenxerto
VOLCOPA	volume de copa
Y	Vetor de dados

LISTA DE SÍMBOLOS

%	Porcentagem
($p < 0,05$)	Significativo a nível de 5%
°	Indicador ordinal
°brix	Grau brix
°C	Grau Celsius
ha ⁻¹	Hectare
kg	Quilograma
m ³	Metro cúbico
$p < 0,01$	Altamente significativo
t	Toneladas
US\$	Dólar
π	Pi
σ^2	Variância

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REFERENCIAL TEÓRICO.....	16
2.1	Melhoramento genético da macieira no Brasil	16
2.2	Avaliações fenotípicas e estimativa de parâmetros genéticos	18
3	MATERIAL E MÉTODOS	21
3.1	Caracterização da área do estudo	21
3.2	Condução do experimento	24
3.3	Avaliações de fenologia.....	25
3.4	Avaliações de crescimento de planta e de produção de frutos	26
3.5	Avaliações de pós-colheita	27
3.6	Análises estatísticas	27
4	RESULTADOS	30
4.1	Características fenológicas.....	30
4.2	Estimativas de parâmetros genéticos dos caracteres fenotípicos ..	34
5	CONCLUSÃO GERAL	50
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS E PERSPECTIVAS	51
6.1	Limitações.....	51
6.2	Trabalhos futuros	51
	REFERÊNCIAS.....	52

1 INTRODUÇÃO

Nos últimos anos, a macieira (*Malus domestica* Borkh) tem sido a terceira frutífera mais cultivada no mundo, atrás apenas da bananeira e da melancia. A China é o maior produtor de maçãs, contribuindo com aproximadamente 48,6% do volume total de produção, seguida pelos Estados Unidos com 5,7% e da Turquia com 4,1%. O Brasil, mesmo apresentando um consumo médio de praticamente a metade da média mundial (4,95 kg habitante⁻¹ ano⁻¹), é o 11° maior produtor de maçãs no mundo segundo dados da Food and Agriculture Organization (FAO, 2019, ABPM, 2025). Na safra 2024/25 a cultura da macieira obteve uma produção nacional de 0,99 milhão de toneladas em uma área de 33,05 mil hectares, ou seja, uma produtividade média de 30,18 t ha⁻¹, com um valor de produção de 3.161.544 mil reais (IBGE, 2024).

Em relação ao comércio exterior, mesmo com redução nos números, com menor produção em 2024, a maçã ainda foi a nona fruta fresca mais exportada pelo Brasil no ano, com 10,1 mil toneladas vendidas com uma receita de US\$ 9,6 milhões. O subcontinente indiano é o principal destino, com Índia e Bangladesh aparecendo como os maiores compradores, seguidos da Rússia. Destaque ainda para Reino Unido, Portugal, Emirados Árabes Unidos e Arábia Saudita (ABHF, 2025).

Uma das maiores limitações de produção de fruteiras de clima temperado, incluindo a macieira, em regiões com insuficiente acúmulo de frio hibernal é a superação do período de dormência (EREZ, 2000). A baixa temperatura que ocorre durante o inverno é o principal fator para que ocorra a saída da dormência e a planta inicie novo período vegetativo e, em plantas adultas, resulte no florescimento e frutificação abundantes. Portanto, a escolha dos cultivares a serem plantados em um local deve levar em conta o atendimento à necessidade de frio, para serem economicamente viáveis (SILVA, 2013).

O melhoramento genético de macieira no Brasil, realizado desde a década 1980, tem sido focado na seleção de genótipos com menores necessidades em frio, resistência às principais doenças da cultura e boa qualidade de frutos. Conhecendo as condições meteorológicas de um determinado local e as necessidades em frio de um genótipo consegue-se recomendar genótipos adaptados para diferentes tipos de condições climáticas (JACKSON, 2000).

A macieira é uma frutífera que possui uma ampla variabilidade nas cultivares quanto ao requerimento em frio, permitindo a adaptação e a exploração em locais com

características climáticas diferenciadas (HAWERROTH et al., 2010). Mesmo assim, um maior número de cultivares devem ser disponibilizadas para ampliar a base genética inclusive de baixa necessidade em frio, conjugada com alta produção, qualidade de frutos, resistência à doenças e com distintas épocas de maturação. No cenário nacional de cultivo tem-se predomínio dos grupos 'Gala' e 'Fuji', as quais correspondem a cerca de 94,5% da produção total, sendo 61,6% do grupo Gala e 32,9% Fuji. Os demais cultivares como Cripps Pink, Daiane, Eva, Monalisa, Joaquina, Catarina, Condessa e Julieta representam apenas 5,5% da produção (ABPM, 2019, BOSETTO, 2021).

Os bancos de germoplasma de macieira estão em sua maioria preservados *ex situ*, ou seja, fora do local de origem. Estas coleções mantidas em campo são muito valiosas, pois permitem a utilização de plantas adultas para avaliações fenotípicas, obtenção de material de propagação e estão prontamente disponíveis para cruzamentos em programas de melhoramento (VOLK et al., 2010). Nestes locais são monitorados caracteres qualitativos e quantitativos com a finalidade de identificar, acumular e perpetuar genes favoráveis, os quais estão disponíveis nos bancos de germoplasma da instituição em que os melhoristas atuam.

Com os dados dos caracteres de interesse avaliados, deve-se efetuar a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, principalmente com uso do procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), de forma a obter as variâncias genéticas aditiva e não-aditiva, as correlações, herdabilidades dos caracteres e acurácia dos genótipos. Estas análises permitem identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de base genética adequada, para auxiliar no planejamento de estratégias eficientes de melhoramento (SILVA, 2013; RESENDE, 2016). O estudo da interação genótipo \times ambiente é fundamental para o sucesso no cultivo de frutíferas de clima temperado (YAN; KAN, 2003). Nesse sentido, o conhecimento da adaptabilidade e estabilidade de caracteres fenotípicos em diferentes locais ou anos é crucial quando o objetivo é selecionar as melhores combinações genótipo \times porta-enxerto e aumentar o potencial produtivo da cultura.

A predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância são atividades essenciais no melhoramento de plantas perenes. Isto porque são técnicas ótimas de avaliação genética, principalmente com uso do procedimento

padrão de estimação/predição denominado REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) (RESENDE, 2002). O procedimento de predição de valores genéticos depende do conhecimento do controle genético dos caracteres sob seleção, especialmente dos parâmetros herdabilidade e repetibilidade individuais (RESENDE et al., 2001).

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

Assim, o objetivo deste trabalho foi efetuar a estimativa de parâmetros genéticos por meio da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) baseados em caracteres fenotípicos em 15 genótipos selecionados e uma cultivar (Eva) de macieira do programa de melhoramento genético do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR-EMATER (IDR-Paraná), em Palmas, Paraná.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Melhoramento genético da macieira no Brasil

A macieira cultivada atualmente foi domesticada a partir da espécie selvagem *Malus sieversii*, nas cordilheiras de Tian Shan, na Ásia Central, sendo distribuída na região da Rota da Seda, que abrangia as regiões da Ásia e da Europa, entrando em contato com outras espécies selvagens, como a *Malus baccata* (L.) Borkh., *Malus orientalis* Uglitz. e *Malus sylvestris* Mill. Essas quatro espécies são consideradas os ancestrais da macieira cultivada, *Malus x domestica* Borkh. (CORNILLE et al., 2014). Pertencente à família Rosaceae, subfamília Maloidae (Pomoidae), gênero *Malus*. Apesar de serem citados vários nomes para a espécie, *Malus domestica* é a primeira denominação válida publicada para a macieira cultivada pelo Código Internacional de Nomenclatura para Plantas cultivadas (PETRI; LEITE, 2008).

Uma porção significativa da região produtora de macieira no Sul do Brasil não atende a quantidade necessária de número de horas de frio das principais cultivares, do grupo 'Fuji' e 'Gala' (YAACOUBI et al., 2016), embora existam opções de cultivares com baixa necessidade de frio (PETRI; PALLADINI; POLA, 2006). Essas regiões apresentam invernos irregulares, geralmente com grande amplitude térmica diária e baixo acúmulo de temperaturas abaixo de 7,2 °C (MALAGI et al., 2015).

O sucesso com a cultura da macieira no Brasil está ligado aos avanços tecnológicos que acompanharam a cultura. Uns dos principais fatores a considerar neste sucesso são as cultivares utilizadas. No cenário nacional de cultivo existe um predomínio dos grupos 'Gala' e 'Fuji', que correspondem a 94,5% da produção total, onde 61,6% equivalem ao grupo Gala e suas mutações (Galaxy, Baigent e Maxi Gala), enquanto que 32,9% correspondem ao grupo Fuji e suas mutações (Fuji Mishima e Fuji Suprema). Os demais 5,5% englobam as outras cultivares, como Cripps Pink, Daiane, Eva, Monalisa, Joaquina, Catarina, Condessa e Julieta (ABPM, 2019, BOSETTO, 2021).

O lançamento da cultivar Eva na década de 1980, pelo programa de melhoramento do IAPAR (Instituto Agrônômico do Paraná), contribuiu para a exploração da cultura em regiões de inverno ameno. Além disso, essa cultivar deve continuar a ser importante no contexto de mudanças climáticas e aumento das

temperaturas mínimas ocorrentes nas regiões de produção (PETRI et al., 2011; PATTO, 2017).

O número reduzido de cultivares de macieira pode estar atribuído às condições climáticas desfavoráveis ao cultivo em regiões que possuem um clima mais quente em relação ao centro de origem da espécie. Isto dificulta o acúmulo de horas de frio no período de inverno ($HF < 7,2 \text{ }^\circ\text{C}$), que é necessário para o cultivo de frutíferas de clima temperado (IUCHI, 2006, BOSETTO, 2021). Há também a dificuldade de introdução de novas cultivares, devido ao pequeno percentual de replantio de pomares anualmente (HAUAGGE; BRUCKNER, 2012).

Uma possível mudança no cenário atual da produção de macieiras está relacionada ao desenvolvimento e uso de cultivares mais adaptadas, possibilitando a produção em regiões como o Planalto Norte Catarinense e do Sul do Paraná. Também pode ser explorada a expansão do cultivo da macieira para outras regiões do país com temperaturas mais quentes. Por exemplo, na região do Vale do São Francisco, Nordeste brasileiro, foram realizados testes com cultivares de macieira que requerem menores necessidades de frio para seu desenvolvimento e que demonstraram boa produção (KVITSCHAL; HAWERROTH; BRIGHENTI, 2018, BOSETTO, 2021).

O desenvolvimento de novas cultivares de macieira é um processo laborioso e demanda tempo, normalmente entre uma e duas décadas (HAUAGGE; BRUCKNER, 2012). Para a obtenção de genótipos com características promissoras é necessário a existência de variabilidade genética incluída em um banco de germoplasma, a qual pode ser ampliada por meio da hibridação entre parentais contrastantes, conduzida pelos melhoristas em programas de melhoramento da espécie (FAORO, 2018).

Além disso, a geração espontânea de nova variação genética é comum em macieira, que é uma das frutíferas com maior número de cultivares oriundas de mutações naturais lançadas em todo o mundo (PRASAD, 2020). Muitas cultivares são desenvolvidas a partir de hibridações, contribuindo para a alta diversidade de cultivares de macieira (BOSETTO, 2021). Como resultado da hibridação entre esses genitores, são obtidas populações segregantes, base para a seleção de híbridos e a perpetuação dos genótipos por meio da propagação vegetativa. Isto mantém os caracteres selecionados e possibilita a avaliação da estabilidade dessas características, visando ao lançamento de uma nova cultivar.

Os principais objetivos do melhoramento de macieira no Brasil são a seleção de genótipos com menor necessidade em frio para a superação da dormência e resistência às principais doenças. Aliado a isso, os frutos devem ter cor de epiderme vermelho brilhante, época de maturação distinta das cultivares existentes e com boa capacidade de armazenamento em câmara fria (BRUCKNER; WAGNER JÚNIOR, 2008; HAUAGGE; BRUCKNER, 2012; BOSETTO, 2021).

2.2 Avaliações fenotípicas e estimativa de parâmetros genéticos

Os Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) possibilitam a conservação dos recursos genéticos vegetais e servem de base para avaliação da variabilidade genética entre os acessos (COSTA et al., 2011). As informações geradas pela avaliação fenotípica dos genótipos disponíveis são utilizadas pelos melhoristas principalmente para definição de potenciais genitores de hibridações nos programas de melhoramento. Assim, os BAGs são uma forma de armazenamento e conservação da diversidade, preservando e tornando disponíveis aos melhoristas a base genética de uma determinada espécie ou gênero (REYES-VALDÉZ et al., 2018). A seleção de genótipos é eficiente desde que haja uma ampla base genética guardada nos BAGs, ao mesmo tempo em que o melhoramento reduz essa variabilidade nas populações de híbridos, pois restringe as características dos genótipos ao que é almejado pelos produtores e pelo mercado consumidor (FALEIRO et al., 2018, BOSETTO, 2021).

Com isso, vários programas de melhoramento, como é o caso do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (até 2020 foi denominado IAPAR - Instituto Agrônômico do Paraná), vem buscando genótipos de macieira com maiores níveis de precocidade e adaptabilidade a regiões subtropicais. Para isso, o conhecimento do comportamento fenológico, dando ênfase na fase de dormência, é importante para servir como ferramenta para tomada de decisões em técnicas e locais para cultivo, maximizando assim a produção (HAWERROTH et al., 2010; CARDOSO et al., 2013). Além disso, as realizações de avaliações de plantas de macieira nos BAGs, de caracteres como volume de copa, são importantes para a obtenção de dados para uma possível implantação de um pomar. Segundo Denardi et al. (2015), o maior volume de copa em plantas de macieiras, induziu a uma maior produção de frutos por planta, mas em contrapartida foi utilizado um menor número de plantas por hectare.

O melhoramento genético tem, em geral, o objetivo de manipular caracteres qualitativos e quantitativos com a finalidade de identificar, acumular e perpetuar genes

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

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

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

Para suplantarmos estes desafios, o procedimento REML/BLUP é uma ferramenta adequada para a estimação de componentes de variância e predição dos valores genéticos em plantas perenes. O REML (Máxima Verossimilhança Restrita) serve para a estimação dos componentes de variância e BLUP (Melhor Preditor Linear não Viciado) para a predição dos valores genéticos dos indivíduos pela utilização de todas as informações genéticas e não-genéticas disponíveis em um conjunto de dados (RESENDE, 2002; SILVA, 2013).

