



UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
CAMPUS PATO BRANCO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA



KELI CRISTINA FABIANE

**REAÇÃO DE PESSEGUEIROS A *Monilinia fructicola* (wint.) Honey E
SUA RELAÇÃO COM COMPONENTES BIOQUÍMICOS**

DISSERTAÇÃO

PATO BRANCO

2011

KELI CRISTINA FABIANE

**REAÇÃO DE PESSEGUEIROS A *Monilinia fructicola* (wint.) Honey E
SUA RELAÇÃO COM COMPONENTES BIOQUÍMICOS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós Graduação em Agronomia da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, *Campus* Pato Branco, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Agronomia - Área de Concentração: Produção Vegetal.

Orientador: Dr. Américo Wagner Júnior
Co-Orientador: Dr. Idemir Citadin

PATO BRANCO

2011

F118r Fabiane, Keli Cristina
Reação de pessegueiros a *Monilinia fructicola* (wint.) Honey e sua
relação com os componentes bioquímicos / Keli Cristina Fabiane / Keli
Cristina. Pato Branco. UTFPR, 2011
139 f. : il. ; 30 cm

Orientador: Prof. Dr. Américo Wagner Júnior

Co-orientador: Prof. Dr. Idemir Citadin

Dissertação (Mestrado) - Universidade Tecnológica Federal do
Paraná. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Pato Branco,
2011.

Bibliografia: f. 113 – 115

I. Divergência genética. 2. Melhoramento. 3. Resistência. !Wagner
Júnior, Américo, orient. II. Citadin, Idemir, co-orient. III. Universidade
Tecnológica Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em
Agronomia. IV. Título.

CDD: 630



Ministério da Educação
Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Campus Pato Branco
Gerência de Pesquisa e Pós-Graduação
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



TERMO DE APROVAÇÃO

Título da Dissertação n° 034

Reação de pessegueiros a *Monilinia fructicola* (wint.) Honey e sua relação com componentes bioquímicos

por

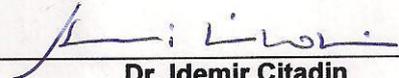
Keli Cristiane Fabiane

Dissertação apresentada às quatorze horas do dia vinte e quatro de fevereiro de dois mil e onze, como requisito parcial para obtenção do título de MESTRE EM AGRONOMIA, Linha de Pesquisa – Sistemas de Produção Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Pato Branco. A candidata foi argüida pela Banca Examinadora composta pelos professores abaixo assinados. Após deliberação, a Banca Examinadora considerou o trabalho. **APROVADO.....**

Banca examinadora:



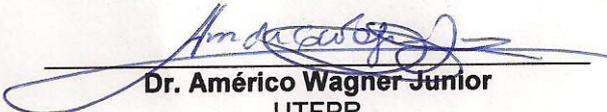
Dra. Maria do Carmo Bassols Raseira
EMBRAPA



Dr. Idemir Citadin
UTFPR



Dr. Alessandro Jaquiel Waclawovsky
UTFPR



Dr. Américo Wagner Junior
UTFPR
Orientador

Visto da Coordenação: _____

Prof. Dr. Idemir Citadin
Coordenador do PPGAG

Dedico:

Aos meus pais Jofre Orides Fabiane e Celi Fátima Raiher.

*Aos meus “segundos” pais, minha madrastra Elvira Tochetto e
meu padrasto Luis Vitorassi.*

*Aos meus avôs Mansueto (in memoriam) e Elvira Fabiane, e
Vicente (in memoriam) e Dona Tília Raiher*

*As minhas irmãs Kamila Cristina Fabiane, e Lhaís
Madalena Vitorassi.*

Ao meu irmão Arthur Jean Fabiane.

E ao meu amável esposo Giovanni Tochetto.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço as graças que o Maravilhoso Deus derramou em minha vida.

Sejam estas;

*pessoas incríveis que participam ou participaram de minha vida e de uma forma ou de outra me ensinam ou ensinaram algo;

*oportunidades (como esta) que vieram a somar no âmbito profissional, mas com enormes ganhos no pessoal.

* “simplesmente” o milagre de Sua presença ainda mais forte quando não somos dignos dela.

Muito Obrigado Senhor por me amar!