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

complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); e (iv) pode ser aplicado a dados desbalanceados e delineamentos não-ortogonais (RESENDE, 2007; SILVA, 2013).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Caracterização da área do estudo

O trabalho foi conduzido no período de agosto de 2021 até março de 2025, na Estação Experimental do Instituto de Desenvolvimento Rural – IAPAR - EMATER (IDR-Paraná), no município de Palmas, Paraná (26°27'56" S, 51°58'33" W, 1100 m de altitude). Segundo Köeppen (1948), o clima da região é classificado como tipo *Cfb*, com invernos bastante frios, verões frescos e não possui estação seca definida. A precipitação média local de 1979 a 2017 foi de 2.142 mm por ano (IDR-Paraná, 2025).

Figura 1 - Área da Estação Experimental do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IDR-Paraná).

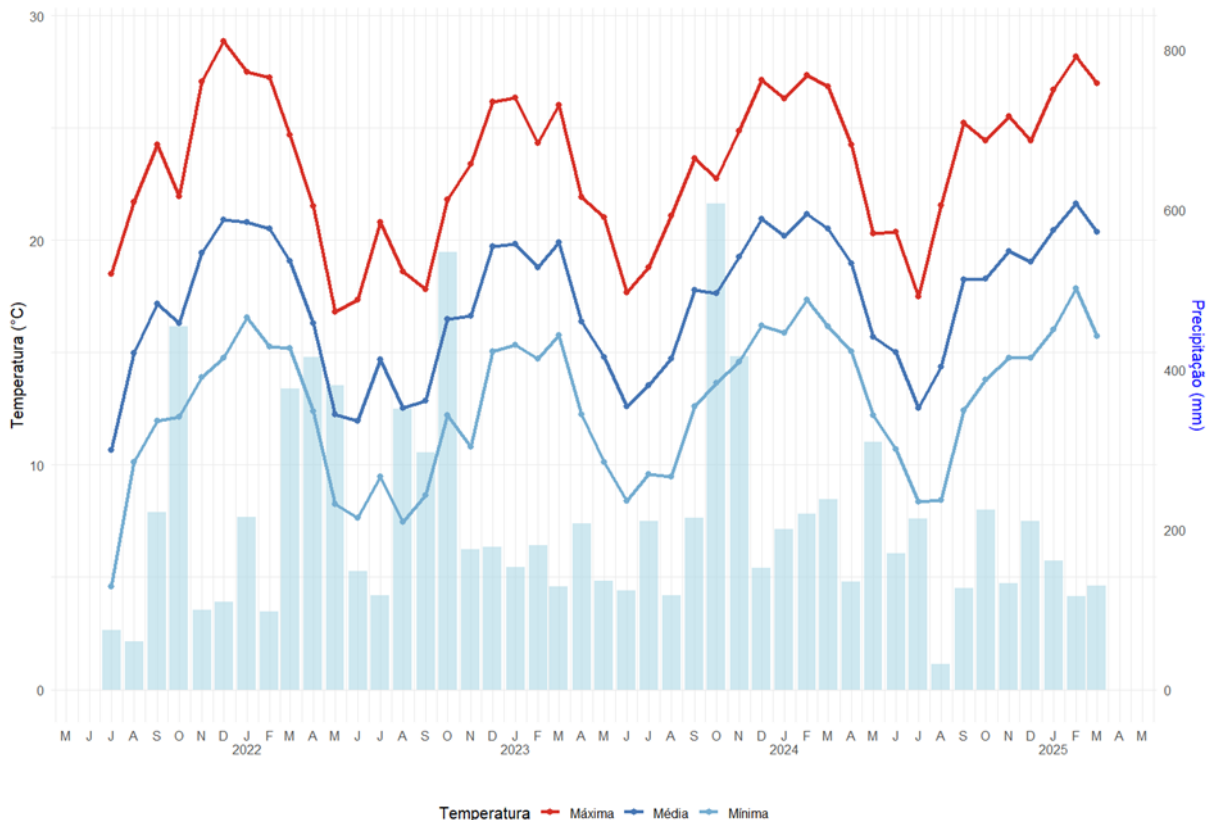


Fonte: <https://www.google.com/maps/@-26.4660094,-51.9759996,364m/data=!3m1!1e3?authuser=0&entry=ttu>

Durante o período de 01 de julho de 2021 à 31 de março de 2025, período de avaliação dos genótipos de macieira, observou-se que os picos de precipitação foram geralmente nos meses de outubro dos diferentes anos (Figura 2). É de fundamental

importância considerar que os meses de agosto e setembro geralmente coincidem com o estágio de florescimento dos genótipos de macieira de baixa necessidade de frio (BNF). A safra 2022/23 destacou-se por ter registrado o maior acúmulo de precipitação, no período de agosto e setembro entre as quatro safras avaliadas, com um acumulado de 647 mm.

Figura 2 - Dados de precipitação mensal (mm) e temperatura média mensal (°C) no período de 01/07/2021 a 31/03/2025.



Fonte: IDR-Paraná, 2025.

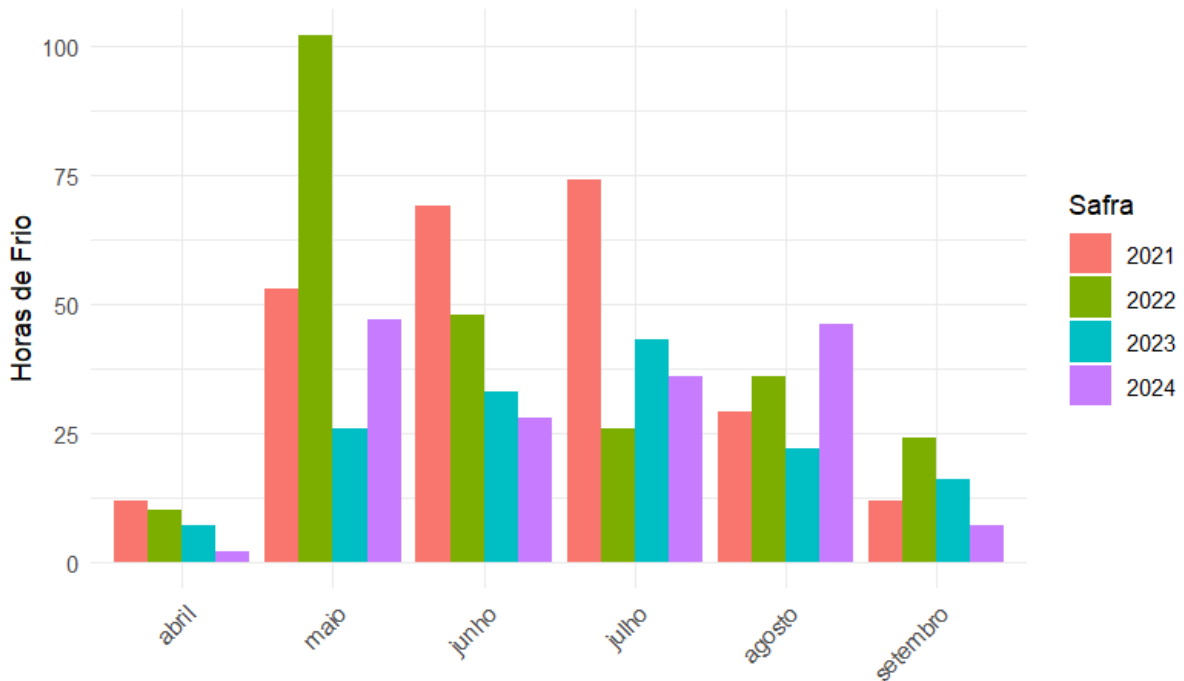
A safra 2021/22 destacou-se por ter registrado no mês de julho as menores temperaturas mínimas, quando comparada com as outras safras avaliadas. Este cenário ocasiona em implicações importantes para a cultura da macieira, pois como no presente estudo a grande maioria dos materiais genéticos avaliados apresentam uma baixa necessidade em horas de frio, a incidência de temperaturas baixas aumenta-se a chance de ocorrerem geadas tardias e afetar posteriormente nos estádios fenológicos de brotação e frutificação desses genótipos.

A safra 2021/22 se caracterizou pelo início do fenômeno climático caracterizado pelo resfriamento das águas superficiais das partes central e leste do Pacífico Equatorial (La Niña), no mês de outubro. Isto provocou durante os meses de abril a junho da safra 2022/23 uma intensificação do frio, após o mês de julho houve enfraquecimento, levando a categoria de evento fraco, mas atuante até o fim do inverno da safra 2022/23 (INMET, 2025).

Já no mês de junho de 2023 iniciou-se o fenômeno climático caracterizado pelo aquecimento das águas superficiais das partes central e leste do Pacífico Equatorial (El Niño). As anomalias de temperatura da superfície do mar atingiram a neutralidade no trimestre abril-maio-junho de 2024 (INPE, 2025).

Estes fenômenos impactaram a ocorrência das horas de frio, que no município de Palmas foi acumulado 467 horas de frio $\leq 7,2$ °C no ano de 2021 e 413 horas no ano de 2022, por influência de La Niña; e 202 horas no ano de 2023 e 282 horas no ano de 2024, por influência do El Niño. Além disso, houve grande variabilidade na distribuição mensal das horas de frio entre as safras avaliadas (Figura 3).

Figura 3 - Acúmulo mensal de horas de frio ($\leq 7,2$ °C) no município de Palmas, Paraná, para o período de 01/04/2021 a 31/09/2024.



Fonte: IDR-Paraná, 2025.

3.2 Condução do experimento

O banco de germoplasma de macieira no município de Palmas, Paraná, foi implantado no ano de 2012, possuindo atualmente 128 genótipos, com quatro plantas de cada genótipo, clonadas por enxertia sobre dois porta enxertos, M-7 e Marubakaido com interenxerto de M-9 (Maruba/M-9). Estes genótipos são provenientes de melhoramento genético de outro Banco de germoplasma localizado na Unidade de pesquisa do Canguiri em Curitiba, Paraná. As macieiras foram conduzidas em sistema líder central, sistema de condução em que a planta é mantida com um ramo principal de crescimento vertical, e dele partem diversos ramos laterais, em todas as direções do eixo radial, onde serão obtidos os frutos (SCARPARE, *et. al.*, 2011).

As avaliações de caracteres fenotípicos foram focadas em quinze genótipos considerados como promissores (Tabela 1), e a cultivar 'Eva' para comparação, tanto no porta-enxerto M-7 quanto em Maruba/M-9. A unidade experimental foi composta por quatro plantas (repetições). Da safra de 2021/2022 até a safra de 2024/2025, em

que as plantas se encontravam entre nove e treze anos de idade, foram realizadas as avaliações de fenologia, crescimento de planta, produção de frutos e avaliação de frutos em pós-colheita.

Tabela 1 - Relação dos genótipos utilizados e suas genealogias.

GENÓTIPO	GENEALOGIA
EVA	GALA x ANNA
PR 2.07	PRIMA x ANNA
PR 2.10	PRIMA x ANNA
PR 2.13	GALA x ANNA
PR 2.15	GALA x ANNA
PR 2.26	GOLDEN DELICIOUS x ANNA
PR 2.31	RED SPUR x ANNA
PR 2.38	SUPER GOLDEN SPUR x ANNA
PR 2.41	GALA x ANNA
PR 2.47	GOLDEN DELICIOUS x ANNA
PR 2.56	BLACK JOHN x ANNA
PR 2.60	PX 1033 OPS
PR 2.62	NERO 26 x PRINCESA
PR 2.63	Genealogia desconhecida
PR 2.67	Genealogia desconhecida
PR 2.70	EIN SHEMMER OPS

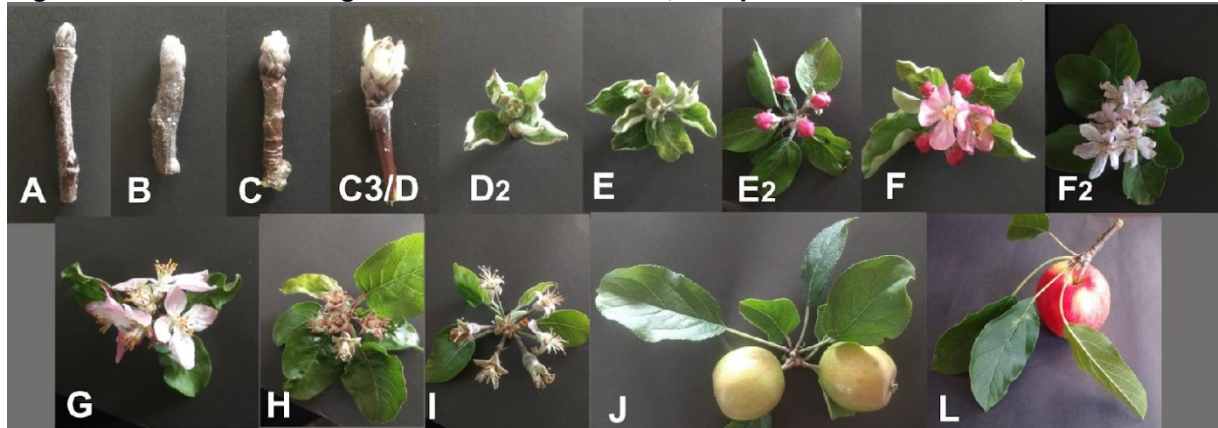
(OPS – Polinização livre). Segundo informações prestadas por Dr. Clandio Medeiros da Silva.
Fonte: O autor

3.3 Avaliações de fenologia

Os estádios fenológicos de início da brotação (B), pleno florescimento (F2) e frutos maduros (L) foram monitorados nas quatro safras, sendo realizados uma vez por semana, de início de julho a final de março. Ressalta-se que não foi efetuada quebra de dormência com produtos químicos em nenhuma safra. Para a realização

das avaliações fenológicas foi utilizada uma escala comparativa, contendo os diferentes estádios fenológicos da cultura da macieira (Figura 4), de acordo com Fleckinger (1953) e Iuchi (2006), adaptada por Gautier (1988). Esta última acrescentou o estágio de frutos maduros (L).

Figura 4 – Estádios fenológicos da macieira. UTFPR, Campus Pato Branco – PR, 2025.



(A): gema dormente, (B) gema inchada com ponta de prata, (C) pontas verdes, (C3) meia polegada verde, (D) meia polegada verde sem folhas, (D₂) meia polegada verde com folhas, (E) botão verde, (E₂) botão rosado, (F) início da floração, (F₂) plena floração, (G) final da floração, (H) queda de pétalas, (I) frutificação efetiva, (J) frutos verdes, (L) frutos maduros. Fonte: O autor, adaptada de Fleckinger (1953), Iuchi (2006) e Gautier (1988).

3.4 Avaliações de crescimento de planta e de produção de frutos

O volume de copa foi estimado através da fórmula: $V = (\pi * r^2 * h) / 3$. Para obter o valor de raio de copa (r) mediu-se a circunferência da copa na longitudinal e latitudinal, e para obter a altura de copa (h), mediu-se a distância da primeira inserção de ramos até o ápice de cada macieira, com o auxílio de uma fita métrica.

Além disso, foram contabilizados a média do número de estruturas de frutificação do tipo esporão e brindila (ramos menores ou maiores que 10 cm de comprimento, respectivamente), em quatro ramos principais por planta. Foram selecionados um ramo principal no terço inferior, dois ramos no terço médio e um ramo principal no terço superior de cada macieira. Depois, calculou-se o número médio de cada estrutura de frutificação por planta.

No estágio fenológico de frutificação efetiva foi realizado o raleio manual dos frutos, deixando um número fixo de 2 frutos por inflorescência em cada planta avaliada.

Para obter a produção de frutos (kg planta^{-1}) foi efetuada a contagem do número de frutos por planta, logo antes da maturação. E, no momento da colheita, realizou-se a pesagem de todos os frutos.

3.5 Avaliações de pós-colheita

Os frutos recém colhidos foram avaliados no Laboratório de Fisiologia Vegetal do Instituto Federal do Paraná, de Palmas (IFPR). A análise de firmeza de polpa foi realizada com o texturômetro (Fruit Pressure Tester), com ponteira de diâmetro 8,0 mm, em um lado da superfície de cada fruto na região equatorial, onde previamente foi removida a epiderme. Esta análise foi efetuada em quatro frutos de cada conjunto genótipo e porta-enxerto, indicando o grau de resistência da polpa em libras-força (Lb) (KLUGE et al., 2002; SANTOS, 2015).

A determinação de sólidos solúveis foi estimada pela medida do índice de refração (INSTITUTO ADOLFO LUTZ, 2008) do suco/polpa de maçãs extraído com mixer, medido com auxílio de refratômetro digital (Handheld Refractometers MODEL RHB0-90). O teste de acidez titulável foi realizado com titulometria de neutralização, utilizando 10 mL de suco da fruta e 90 mL de água destilada e 2 gotas de fenolftaleína a 1%. A titulação foi realizada com hidróxido de sódio 0,1 N, até a solução ficar com tonalidade rósea. O volume gasto representa a acidez titulável, expressa em meq. de ácido málico por 100 ml^{-1} de solução (GIRARD; SANHUEZA; BENDER, 2002), a qual foi multiplicada por 0,67 para obter o número de gramas de ácido málico por litro de suco (ARGENTA, 2006; SANTOS, 2015).

3.6 Análises estatísticas

Para as estimativas dos parâmetros genéticos utilizou-se o conjunto dos caracteres fenotípicos de volume de copa, produção por planta, firmeza de polpa, sólidos solúveis e acidez titulável, avaliados em quatro safras (2021/2022 a 2024/2025). Também foram utilizados os dados de número de esporões e de brindilas por planta, porém de três safras (2022/2023 a 2024/2025).

As análises foram realizadas utilizando-se o software R, versão 4.4.3 (R Core Team, 2024). O modelo linear misto foi ajustado para cada variável fenotípica, com o porta-enxerto (PE) como efeito fixo, e com o genótipo (GEN), a interação genótipo (copa) x porta-enxerto (GEN x PE) e o ano safra (SAFRA) como efeitos aleatórios. O

modelo pode ser expresso como: $y = PEm + (GENp) + (GEN \times PEp) + (SAFRAp) + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos de medição (assumidos como fixos) somados à média geral, p é o vetor dos efeitos permanentes de plantas (efeitos genotípicos + efeitos de ambiente permanente) assumidos como aleatórios, enquanto e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

Os componentes de variância foram estimados por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) no software R versão 4.4.3 (R CORE TEAM, 2024), utilizando o pacote lme4 (BATES et al., 2015). A partir dos componentes de variância, foram calculados a variância genotípica total (σ^2_g), a variância da interação genótipo x porta-enxerto (σ^2_{gxp}), a variância de safra (σ^2_c), a variância residual (σ^2_e) e a variância fenotípica total ($\sigma^2_f = \sigma^2_g + \sigma^2_{gxp} + \sigma^2_c + \sigma^2_e$). A herdabilidade no sentido amplo (h^2_{ampla}) foi calculada como a razão entre a variância genotípica total e a variância fenotípica total ($h^2_{ampla} = \sigma^2_g + \sigma^2_f$). O coeficiente de determinação genotípica com base nas médias (Acm) também foi estimado. A significância dos efeitos aleatórios foi testada via Teste da Razão de Verossimilhança (LRT). A significância dos efeitos fixos foi testada via Teste F. Os BLUPs (Best Linear Unbiased Predictors) para os efeitos aleatórios da interação genótipo x porta-enxerto foram extraídos do modelo, juntamente com seus respectivos erros padrão. Os BLUEs (Best Linear Unbiased Estimated) para o efeito fixo porta-enxerto foram extraídos do modelo, juntamente com seus respectivos erros padrão.

A análise de agrupamento hierárquico foi aplicada para identificar grupos de interações genótipo x porta-enxerto com base nos valores genéticos aditivos (BLUP). Foi construído um dendrograma utilizando o agrupamento obtido pelo método hierárquico UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) e a distância de Mahalanobis. O número ideal de grupos hierárquicos foi determinado pelo método do coeficiente de silhueta média. Os dendrogramas foram visualizados com o auxílio do pacote factoextra (KASSAMBARA; MUNDT, 2020). O teste de Mantel, baseado em 10.000 reamostragens, foi aplicado para analisar a correlação entre a matriz de distância original e a matriz gráfica a fim de analisar a consistência do agrupamento e sua representação gráfica por meio do dendrograma.

A Análise de Componentes Principais (PCA) foi realizada para explorar a estrutura de covariância entre as variáveis e agrupar as interações genótipo (copa) x porta-enxerto. Foram utilizadas as funções de análise de PCA do R e visualizada com

o pacote factextra (KASSAMBARA; MUNDT, 2020). Para avaliar a importância relativa de cada variável na determinação da divergência genética entre as combinações de Genótipo x Porta-Enxerto (GEN x PE), foi calculada a Contribuição Genética Relativa (CGR) dos caracteres. Foram utilizados os valores genéticos aditivos (BLUPs) da PCA (Análise de Componentes Principais), conforme o método proposto por Singh (1981).

Foram calculados dois índices de seleção, a Soma de Hanks e o Índice de Smith-Hazel. Para o Índice de Smith-Hazel, a matriz de correlação entre as variáveis foi invertida usando a inversa generalizada, no pacote MASS (VENABLES; RIPLEY, 2002). Foram atribuídos pesos iguais para todas as variáveis na construção dos índices. Para a construção de gráficos e visualização dos dados foram utilizados também os pacotes dplyr e ggplot2, os quais fazem parte do pacote tidyverse (WIXHAM et al., 2019).

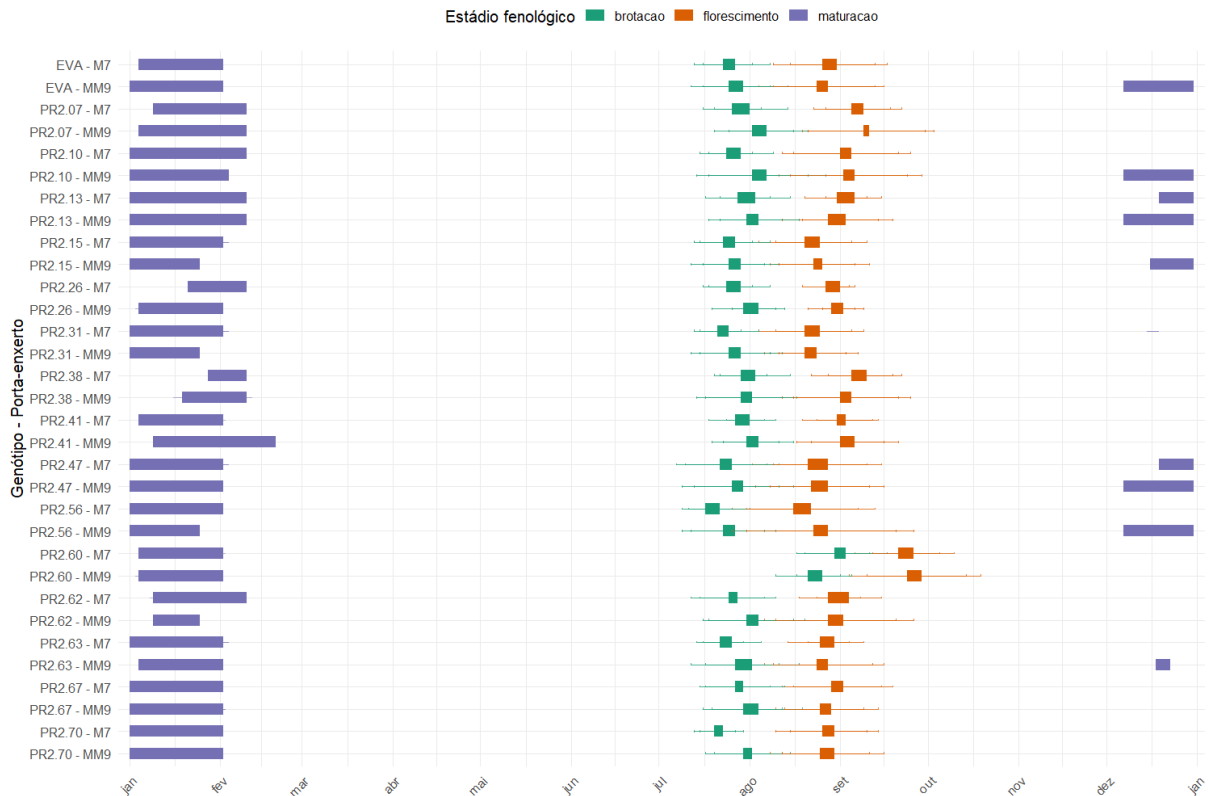
A análise de adaptabilidade e a estabilidade produtiva dos genótipos de macieira conduzidos sob os porta-enxertos (M7 e M/M9) foram avaliadas por meio da metodologia GGE Biplot (*Genotype + Genotype-by-Environment interaction*), fundamentada na decomposição em valores singulares (SVD) da matriz de efeitos principais de genótipo e da interação genótipo x ambiente (porta-enxerto). As análises foram realizadas no ambiente computacional R (R Core Team, 2024), utilizando o pacote estatístico metan (Olivoto e Lúcio, 2020). Foram gerados biplots do tipo '*Mean vs. Stability*' para o ranqueamento das combinações de genótipos (copa) e porta-enxertos.

4 RESULTADOS

4.1 Características fenológicas

Ao avaliar o período médio de brotação, a grande maioria dos genótipos iniciou brotação natural entre a última quinzena de julho e a primeira quinzena de agosto, exceto para a PR2.60, que iniciou na segunda quinzena de agosto (Figura 5). Na safra 2021/22 concentrou-se na primeira quinzena de agosto. Nas safras 2022/23 e 2023/24 concentrou-se na última quinzena de julho e na safra 2024/25 distribuí-se desde a última quinzena de julho até a primeira quinzena de agosto. Desta forma, todos os genótipos podem ser considerados precoces, quando comparados com as principais cultivares de macieira cultivadas, cujo período de brotação e florescimento, em Palmas, variam de 20 de setembro a 10 de outubro (PERTILLE et al., 2022).

Figura 5 – Fenologia da brotação, florescimento e maturação de frutos de dezesseis genótipos de macieira no Banco de Germoplasma do IDR-Paraná (Palmas, Paraná), avaliado nas safras 2021/22, 2022/23; 2023/24 e 2024/25, conduzidas sob os porta enxertos M7 e Marubakaido/M9 (MM9).



Fonte: O autor

A análise fenológica demonstrou variabilidade no período de florescimento da macieira ao longo dos anos avaliados. Nas safras de 2021/22 e 2022/23, o florescimento concentrou-se entre a última quinzena de agosto e a primeira quinzena de setembro, sendo que em 2022/23 e 2023/24 a floração ocorreu predominantemente durante a segunda quinzena de agosto, com padrões fenológicos mais próximos à média.

Em contraste, na safra de 2024/25, a grande maioria dos genótipos apresentou um atraso no florescimento de aproximadamente 15 dias em relação aos ciclos anteriores. Este atraso está diretamente relacionado ao menor acúmulo de horas de frio ($\leq 7,2$ °C) registrado no inverno de 2024. Em contrapartida, ocorreram geadas tardias no mês de agosto afetando a floração, fator este que ocasiona injúria nos tecidos de condução e possui influência sobre a polinização cruzada, o que pode levar a uma diminuição no número de sementes e, conseqüentemente, no tamanho

do fruto. Também no período logo após a floração é importante a influência do clima no processo de divisão celular que segue de três a quatro semanas após a plena floração (FORSHEY, 1986). É notável que na safra 2022/23, o elevado acúmulo de frio (87 horas \leq 7,2 °C) concentrado no mês de agosto especialmente na segunda quinzena, com incidência de geadas não resultou em danos à produção de maçãs.

A observação das datas em que ocorrem a brotação e a floração é um método indireto para quantificar a necessidade de frio de genótipos de macieira (PETRI et al., 2006). Neste trabalho, nota-se que a grande maioria dos genótipos, em ambos porta-enxertos, demonstraram períodos concentrados de cinco dias de pleno florescimento nas quatro safras. Isto torna-se vantajoso pela uniformidade de maturação dos frutos e menor necessidade de mão de obra para raleio e maior eficiência de raleantes químicos. No entanto, a probabilidade de que flores sejam polinizadas em períodos de florescimento mais longos torna-se maior, com melhor garantia de frutificação. Isto porque sob condições climáticas adversas, como períodos chuvosos, nublados ou frios prejudicam o trabalho das abelhas, ou então, a ocorrência de geadas tardias danifica e aborta as flores, impedindo a frutificação (FRANCESCATTO, 2015).

A avaliação da época de maturação dos frutos revelou um padrão de colheita concentrado. Na safra 2021/22, a maturação ocorreu predominantemente ao longo do mês de janeiro. Em contraste, nas safras 2022/23, 2023/24 e 2024/25, observou-se uma antecipação no início da colheita para a última quinzena de dezembro, com prolongamento até o final de janeiro. Adicionalmente, o porta-enxerto influenciou o ciclo produtivo: na safra 2023/24, os genótipos conduzidos sob o porta-enxerto Marubakaido/M-9 obtiveram antecipação na maturação e menor duração do período de colheita em comparação com o porta-enxerto M-7. Entretanto, na safra 2024/25, a produção foi comprometida: alguns genótipos conduzidos sobre o porta-enxerto Marubakaido/M-9 não apresentaram produção de frutos. Esta falha produtiva pode ser atribuída à ocorrência de geadas tardias no mês de agosto, período que coincidiu com a plena floração, resultando em danos irreversíveis à frutificação.

Os resultados indicam que os genótipos avaliados apresentam baixa variabilidade genética nos atributos de fenologia, demonstrada pela concentração e precocidade dos eventos de brotação, florescimento e maturação de frutos. Esta uniformidade fenológica é uma consequência direta do direcionamento do programa de melhoramento genético do IDR-Paraná, que visa especificamente a seleção de genótipos adaptados a regiões de baixa ocorrência de frio. Tal foco é corroborado pela

pré-seleção dos 15 genótipos promissores a partir de um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) mais amplo (128 genótipos) e pela constituição genética da amostra, na qual 11 dos 16 genótipos avaliados possuem a cultivar 'Anna' em sua genealogia (Tabela 1). Fisiologicamente, este direcionamento é suportado pela literatura, que indica que a Baixa Necessidade de Frio (BNF) em macieiras é condicionada por um gene dominante (OPPENHEIMER; SLOR, 1968; HAUAGGE; CUMMINS, 1991b). A presença dessa genética de BNF explica o comportamento concentrado e precoce dos estádios fenológicos observados no ambiente de avaliação, confirmando o sucesso da pré-seleção para o objetivo de cultivar em regiões com acúmulo de frio limitado.

Por outro lado, as cultivares do grupo 'Gala' apresentam necessidade de frio de 600 HF (horas de frio) e as cultivares do grupo 'Fuji' entre 700 à 800 HF abaixo de 7,2 °C (HAUAGGE; CUMMINS, 1991a; PETRI; PALLADINI; POLA, 2006), sendo colhidas em março e abril, respectivamente, em Palmas, Paraná. Assim, verifica-se que não ocorreu, nas últimas quatro safras de macieira em Palmas, níveis ideais de HF acumuladas para estas cultivares. O número máximo que ocorreu foi no inverno de 2021, com 467 HF, mesmo em ano de La Niña, que causa temperaturas menores. Este fato corrobora com a tendência de elevação da temperatura devida ao aquecimento global, conforme apontado por Pertille et al. (2022). Nos anos sob influência de El Niño, que causou temperaturas maiores no inverno de 2023 e 2024 (INPE, 2025), o número de horas de frio foi menor, de 202 e 282 horas, respectivamente.

Como alternativa para essa situação tem-se a possibilidade do uso de cianamida hidrogenada e óleo mineral, para realização da quebra de dormência. Entretanto, considerando a grande diferença entre as horas de frio ocorridas e a necessidade de frio dos grupos de cultivares de Gala e Fuji, as dosagens dos produtos de quebra de dormência precisam ser mais altas, onerando o custo de produção. Além disso, sob muito baixo número de horas de frio, mesmo com uso dos produtos químicos de quebra de dormência, a produção de frutos pode ser menor (PETRI et al. 2011). Desta forma, mesmo para a região de Palmas, onde ocorrem as menores temperaturas do Paraná, as cultivares de baixa necessidade de frio do Programa de Melhoramento do IDR-Paraná, poderão ter aptidão para cultivo.

4.2 Estimativas de parâmetros genéticos dos caracteres fenotípicos

Os resultados revelam a presença de baixa variabilidade genética entre os genótipos para as características avaliadas, ou seja, com amplo impacto do ambiente na definição dos caracteres, conforme pode ser comprovado pelas estimativas das variâncias (Tabela 2). Em consequência, as características relacionadas a planta (número de brindilas, número de esporões e volume de copa), a produção de frutos por planta e os caracteres de pós-colheita (firmeza de polpa e sólidos solúveis) apresentaram herdabilidade de baixa magnitude (de 0,00 a 0,11). Apenas o caractere acidez titulável, que apresentou herdabilidade de alta magnitude (0,57), ou seja, é a variável que possui maior contribuição genotípica herdável e menor influência ambiental. Este caractere mostrou elevada estabilidade, mesmo perante as oscilações das condições climáticas que passaram por efeitos fortes de La Niña (safras 2021/22 e 2022/23), efeitos fortes de El Niño (safra 2023/2024) e neutralidade/transição (safra 2024/25), durante os quatro anos de avaliação.

Tabela 2 – Estimativas de parâmetros genéticos em 16 genótipos de macieira nas safras 2021/22, 2022/23, 2023/24 e 2024/25.

Variável	σ^2_g	σ^2_{gxp}	σ^2_c	σ^2_e	σ^2_f	h^2_{ampla}	Acm
VOLCOPA	0,02	0,07	0,01	0,23	0,33	0,06	0,54
NESPOR	5,26	4,61	3,44	45,75	59,06	0,09	0,75
NBRIND	0,00	1,05	0,81	5,02	6,88	0,00	0,00
PROD	1,60	1,18	32,90	20,34	56,02	0,03	0,73
FIRMEZA	1,38	2,22	1,05	8,32	12,96	0,11	0,69
SS	0,67	6,25	4,72	12,54	24,18	0,03	0,39
ACIDEZ	0,07	0,01	0,01	0,04	0,12	0,57	0,95

σ^2_g : variância genotípica total (GEN aleatório). σ^2_{gxp} : variância da interação genótipo × porta-enxerto. σ^2_c : variância de ambiente temporário (SAFRA aleatório). σ^2_e : variância do resíduo. σ^2_f : variância fenotípica total. h^2_{ampla} : herdabilidade no sentido amplo. Acm: acurácia de seleção. VOLCOPA: volume de copa em m³. NESPOR: número de esporões avaliados em quatro ramos principais de cada planta. NBRIND: número de brindilas avaliados em quatro ramos principais de cada planta. PROD: produção em kg planta⁻¹. FIRMEZA: firmeza de polpa em libra-força (Lb). SS: sólidos solúveis em °brix. ACIDEZ: acidez titulável em meq. de ácido málico 100 ml⁻¹.

Para fins de melhoramento genético, a herdabilidade no sentido amplo (h^2_{ampla}) é um dos parâmetros mais importantes, pois quantifica a proporção da variância fenotípica que é devida aos efeitos genéticos, ou seja, que é herdável nos

genótipos (RODRIGUES et al., 2013; LÚCIUS et al., 2014). Em espécies perenes, a herdabilidade pode ser classificada como de magnitude baixa ($h^2 < 0,15$), mediana ($0,15 < h^2 < 0,50$) ou alta ($h^2 > 0,50$) (RESENDE, 2016).

A estimativa de parâmetros genéticos constitui uma etapa fundamental no processo de seleção de indivíduos superiores, sendo ferramenta essencial para a condução eficiente em programas de melhoramento genético, uma vez que o sucesso no melhoramento de uma espécie está diretamente ligado com a presença de variabilidade genética (PAIVA et al., 2002; PEREIRA et al., 2013). No presente trabalho, a maioria dos genótipos de macieira (11 de 16) são oriundos de cruzamentos com o parental ANNA, cultivar de baixa necessidade de frio oriunda de Israel, como pode-se ver pela genealogia (Tabela 1). Desta forma, a baixa variância genética, deve-se a maior proximidade genética entre os genótipos avaliados, conforme já comentado. Porém, ressalta-se também que fatores como o método de seleção adotado, as correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres, o tipo de ação gênica envolvida e a precisão experimental, influenciam significativamente nas estimativas dos parâmetros genéticos (RESENDE; DUARTE, 2007).

Outro parâmetro genético avaliado foi a acurácia seletiva, a qual depende da herdabilidade da característica, da quantidade e da qualidade das informações e dos procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos. A acurácia de seleção expressa quão bem os valores genéticos verdadeiros dos indivíduos podem ser estimados a partir dos dados fenotípicos. Como é uma medida que está associada à precisão na seleção, a acurácia é o principal elemento do progresso genético, em que o melhorista pode alterar visando maximizar o ganho genético (RESENDE; DUARTE, 2007).

A acurácia média de todos os caracteres avaliados foi de 0,00 a 0,75 para características relacionadas a planta (número de brindilas, número de esporões e volume de copa), 0,73 para a produção de frutos por planta e de 0,39 a 0,95 para as características de pós-colheita. Apenas os caracteres número de brindilas e sólidos solúveis apresentaram acurácia abaixo dos valores desejáveis para a seleção.

Assim, espera-se alta possibilidade de alcançar a variação genética verdadeira por meio da variação fenotípica nas características avaliadas (RESENDE; DUARTE, 2007). Valores de acurácia acima de 0,70 são desejáveis para a seleção de genótipos superiores no início de um programa de melhoramento, quando é possível selecionar muitos genótipos (RESENDE; DUARTE, 2007), embora acurácia

superior a 0,50 já indique uma boa precisão na seleção de genótipos (CAPISTRANO et al., 2021). Com experimentos bem planejados, repetidos e com muitos indivíduos ou medições, a variância do erro diminui e a acurácia pode ser alta, mesmo quando a herdabilidade é baixa (RESENDE; DUARTE, 2007), conforme verificado neste trabalho.

A significância do efeito fixo do modelo, verificado por meio do teste F, indicou que o efeito de porta-enxerto foi altamente significativo ($p < 0,01$), para as variáveis volume de copa (VOLCOPA), número de esporões por ramo (NESPOR) e número de brindilas por ramo (NBRIND); já as variáveis firmeza de polpa (FIRMEZA), produção por planta (PROD) e sólidos solúveis (SS) foram significativas ($p < 0,05$). E acidez titulável (ACIDEZ) não obteve efeito significativo do porta-enxerto (Tabela 3).

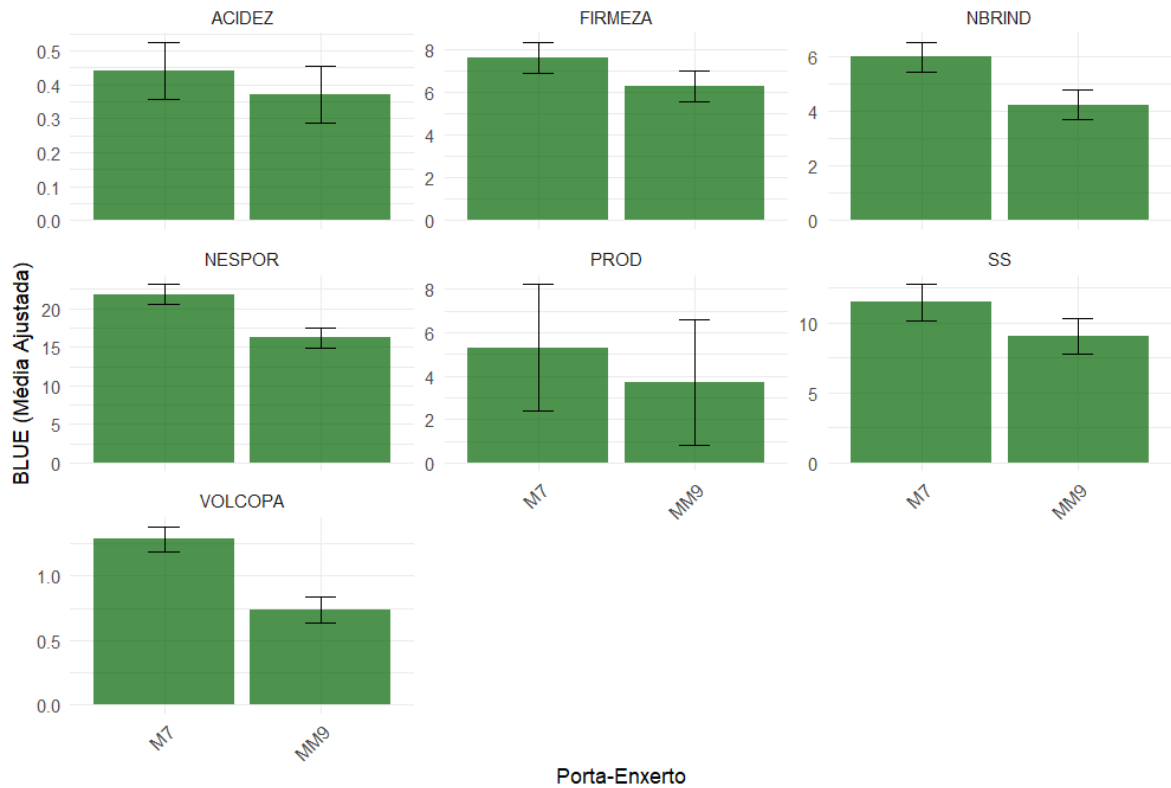
Tabela 3 – Resultados do Teste F para o tratamento de efeito fixo do modelo estatístico utilizado.

Variável	F_PE	p_PE
VOLCOPA	27,22	0,00 **
NESPOR	33,68	0,00 **
NBRIND	17,97	0,00 **
PROD	8,49	0,01 *
FIRMEZA	5,08	0,04 *
SS	6,70	0,02 *
ACIDEZ	3,64	0,08 ns

*, **, ns Significativo ($p < 0,05$), altamente significativo ($p < 0,01$) e não significativo, respectivamente.

Os valores dos melhores estimadores lineares não viciados (BLUEs) dos porta-enxertos, demonstram que para todas as variáveis analisadas o porta-enxerto M-7 apresenta as maiores médias ajustadas (BLUEs) (Figura 6).

Figura 6 – Blues dos porta-enxertos de todas as variáveis de dezesseis genótipos presentes no Banco de Germoplasma, com o uso dos porta enxertos Marubakaido/M9 (MM9) e M7.



VOLCOPA: volume de copa em (m³). **NESPOR:** número de esporões avaliados em quatro ramos principais de cada planta. **NBRIND:** número de brindilas avaliados em quatro ramos principais de cada planta. **PROD:** produção em (Kg planta⁻¹). **FIRMEZA:** firmeza de polpa em libra-força (Lb). **SS:** sólidos solúveis em °brix. **ACIDEZ:** acidez titulável em: meq. de ácido málico por 100 ml⁻¹.
Fonte: O autor

A significância dos efeitos aleatórios do modelo, verificadas por meio do teste da razão de verossimilhança (LRT), indicaram que o efeito das interações genótipo x porta-enxerto foram altamente significativos ($p < 0,01$), para todas as variáveis analisadas. Isto demonstra que o potencial genético de cada genótipo é influenciado pelo porta-enxerto utilizado. Quando considerado o efeito isolado dos genótipos, as variáveis número de esporões por ramo (NESPOR), produção por planta (PROD) e acidez titulável (ACIDEZ), foram altamente significativos ($p < 0,01$); já a variável sólidos solúveis (SS) foi significativa ($p < 0,05$). E as variáveis volume de copa (VOLCOPA), número de brindilas por ramo (NBRIND) e firmeza de polpa (FIRMEZA), não tiveram efeito significativo de genótipos (Tabela 4).

Tabela 4 – Resultados do Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) para os tratamentos de efeito aleatório do modelo estatístico utilizado.

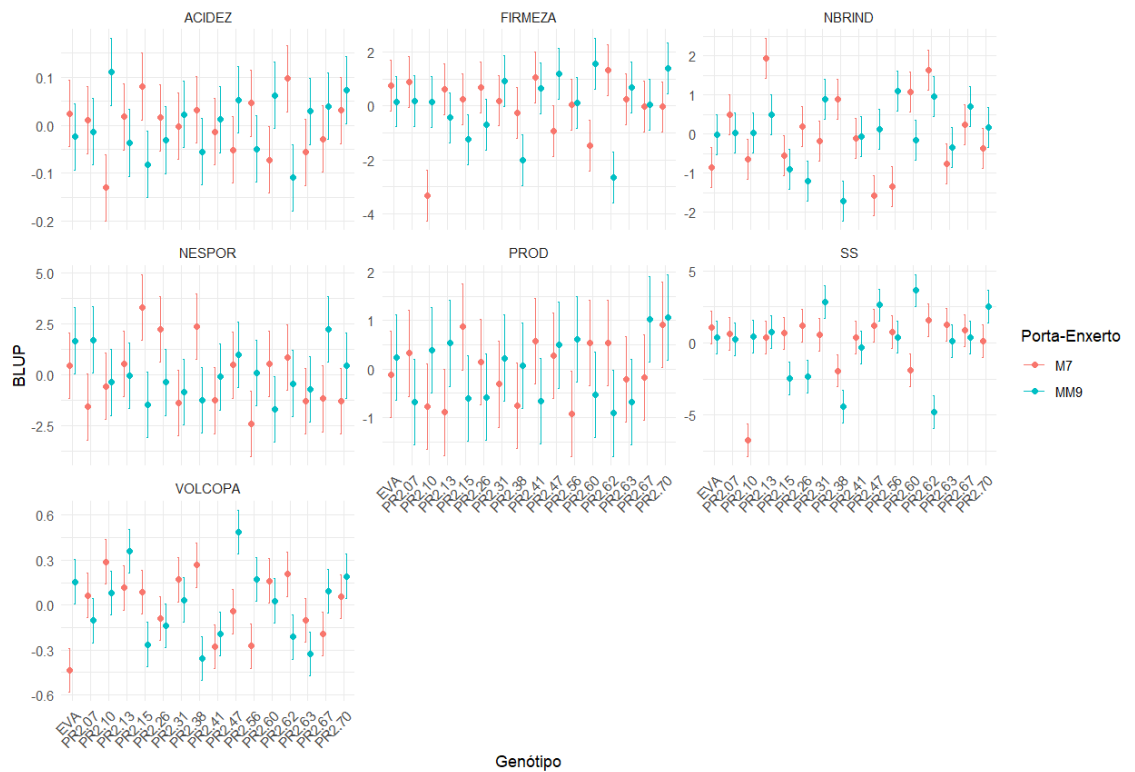
Variável	LRT_GEN	p_GEN	LRT_GENxPE	p_GENxPE	LRT_SAFRA	p_SAFRA
VOLCOPA	-5,28	1,00 ns	36,78	0,00 **	8,37	0,00 **
NESPOR	7,07	0,01 **	12,17	0,00 **	23,93	0,00 **
NBRIND	0,36	0,55 ns	26,31	0,00 **	47,58	0,00 **
PROD	7,49	0,01 **	7,72	0,01 **	383,64	0,00 **
FIRMEZA	3,75	0,05 ns	35,40	0,00 **	38,29	0,00 **
SS	3,98	0,05 *	76,03	0,00 **	116,85	0,00 **
ACIDEZ	14,51	0,00 **	19,72	0,00 **	58,42	0,00 **

*, **, ns **Significativo (p<0,05), altamente significativo (p<0,01) e não significativo, respectivamente.**

Os valores dos melhores previsores lineares não viciados (BLUPs) da interação Genótipo (copa) x Porta-enxerto (GEN x PE) demonstram especificidades que são cruciais para a seleção. Para as variáveis FIRMEZA e SS, o genótipo PR2.60 conduzido sobre o porta-enxerto Marubakaido/M-9 apresentou a melhor combinação, com valores genéticos preditos positivos de 1,55 e 3,62, respectivamente (Figura 7). Em contrapartida, o genótipo PR2.10 sobre o porta-enxerto M-7 apresentou valores genéticos negativos (-3,32 para FIRMEZA e -6,76 para SS), caracterizando-se como uma combinação desfavorável.

Essa divergência evidencia que, apesar da superioridade média de um porta-enxerto (como o M-7) para a maioria dos genótipos, há especificidades genéticas que justificam a adoção da combinação Marubakaido/M-9 (no caso de PR2.60) ou a não adoção do M-7 (no caso de PR2.10). A FIRMEZA de polpa é o caractere mais importante dentre os avaliados, pois representou a maior parte da variação na Análise de Componentes Principais, conferindo alta eficácia à seleção direta para este atributo. Os BLUPs, neste contexto, são fundamentais para a tomada de decisão em programas de melhoramento, pois permitem identificar com precisão a combinação genótipo (copa)/porta-enxerto que gera ganhos ou perdas de desempenho específicos em função da interação GEN x PE.

Figura 7 – Blups da interação genótipo (copa) x porta enxerto (GEN x PE) de todas as variáveis de dezesseis genótipos presentes no Banco de Germoplasma, com o uso dos porta enxertos Marubakaido/M9 (MM9) e M7.



VOLCOPA: volume de copa em (m³). **NESPOR:** número de esporões avaliados em quatro ramos principais de cada planta. **NBRIND:** número de brindilas avaliados em quatro ramos principais de cada planta. **PROD:** produção em (Kg planta⁻¹). **FIRMEZA:** firmeza de polpa em libra-força (Lb). **SS:** sólidos solúveis em °brix. **ACIDEZ:** acidez titulável em: meq. de ácido málico por 100 mL⁻¹.
Fonte: O autor.

Considerando que a produção apresentou baixa herdabilidade no sentido amplo (h^2 ampla < 0,15) e foi o caractere com menor contribuição genética relativa para a divergência entre os genótipos, utilizou-se o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Com o objetivo de contornar a influência do ambiente temporário (safras) e a interação genótipo x porta-enxerto observada nas quatro safras avaliadas (2021/22 a 2024/25) (Tabela 5).

Tabela 5 – Médias preditas (BLUPs) de produção (kg planta⁻¹) de 16 seleções de macieira e da cultivar Eva, sobre dois porta-enxertos (M7 e MM9), em quatro safras (2021/22 a 2024/25) em Palmas, PR.

Genótipos	Safra 2021/22		Safra 2022/23		Safra 2023/24		Safra 2024/25	
	M7	MM9	M7	MM9	M7	MM9	M7	MM9
EVA	0.88 Ab	2.07Aa	17.13 Aa	14.77 Ab	0.52 Ab	0.68 Aa	2.53 Ab	0.00 Ba
PR2.07	0.63 Ab	0.35 Aa	16.81 Aa	5.92 Bc	4.10 Ab	0.93 Aa	0.46 Ab	0.00 Aa
PR2.10	0.00 Ab	0.88 Aa	12.34 Ab	14.40 Ab	0.00 Ab	0.55 Aa	0.44 Ab	0.15 Aa
PR2.13	2.20 Ab	2.44 Aa	7.32 Ab	14.43 Ab	1.23 Ab	0.38 Aa	1.13 Ab	0.00 Aa
PR2.15	1.33 Ab	0.59 Aa	22.82 Aa	10.52 Ab	1.07 Ab	0.02 Aa	4.62 Aa	0.00 Ba
PR2.26	1.67 Ab	0.25 Aa	11.67 Ab	7.38 Ac	5.48 Aa	0.01 Ba	1.23 Ab	0.00 Aa
PR2.31	1.08 Ab	0.65 Aa	12.59 Ab	14.48 Ab	0.48 Ab	0.35 Aa	4.03 Aa	0.75 Ba
PR2.38	0.12 Ab	0.00 Aa	0.54 Bb	11.70 Ab	9.97 Aa	0.00 Ba	0.64 Ab	0.00 Aa
PR2.41	8.57 Aa	0.00 Ba	10.36 Ab	7.40 Ac	4.25 Ab	0.69 Ba	2.28 Ab	0.66 Aa
PR2.47	1.09 Ab	0.93 Aa	20.79 Aa	21.50 Aa	2.23 Ab	0.35 Aa	3.60 Aa	0.27 Ba
PR2.56	0.82 Ab	0.82 Aa	9.53Ab	15.47 Ab	0.81 Ab	1.83 Aa	0.78 Ab	0.15 Aa
PR2.60	1.64 Ab	1.18 Aa	12.65 Ab	7.44 Ac	7.72 Aa	0.95 Ba	3.76 Aa	0.91 Ba
PR2.62	2.51 Ab	0.00 Ba	14.28 Ab	4.97 Ac	3.59 Ab	0.07 Ba	3.32 Aa	0.15 Ba
PR2.63	1.22 Ab	0.18 Aa	6.31 Ab	3.88 Ac	2.57 Ab	0.21 Aa	4.66 Aa	0.13 Ba
PR2.67	2.69 Ab	1.13 Aa	16.11 Aa	26.25 Aa	0.74 Ab	0.00 Aa	4.83 Aa	0.55 Ba
PR2.70	2.18 Ab	1.49 Aa	23.09 Aa	25.11 Aa	7.67 Aa	5.79 Aa	6.62 Aa	1.98 Ba

Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha (comparação entre porta-enxertos) e minúscula na coluna dentro de cada safra (comparação entre genótipos) pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$).

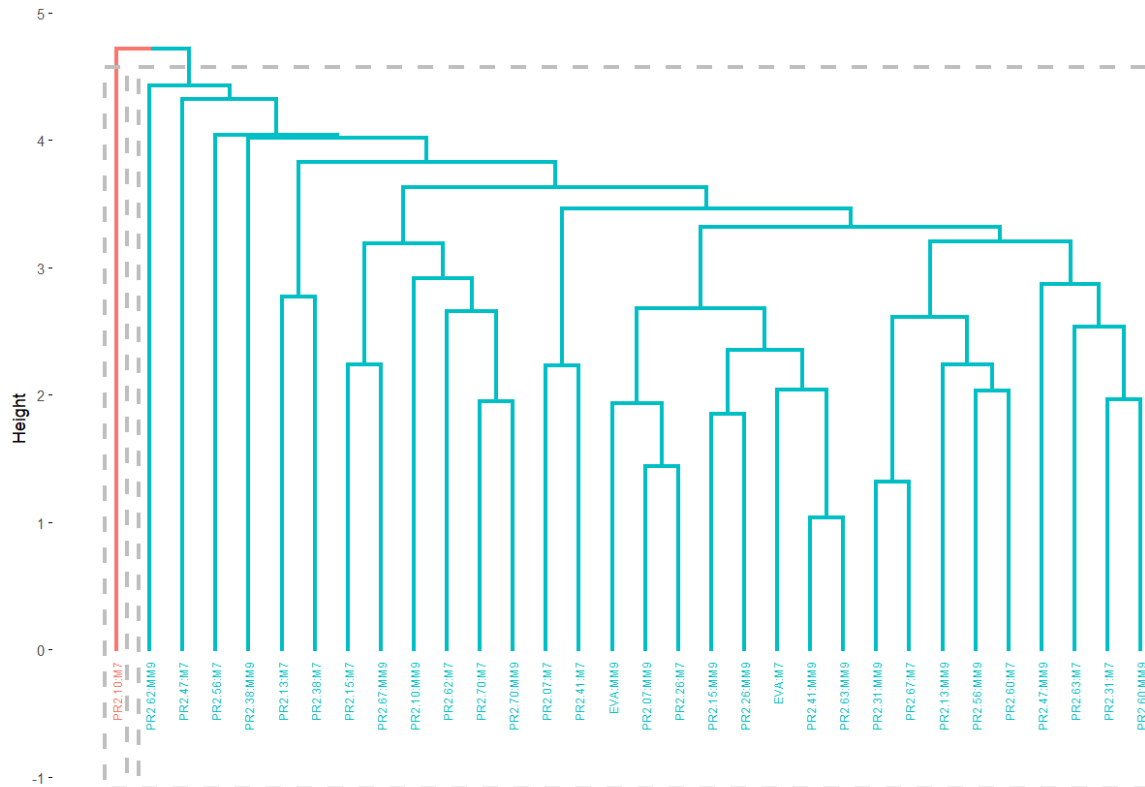
Este procedimento foi essencial para distinguir o desempenho das combinações 'PR', especialmente diante da baixa herdabilidade e da alta variabilidade ambiental observada entre as safras. Nota-se que o comportamento produtivo não foi uniforme, apresentando forte interação entre o genótipo (copa) e o porta-enxerto (GEN x PE) e entre as safras. Na safra 2022/23, a qual apresentou os maiores volumes de produção, o teste de Scott-Knott permitiu identificar um grupo superior composto por seleções como PR2.15, PR2.47, PR2.67 e PR2.70, que superaram ou se igualaram à 'Eva' em ambos os porta-enxertos. Dentre os genótipos avaliados, o PR2.70 demonstrou ser de maior potencial para o programa de melhoramento. Independentemente do porta-enxerto utilizado, de acordo com o teste de Scott-Knott, na safra 2022/23, obteve produção de 23,09 kg planta⁻¹ (M7) e 25,11 kg planta⁻¹ (MM9), superando a cultivar Eva. Esse desempenho sugere uma alta eficiência e adaptação climática às condições de Palmas, mesmo em anos de oscilação térmica.

A seleção PR2.47 também apresentou um comportamento expressivo, especialmente na safra 2022/23, onde obteve médias superiores a 20 kg planta⁻¹. O fato de esses genótipos manterem médias elevadas sobre o porta-enxerto M-7 confere maior estabilidade produtiva nas safras menos favoráveis (2021/22 e 2024/25) com uma interação positiva que pode ser explorada para garantir segurança produtiva ao produtor. Por outro lado, o declínio produtivo acentuado observado na safra 2024/25, onde muitos genótipos sobre MM9 apresentaram produção nula ou próxima a zero (como observado na PR2.15 e PR2.67), reforça a tese de que a baixa herdabilidade da produção é fruto de uma forte pressão ambiental. Nesse cenário de estresse, a manutenção de médias superiores pela PR2.70 (6,62 kg planta⁻¹ no M7) a isola como um material promissor pela sua resiliência e estabilidade fenotípica frente aos demais genótipos 'PR'.

Para avaliar a interação entre genótipo (copa) x porta-enxerto (GEN x PE) sobre as características avaliadas, foi realizada uma análise de agrupamento hierárquico com base nos valores genéticos preditos (BLUPs). O dendrograma resultante demonstra a similaridade entre as 32 combinações genótipo/porta-enxerto avaliadas. Observou-se a formação de apenas dois grupos hierárquicos, sendo um deles formado com 31 combinações genótipo (copa) /porta-enxerto, e o outro formado por apenas uma combinação, o genótipo PR2.10 conduzido sobre o porta-enxerto M-7 (Figura 8). Essa combinação foi mais distante das demais devido apresentar os valores genéticos mais negativos para a característica FIRMEZA de polpa, conforme já demonstrado nos valores de BLUPs (Figura 7).

Figura 8 – Dendrograma de similaridade das 32 combinações genótipo (copa)/porta-enxerto de macieira com base nos BLUPs da interação GENxPE, utilizando o método de agrupamento de UPGMA.

Fonte: O Autor

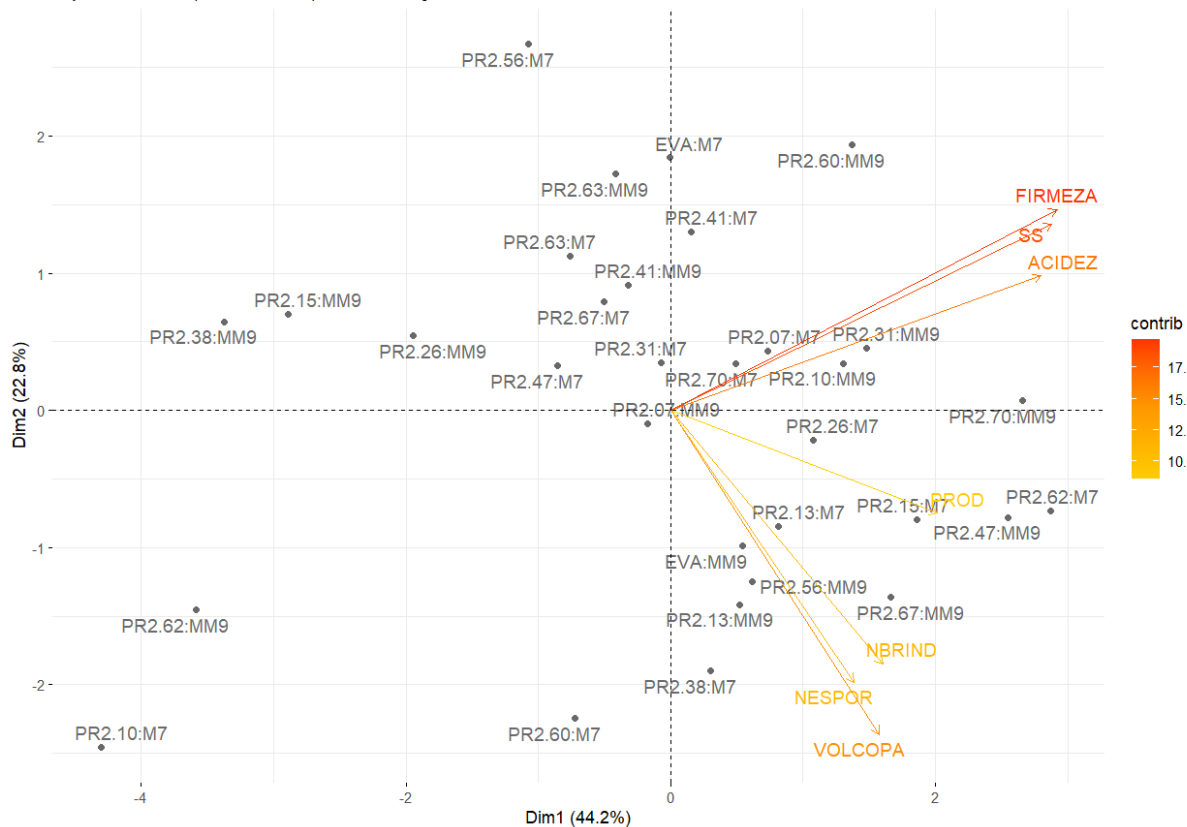


A análise de agrupamento hierárquico demonstrou a elevada similaridade genética entre as 32 combinações genótipo (copa) /porta-enxerto, resultando na formação de apenas dois grupos. Esta alta similaridade é justificada pela genealogia compartilhada, visto que a cultivar ‘Anna’ serviu como genitor masculino para 11 dos 16 genótipos avaliados. Esta observação valida o sucesso do método de pré-seleção dos 15 genótipos promissores do IDR-Paraná, embora tenha resultado no estreitamento da base genética. O dendrograma obteve um coeficiente de correlação cofenética de 0,70 em relação à matriz de distância de Mahalanobis, indicando uma boa acurácia de representação e permitindo, assim, a identificação precisa das combinações com desempenho genético semelhante.

Na Análise de Componentes Principais (ACP), os dois primeiros componentes representaram 67% da variação total, sendo que a variável firmeza de polpa foi responsável por 44,2% dessa variação (Figura 9). É importante ressaltar que, em espécies propagadas vegetativamente, como a macieira, o potencial genético dos

clones obtidos é fixado desde sua obtenção. Este comportamento contrasta com o de plantas autógamas anuais, nas quais o potencial genético varia a cada geração, exigindo o avanço contínuo em direção à homozigose. O método de seleção e a fixação do potencial genético nos clones são, portanto, contudentes na definição das futuras cultivares.

Figura 9 – Biplot de dispersão obtido a partir dos escores PC 1 e PC 2 para os 16 genótipos de macieira, conduzidos sobre dois porta-enxertos.



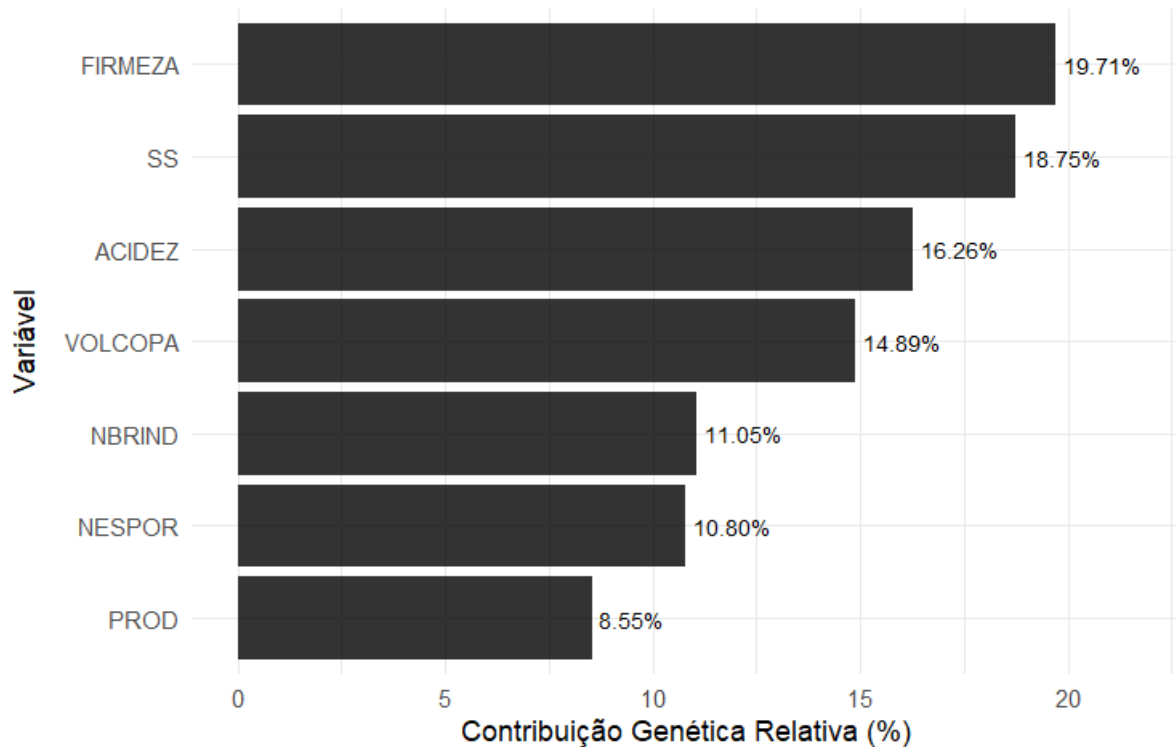
Além disso, frutos com menor firmeza de polpa, em geral, apresentam menor suculência, devido terem a polpa mais farinácea e mais seca, se comparados a frutos mais firmes (LUNARDI et al., 2004). A menor firmeza de polpa em maçãs não resulta apenas em menor apreciação sensorial pelos consumidores, mas também favorece a incidência de escurecimento da polpa e aumenta a vulnerabilidade dos frutos a danos mecânicos e podridões (ARGENTA et al., 2015). Frutos com firmeza de polpa abaixo de 12 Lb não são bem aceitos pelo mercado consumidor, pelo aumento da incidência de polpa farinácea e redução expressiva da suculência e crocância dos frutos (HARKER et al., 2002). No presente trabalho observou-se que a grande maioria das combinações entre genótipos e porta-enxertos obtiveram resultados de firmeza de

polpa abaixo de 12 Lb. Destaca-se a interação entre o genótipo PR2.62, conduzido sobre o porta-enxerto M-7, que apresentou índice de firmeza de polpa (8,44 Lb), bem maior quando comparado com os demais genótipos (6,95 Lb), mesmo assim, abaixo de 12 Lb recomendadas pela literatura, o que caracteriza que todos os genótipos tem baixa capacidade de serem conservados em câmara, exigindo que tenham comercialização rápida e direta.

Vale ressaltar que algumas combinações de genótipos e porta-enxertos apresentaram valores superiores a cultivar já lançada pelo Instituto Agrônômico do Paraná na década de 1970. Combinações essas, tanto sobre a utilização do porta-enxerto Marubakaido com interenxerto de M-9, como com M-7.

Sobre a contribuição genética relativa (CGR) das características à diversidade genética, verificou-se que as três características de pós-colheita dos frutos (FIRMEZA, SS e ACIDEZ) proporcionaram maior contribuição, pois em conjunto representaram 55% da divergência total (Figura 9). Estes resultados da CGR de Singh (1981) enfatizam que a variação genética predita na combinação genótipo (copa) /porta-enxerto está predominantemente associada a estas três características de pós-colheita, sendo as mais indicadas para serem priorizadas em índices de seleção que visam explorar o efeito da interação. Por outro lado, a PRODUÇÃO foi a menor contribuinte, o que normalmente ocorre devido à produção ser mais influenciada pelo ambiente, uma vez que é um caractere de herança poligênica. A produção é altamente dependente de diversos fatores ambientais e mudanças drásticas, especialmente em germoplasma não adaptado, representam risco para a agricultura ou preservação da espécie (MARTINS et al., 2010; WILLADINO e CÂMARA, 2010).

Figura 10 – Contribuição Genética Relativa dos caracteres para a divergência da interação Genótipo (copa) x Porta-Enxerto de macieira, estimada pelo método de Singh (1981) com base nos BLUPs.



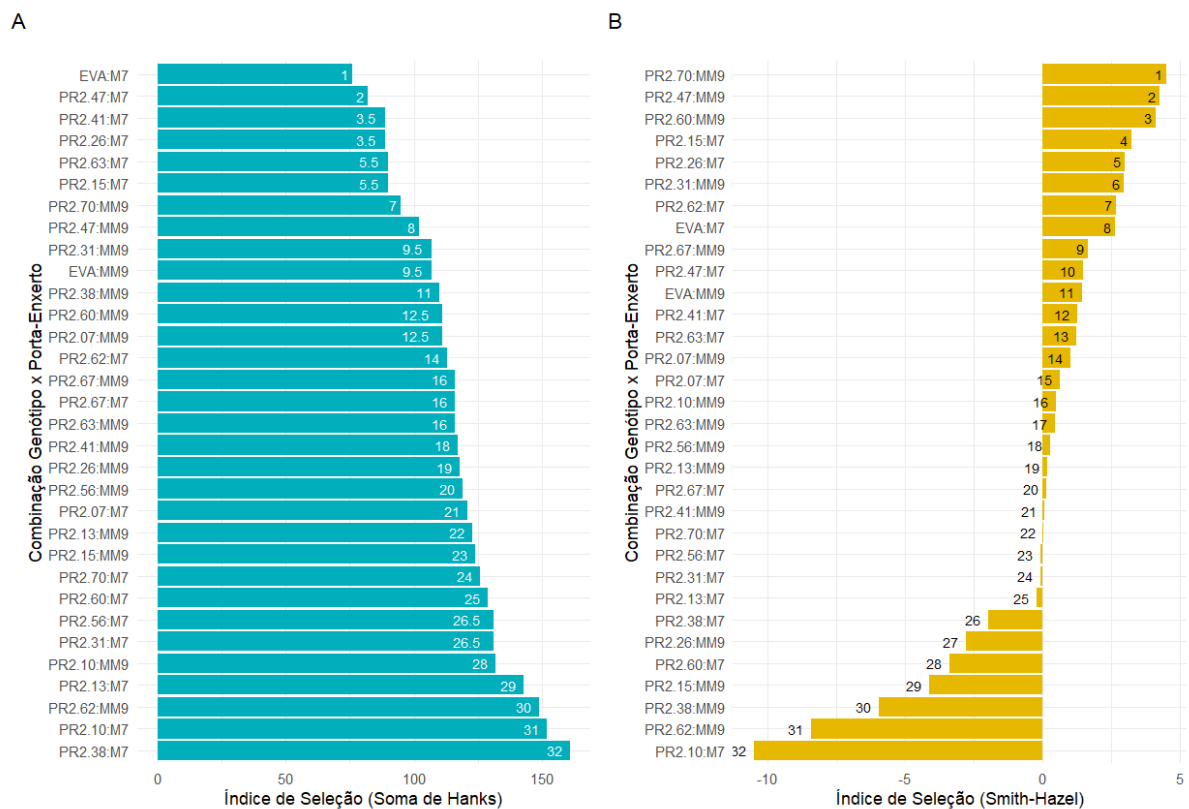
VOLCOPA: volume de copa em m³. **NESPOR:** número de esporões avaliados em 4 ramos principais de cada planta. **NBRIND:** número de brindilas avaliados em 4 ramos principais de cada planta. **PROD:** produção em Kg por planta. **FIRMEZA:** firmeza de polpa em libra-força (lb). **SS:** sólidos solúveis em ° brix. **ACIDEZ:** acidez titulável em: meq. de ácido málico por 100 ml⁻¹.
Fonte: O Autor

Para otimizar a seleção de genótipos superiores, foram calculados os índices de seleção de Smith-Hazel e de soma de Hanks para as diferentes combinações genótipo/porta-enxerto, com base nas suas médias corrigidas e BLUPs. Esses índices consideram tanto as variâncias genéticas quanto as correlações entre os caracteres, oferecendo um valor único para o potencial de melhoramento de cada genótipo e para cada uma das combinações entre genótipos e porta-enxerto.

A análise dos BLUPs revelou um comportamento específico e influenciado pela base genética dos materiais. É crucial destacar que 'Eva', 'PR2.41' e 'PR2.47' compartilham uma base genética estreita. As cultivares 'Eva' e 'PR2.41' são oriundas do cruzamento Gala x Anna, e 'PR2.47' é oriunda de Golden Delicious x Anna. Visto que a própria 'Gala' é derivada de Golden Delicious x Kidd's Orange Red, há uma elevada similaridade genotípica entre os três, o que justifica o ranqueamento

semelhante na combinação com o porta-enxerto M-7. Contudo, a seleção final foi otimizada pelo índice de Smith-Hazel, um método que considera a matriz de covariância genética entre os caracteres e os pesos atribuídos a cada um, sendo mais robusto que a soma de Hanks (uma abordagem mais simplificada). A seleção por este índice demonstrou que as combinações PR2.70/MM9, PR2.47/MM9 e PR2.60/MM9 foram ranqueadas como os três melhores genótipos, todos sobre o porta-enxerto MM9. Estes resultados são fundamentais para o programa de melhoramento genético, indicando os genótipos que devem ser avançados como possíveis novas cultivares de macieira, dada a sua performance otimizada.

Figura 11 – Ranking da combinação entre genótipo (copa) x porta-enxerto, com base nos índices de seleção por soma de Hanks (A) e de Smith-Hazel (B).



Fonte: O Autor

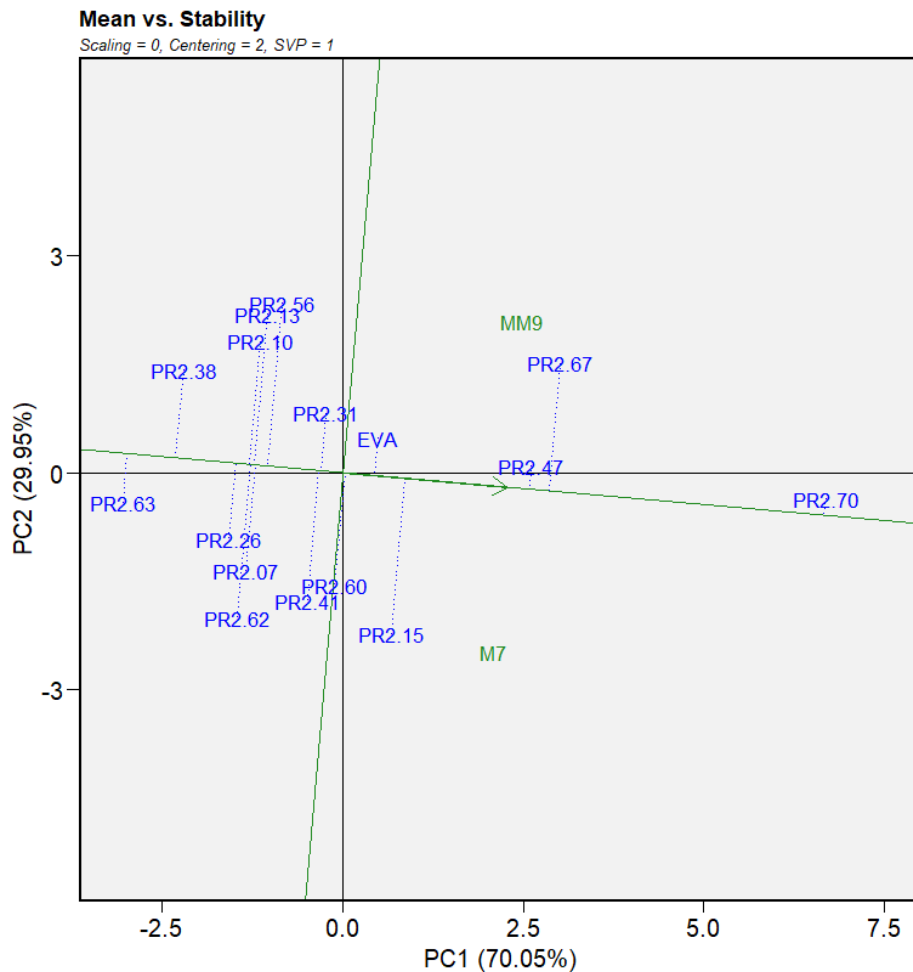
Os índices de seleção mostraram que diferentes combinações de genótipo-porta-enxerto foram selecionadas de acordo com cada um dos índices de seleção, resultado esse explicado pela forma como cada um dos índices realiza os cálculos, o

índice por soma de hanks utiliza uma abordagem mais simplificada considerado ao índice de Smith-Hazel que utiliza a matriz de covariância genética entre os caracteres e os pesos atribuídos a cada um, considerado o mais eficiente.

Apesar da eficiência dos índices de seleção de Mulamba & Mock e Smith-Hazel em identificar genótipos com caracteres agronômicos superiores de forma simultânea. A análise de adaptabilidade e estabilidade genotípica ganha importância devido à ocorrência de variações ambientais ocasionadas pela influência dos fenômenos climáticos El Niño e La Niña, durante as safras avaliadas. A alternância entre esses eventos resultou em variações significativas de temperatura e regime pluviométrico, submetendo as combinações de copa e porta-enxerto a condições de estresse hídrico e oscilações térmicas que influenciaram diretamente a fenologia e a fixação de frutos.

A análise visual via GGE Biplot (Figura 12) permitiu identificar o comportamento das combinações de genótipos (copa) de macieira sob os porta-enxertos M/M9 e M7. A seleção PR2.70 consolidou-se como o material de maior potencial produtivo médio (9,24 t/ha), apresentando o maior escore positivo para o PC1 (6,68). No que se refere à estabilidade produtiva, a seleção PR2.47 apresentou o escore de PC2 mais próximo de zero (0,08), o que indica alta estabilidade fenotípica, ou seja, uma produção constante independentemente do porta-enxerto utilizado. Por outro lado, a seleção PR2.15 apresentou alta instabilidade (PC2 = -2,23), demonstrando que sua performance é altamente dependente do vigor do sistema radicular, com clara preferência adaptativa ao porta-enxerto M7.

Figura 12 – Biplot *Mean vs. Stability* (Média vs. Estabilidade) demonstrando o ranking e a homeostase de genótipos de macieira através dos porta-enxertos M/M9 e M7.



Fonte: O autor.

A superioridade das seleções PR2.70 e PR2.47 não se restringiu apenas ao potencial produtivo e estabilidade perante os porta-enxertos. De forma complementar, os índices de seleção aplicados anteriormente demonstraram que estes materiais reúnem os melhores atributos qualitativos, com destaque para a elevada firmeza de polpa, balanço entre sólidos solúveis e acidez titulável.

A seleção PR2.70, além de ser a mais produtiva (9,24 t/ha), mantém sua performance qualitativa estável, o que é fundamental para o mercado de consumo *in natura*. Já a PR2.47 consolida-se como um material de dupla aptidão técnica: alta homeostase produtiva entre porta-enxertos (M/M9 e M7) e excelência em pós-colheita. Essa convergência entre índices de seleção e estabilidade via GGE Biplot

reforça a segurança na recomendação destas seleções como potenciais novas cultivares para a região. O estudo da interação genótipo × ambiente é fundamental para o sucesso na fruticultura de clima temperado (YAN; KANG, 2003). Nesse sentido, o conhecimento sobre a adaptabilidade e estabilidade de caracteres fenotípicos em diferentes locais ou anos é crucial quando o objetivo é selecionar as melhores combinações copa x porta-enxerto e aumentar o potencial produtivo da cultura.

5 CONCLUSÃO GERAL

Os parâmetros genéticos e os componentes de variância mostraram que alguns caracteres obtiveram valores desejáveis para a seleção de materiais com características específicas. A análise dos BLUEs mostrou que o porta-enxerto M-7 obteve as melhores medias ajustadas. Com relação aos BLUPs da interação genótipo x porta-enxerto (GEN x PE), o caractere firmeza de polpa foi o mais importante dentre os demais caracteres avaliados. A análise de agrupamento hierárquico com base nos valores genéticos preditos (BLUPs), demonstrou uma similaridade entre as 32 combinações de genótipo/porta-enxerto avaliadas, com a formação de apenas dois grupos hierárquicos. Na análise de componentes principais os dois primeiros componentes representaram 67% da variação total. A variável firmeza de polpa foi responsável por 44,2% da variação indicando uma maior contribuição para a variabilidade entre os genótipos. Para otimizar a seleção de genótipos superiores, foram calculados os índices de seleção de Smith-Hazel e de soma de Hanks. A seleção pelo índice de Smith-Hazel demonstrou que as combinações PR2.70/MM9, PR2.47/MM9 e PR2.60/MM9 foram ranqueadas como os três melhores genótipos, todos sobre o porta-enxerto MM9. A combinação do genótipo PR2.70 com o porta-enxerto Marubakaido com interenxerto de M-9 caracteriza-se pelo maior teto produtivo ($9,24 \text{ t/ha}^{-1}$) e elevada adaptabilidade, conciliando o incremento produtivo com a manutenção da qualidade físico-química (firmeza de polpa e sólidos solúveis). Já a seleção PR2.47 consolida-se como o genótipo de maior estabilidade produtiva perante a variação dos porta-enxertos Marubakaido com interenxerto de M-9 e M-7, demonstrando elevada resiliência fenotípica e excelência nos atributos qualitativos. Resultados pelos quais mostram ao programa de melhoramento genético que essas combinações de genótipo (copa) x porta-enxerto (GEN x PE), devem ser avançados como possíveis novas cultivares de macieira, ou utilizadas em novas hibridações dada a sua performance otimizada principalmente para as características de firmeza de polpa, sólidos solúveis e acidez titulável. A metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP) permitiu indicar as melhores combinações de genótipo (copa) x porta-enxerto para a obtenção de incrementos na produção de macieira, nas condições edafoclimáticas de Palmas, Paraná. Este trabalho contribui para o melhoramento de macieiras ao fornecer estimativas de parâmetros genéticos com alta acurácia Acm para um conjunto de genótipos (copa) e porta-enxertos.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS E PERSPECTIVAS

Os esforços de seleção devem focar em combinações específicas copa-porta-enxerto, em vez de genótipos individuais, visto que a expressão dos caracteres é significativamente modulada pelo porta-enxerto (M7 ou MM9).

As seleções PR2.70 e PR2.47, particularmente quando enxertadas sobre MM9, apresentam o maior potencial como novas cultivares de macieira para o programa do IDR-Paraná. A combinação PR2.70/MM9 destaca-se pela sua alta adaptabilidade e produtividade, enquanto a PR2.47 exibe uma estabilidade produtiva excepcional ao longo das safras e porta-enxertos, aliada a uma qualidade de pós-colheita superior.

6.1 Limitações

A principal limitação do trabalho, foi relacionada a ter sido avaliado em apenas um local devido a esses materiais estarem presentes apenas no banco de germoplasma no município de Palmas no Paraná. Fazendo com que as avaliações fiquem relacionadas ao microclima de uma região em específico.

6.2 Trabalhos futuros

Relizar avaliações desses materiais genéticos avaliados em outras regiões com diferentes microclimas ira trazer um benefício para a identificação de outros materiais para diferentes regiões, tornando possível a produção de macieira em regiões principalmente com invernos mais amenos quando comparadas a região inicial do estudo em Palmas, Paraná.

Outro estudo com potencial para ser realizado seria com as principais doenças da cultura da macieira, pensando principalmente em um futuro lançamento de um novo material genético.

REFERÊNCIAS

ANUÁRIO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA: ABPM, 2019. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta, 2019.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE MAÇÃ. ANUÁRIO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA. Produzir a maçã brasileira. ABPM, 2025. Disponível em: <https://www.abpm.org.br/maca-e-tudo-de-bom/produzir-a-maca-brasileira>. Acesso em: 24 out.2025.

ANUÁRIO BRASILEIRO DE HORTI&FRUTI. MAÇÃ: Menos chuva mais sabor. ABHF. 2025. Brazilian Horti&Fruit Yearbook. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta, 2025.

ARGENTA, L. C. **Fisiologia pós-colheita: Maturação, colheita e armazenagem dos frutos.** In: EPAGRI A cultura da macieira. Florianópolis, Epagri, 2006.

ARGENTA, L. C. et al. Diagnóstico da qualidade de maçãs no mercado varejista brasileiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.37, n.1, p.048-063, 2015.

BATES, D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal of Statistical Software**, 67(1), 1-48, 2015.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas.** 8. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523 p. Cap. 23.

BOSETTO, L. CARACTERIZAÇÃO E DIFERENCIAÇÃO ENTRE CULTIVARES DE MACIEIRA DESENVOLVIDAS EM SANTA CATARINA. 2021. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, 2021.

Brooks, R.M. and H.P. Olmo. 1972. Register of new fruit and nut varieties. Univ. of California Press, Berkeley.

BRUCKNER, C. H.; WAGNER JÚNIOR, A. **Métodos de melhoramento de fruteiras.** In: Fundamentos do melhoramento de fruteiras. Viçosa: UFV, 2008.

CAPISTRANO, M. da C.; ANDRADE NETO, R. de C.; SANTOS, VB dos; LESSA, LS; RESENDE, MDV de; MESQUITA, AG; GURGEL, F. de L. Utilização da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de laranja doce. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.56, e02032, 2021.

CARDOSO, L. S.; NACHTIGALL, G. R.; BERGAMASCHI, H.; PAULA, V. A. de; BOSCO, L. C.; MARODIN, G. A. B. Condições Meteorológicas e a fenologia de Macieiras na Região de Vacaria, RS. Bento Gonçalves, RS, **EMBRAPA**, comunicado técnico 145, ISSN 1516-8093, 2013.

CORNILLE, A.; GIRAUD, T.; SMULDERS, M. J. M.; RUIZ, I. R.; GLADIEUX, P. The domestication and evolutionary ecology of apples. **Trends in Genetics**, 2014.

COSTA, T. S.; SILVA, A. V. C da.; LEDO, A. da.; SANTOS, A. R. F. dos.; JUNIOR, J. F. da S. Diversidade Genética de acessos do banco de germoplasma de mangaba em Sergipe. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, 2011.

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

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

DENARDI, F.; KVITSCHAL, M. V.; BASSO, C.; BONETI, J. I. S.; KATSURAYAMA, Y. DESEMPENHO AGRONÔMICO DE PORTA-ENXERTOS DE MACIEIRA DA SÉRIE AMERICANA 'GENEVA' NO SUL DO BRASIL. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal-SP, v. 37, n. 1, p. 104-111, 2015.

EREZ, A. **Bud dormancy; phenomenon, problems and solutions in the tropics and subtropics**. In: EREZ, A. Temperate Fruit Crops in Warm Climates. The Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 2000.

FALEIRO, F. G.; AMABILE, R. F.; SILVA, C. B. M. C. Melhoramento de plantas: variabilidade genética, ferramentas e mercado / Editores técnicos, AMABILE, R.F.; VILELA, M.S.; PEIXOTO, J.R. - Brasília, DF: **Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas**, 2018.

FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. **FAOSTAT** – Statistics Division, 2019. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 13 dez. 2021.

FAORO, I. D. **Seleção de mutantes espontâneos de macieira** 2018. Epagri, Boletim Técnico, 2018.

FLECKINGER, J. **Observations récents sur l'écologie du pommier à cidre. Communication**. Congrès International de Botanique et d'Agronomie, Paris. Note Interne, INRA, Station d'Amélioration des Plantes, Versailles. 1953.

FORSHEY, C. Chemical fruit thinning of apples. **New York's Food and Life Sciences Bulletin**, n.116. 7p.1986.

FRANCESCATTO, P.; PETRI, J. L.; RACSKO, J.; COUTO, M.; DA SILVA, A. L. Avaliação fenológica das diferentes estruturas de frutificação das macieiras 'gala' e 'fuji' na região de Caçador-SC. **Revista Brasileira Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 37, n. 4, p. 913-923, 2015.

GAUTIER, M. **Les productions fruitières**. Paris, Lavoisier. 1988.

GIRARDI, C. L.; SANHUEZA, R. M. V.; BENDER, R. **Manejo Pós-Colheita e Rastreabilidade na Produção Integrada de Maçãs**. Circular técnica. Bento Gonçalves, Embrapa, 2002.

HARKER, F. R. et al. Sensory interpretation of instrumental measurements 1: texture of apple fruit. **Postharvest Biology and Technology**, Amsterdam, v.24, n.1, p.225-239, 2002.

HAUAGGE, R.; BRUCKNER, C. **Macieira**. In: Melhoria de Fruteiras de Clima Temperado. 1. ed. Viçosa: UFV, 2012.

HAUAGGE, R.; CUMMINS, J. N. Seasonal Variation in Intensity of Bud Dormancy in Apple Cultivars and Related Malus Species. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 116, n. 1, p. 107–115, 1991a.

HAUAGGE, R.; CUMMINS, J.N. Genetics of length of dormancy period in Malus vegetative buds. **Journal of American Society for Horticultural Science**, v. 116, p.121-126, 1991b.

HAWERROTH, F. J.; HERTER, F. G.; PETRI, J. L.; LEITE, G. B.; PEREIRA, J. F. M. I. **Dormência em frutíferas de clima temperado**. Embrapa Clima Temperado- Documentos (INFOTECA-E), 2010.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Produção de maçã. 2024. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/maca/br>. Acesso em: 24 de out. 2025.

IDR-Paraná. Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná, IAPAR - EMATER. Médias históricas da Estação Meteorológica de Palmas-pr. Disponível em: <https://www.idrparana.pr.gov.br/system/files/publico/agrometeorologia/medias-historicas/Palmas.pdf>. Acesso em: 29 de ago. 2025.

INMET. Instituto Nacional de Meteorologia. La Niña pode continuar até a primavera com intensidade entre fraca e moderada. 2022. Disponível em: <https://portal.inmet.gov.br/noticias/la-ni%C3%B1a-pode-continuar-at%C3%A9-a-primavera-com-intensidade-entre-fraca-e-moderada>. Acesso em: 24 out. 2025.

INPE. Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais. Painel El Niño: 2023-2024. Boletim mensal nº 6. Disponível em: https://dataserver.cptec.inpe.br/dataserver_diptc/web/Painel-Elnino/2023-2024/painel_el_nino_boletim_mensal_no_06.pdf. Acesso em: 24 out. 2025.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. Métodos físico-químicos para análise de alimentos. São Paulo: Instituto Adolfo Lutz, p. 567-587 2008. 1ª Edição Digital. Disponível em: http://www.crq4.org.br/sms/files/file/analisedealimentosial_2008.pdf. Acesso em: 30 out. 2021.

IUCHI V. L. **Botânica e fisiologia**. In: Epagri (Ed.) - A cultura da macieira. Epagri, Florianópolis, 2006.

JACKSON, J. E. **Apple production at low latitudes**. In: EREZ, A. Temperate Fruit Crops in Warm Climates. The Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 2000.

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. factextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses_. R package version 1.0.7. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=factextra>. Acesso em: 27 ago. 2025.

KÖEPPEN, W. **Climatologia**. Buenos Aires: Panamericana, 1948.

KLUGE, A. R.; NACHTIGAL, J. C.; FACHINELLO, J. C.; BILHALVA, A. B. Fisiologia e Manejo Pós-Colheita de Frutas de Clima Temperado. Campinas: **Editora Rural**, 2002.

KVITSCHAL, M. V.; HAWERROTH, M.; BRIGHENTI, A. F. Novas variedades de maçã no Brasil: situação atual, tendências e perspectivas. **Agropecuária Catarinense**, [S. l.], v. 31, n. 2, p. 124–130, 2018.

LÚCIUS, A. S. F.; OLIVEIRA, R. A. de; DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; BESPALHOK FILHO, J. C.; VERISSIMO, M. A. A. Desempenho de famílias de cana-de-açúcar em diferentes fases sem melhoramento genético via REML/BLUP. **Semina: Ciências Agrárias**, v.35, p.101-112, 2014.

LUNARDI, R. et al. Avaliação da suculência e da solubilização de pectinas em maçãs ‘Gala’ armazenadas em atmosfera controlada, em função de diferentes pressões parciais de O₂ e CO₂. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.28, n.1, p.95-101, 2004.

MALAGI, G.; SACHET, M. R.; CITADIN, I.; HERTER, F. G.; BONHOMME, M.; REGNARD, J. L.; LEGAVE, J. M. The comparison of dormancy dynamics in apple trees grown under temperate and mild winter climates imposes a renewal of classical approaches. **Trees**, 2015.

MARTINS, S. R.; SCHLINDWEIN, S. L.; D’AGOSTINI, L. R.; BONATTI, M.; VASCONCELOS, A. C. F.; HOFFMANN, A. F.; FANTINI, A. C. Mudanças climáticas e vulnerabilidade na agricultura: desafios para desenvolvimento de estratégias de mitigação e adaptação. **Revista Brasileira de Ciências Ambientais**. n. 17, p. 17-27, 2010.

Olivoto T, Lúcio AD (2020). “metan: An R package for multi-environment trial analysis.” **Methods in Ecology and Evolution**, v.11, n.6, p.783-789.

OPPENHEIMER, C.H.; SLOR, E. Breeding apples for subtropical climate II. Analysis of two F₂ and nine backcross populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 38, p.97-102, 1968.

PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V.; CORDEIRO, E. R. Índice multiefeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.6, p.799-807, 2002.

PATTO, L. S. Acrotonia da brotação de macieira em região de inverno ameno. 2016. 79 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, 2017.

PEREIRA, T. B.; CARVALHO, J. P. F.; BOTELHO, C. E.; RESENDE, M. D. V. de; REZENDE, J. C. de; MENDES, A. N. G. Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Bragantia**, v.72, p.230-236, 2013.

PETRI, J. L.; PALLADINI, J. A.; POLA, A. C. **Dormência e indução da brotação da macieira**. In: EPAGRI. A cultura da macieira. Florianópolis, 2006.

PETRI, J. L.; SOUZA, A.; LEITE, G. Análise de gemas de macieira como subsídio para orientação da poda. **Agropecuária Catarinense**, Florianópolis, v. 19, p. 53-56, 2006.

PETRI, J. L.; LEITE, G. B. **Macieira**. Revista Brasileira de Fruticultura, 2008.

PETRI, J. L.; LEITE, G. B.; COUTO, M.; FRANCESCOTTO, P. Avanços na cultura da macieira no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, Volume Especial, E. 048-056, 2011.

PERTILLE, R. H.; CITADIN, I.; OLIVEIRA, L. de S. de; BROCH, J. de C.; KVITSCHAL, M. V.; ARAUJO, L. The influence of temperature on the phenology of apple trees grown in mild winter regions of Brazil, based on long-term records. **Scientia Horticulturae**, v. 305, p. 111354, nov. 2022.

PRASAD, H. Studies on identification of bud sports in apple (*Malus x domestica* Borkh.). Tese. Dr. Yashwant Singh Parmar University of Horticulture and Foresti, India. 2020. Disponível em: <https://krishikosh.egranth.ac.in/displaybitstream?handle=1/5810143541>. Acesso em: 01 de fev. 2021.

R CORE TEAM (2024). R: **A language and environment for statistical computing**. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 29 de ago. 2025.

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

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

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

RESENDE, M. D. V.; FURLANI, E. Júnior; MORAES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE VALORES GENOTÍPICOS NO MELHORAMENTO DO CAFFEIRO PELO PROCEDIMENTO REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas – SP, 60(3), 185-193, 2 2001.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP**: a useful tool for plant breeding. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* v. 16(4), p. 330-339, dez. 2016.

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

REYES-VALDÉZ, M. H.; BURGUEÑO, J.; SINGH, S.; MARTÍNEZ, O.; SANSALONI, C. P. An informational view of accession rarity and allele specificity in germplasm banks for management and conservation. **Plos One**, v. 13, n. 2, p. 1-15, 2018.

RODRIGUES, W. P.; VIEIRA, H. D.; BARBOSA, D. H. S. G.; SOUZA FILHO, G. S.; CANDIDO, L. S. Adaptabilidade e estabilidade genotípica de genótipos de Coffea arabica com base em análise REML/BLUP no Estado do Rio de Janeiro, Brasil. **Genética e Pesquisa Molecular**, v.12, p.2391-2399, 2013.

SANTOS, R. P. A. Pós colheita de maçãs na empresa maná maçã Ltda, São Joaquim, Santa Catarina. 61 f. Relatório de Estágio Obrigatório apresentado ao Curso de Graduação em Agronomia, do Centro de Ciências Agrárias, da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis- SC, 2015.

SCARPARE, J. A. FILHO; MEDINA, R. B.; SILVA, S. R. **Poda de Árvores Frutíferas**. Piracicaba, 2011.

SILVA, J. O. C. Seleção em progênies S1 e S2 de pessegueiro via modelos mistos (REML/BLUP), 2013. Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Viçosa, MG, 2013.

Singh, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, V. 41, p.237-245, 1981.

VENABLES, W. N.; RIPLEY, B. D. **Modern Applied Statistics with S**. Fourth Edition. **Springer**, New York, 2002.

VOLK, G. M.; RICHARDS, C. M.; FORSLINE, P. L. A Comprehensive approach toward conserving Malus germplasm. Corvallis: **Acta Horticulturae**, 2010.

YAACOUBI, A. E.; MALAGI, G.; OUKABLI, A.; CITADIN, I.; HAFIDI, M.; BONHOMME, M.; LEGAVE, J. M. Differentiated dynamics of bud dormancy and growth in temperate fruit trees relating to bud phenology adaptation, the case of apple and almond trees. **International Journal of Biometeorology**, 2016.

WILLADINO, L.; CAMARA, T. R. Tolerância das plantas à salinidade: aspectos fisiológicos e bioquímicos. *Enciclopédia Biosfera*, v. 6, n. 11, p. 1-23, 2010.

WIXHAM, H.; AVERICK, M.; BRYAN, J.; CHANG, W.; VCGOWAN, L. D.; FRANÇOIS, R.; GROLEMUND, G.; HAYES, A.; HENRY, L.; HESTER, J.; KUHN, M.; PEDERSEN, T. L.; MILLER, E.; BACHE, S. M.; MULLER, K.; OOMS, J.; ROBINSON, D.; SEIDEL, D. P.; SPINU, V.; TAKAHASHIA, K.; VAUGHAN, D.; WILKE, C.; WOO, K.; YUTANI, H. "Welcome to the tidyverse.". **Journal, of Open Source Software**, v4(43), 1686. 2019.

Yan, W.; Kang, M. S. *GGE Biplot Analysis: A graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists*. **CRC Press**, 2003. E-book. Disponível em: <https://www.taylorfrancis.com/books/mono/10.1201/9781420040371/gge-biplot-analysis-weikai-yan-manjit-kang>.