Agradeço aos meus pais por terem me aceitado, me amado e dado seu melhor para me fazer uma pessoa de bem, a minha mãe que me ensinou com duras lições a ser guerreira, e ao meu pai que inseriu em mim conceitos de honestidade e fé. Quanto a minha educação ainda agradeço a minha ‘nona Elvira’ (como gosto de chamá-la) por ter me protegido tantas vezes, se preocupado tantas vezes comigo e por ter me dado tudo que podia para que eu não desistisse. Agradeço também, a minha madrasta que me aceitou, educou e por que não dizer amou como filha e ao meu padrasto pelo apoio e incentivo.

Agradeço a minha irmã Kamila, pois embora muitas brigas, eu a amo e me orgulho muito dela, e em vários momentos da vida, mesmo ela ainda sendo uma criança, seu apoio e seu amor foram fortalecedores. Agradeço aos meus irmãos Lhais e Arthur por tanto amor.

Agradeço por todo apoio, confiança e incentivo, mas principalmente por todo amor e compreensão ao meu companheiro e grande amor da minha vida, Giovanni. Obrigada por ser meu ‘porto seguro’.

Agradeço ao meu orientador, primeiramente por ter me aceitado e confiado em mim quando nem ao menos, me conhecia, também por todos os seus conhecimentos compartilhados, tanto científicos, quanto seu próprio exemplo de integridade. Agradeço suas broncas, suas brincadeiras e sua amizade. Obrigado por tudo mesmo.

Agradeço a minha amiga Magali, que desde o primeiro dia na faculdade sentou ao meu lado e dali nunca mais saiu, mesmo longe agora, permanece ao meu lado em todos os momentos felizes e nas dificuldades, como sempre me ‘puxando a orelha’ e me incentivando.

Agradeço de forma especial aos amigos Jéssica e Cristiano primeiramente pela lealdade, companheirismo nas viradas de noite no laboratório, pela pareceria até nos domingos e feriados. Mas principalmente pela amizade e consideração.

Agradeço ao Juliano por todos os seus ensinamentos de laboratório, por sua cumplicidade e principalmente por sua valiosa amizade. Agradeço ainda a Geisiane pela amizade e pela ajuda no laboratório.

Agradeço ao Prof. Idemir e a todos seus estagiários, principalmente a Sílvia por terem sido tão prestativos e solidários, também por cuidarem tão bem do pomar, o que possibilitou a realização deste trabalho.

Agradeço aos professores do PPGA pelo compartilhamento de conhecimentos. Agradeço também a Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Pato Branco, pela oportunidade de realização do curso, e ao Campus Dois Vizinhos pela disponibilização do espaço e materiais para a realização deste trabalho.

A Fundação Araucária pela bolsa de estudos concedida.

Agradeço aos colegas de curso, aos estagiários e aos frequentadores do laboratório pela conversas, brincadeiras e pela paciência. Agradeço a funcionária Sandra pela amizade.

Agradeço a todos aqueles que, mesmo que não tenham sido citados aqui, contribuíram de alguma forma para a realização desta etapa.

OBRIGADA A TODOS...

OBRIGADA POR TUDO!!!

*“Há duas formas para viver a sua vida:
Uma é acreditar que não existe milagre.
A outra é acreditar que todas as coisas são um milagre!”*

“Albert Einstein”

*Comece fazendo o que é necessário, depois o que é possível, e de repente
você estará fazendo o impossível.*

“São Francisco de Assis”

*"A vida não dá e nem empresta, não se comove e nem se apieda.
Tudo quanto ela faz é retribuir e transferir aquilo que nós lhe
oferecemos.*

“Albert Einstein”

*Bom mesmo é ir à luta com determinação,
abraçar a vida com paixão,
perder com classe
e vencer com ousadia,
porque o mundo pertence a quem se atreve
e a vida é "muito" para ser insignificante.*

“Augusto Branco”

RESUMO

FABIANE, Keli Cristina. Reação de pessegueiros a *Monilinia fructicola* (wint.) Honey e sua relação com os componentes bioquímicos. 139 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, 2011.

A podridão parda, causada pelo fungo *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey, é a principal doença das fruteiras de caroço (*Prunus* spp.) uma vez que pode ser encontrada em praticamente todos os pomares, causando severas perdas aos fruticultores. Os principais sintomas dessa doença são a queima das flores, cancos e lesões nos ramos e podridões nos frutos. Assim, os prejuízos econômicos da podridão parda podem ocorrer desde a floração, estendendo-se até as fases de pré e pós-colheita dos frutos. Este trabalho teve por objetivos (i) testar a reação de diversos genótipos de pessegueiro à podridão parda, identificando-se os resistentes e/ou com tolerância à podridão parda em flores; (ii) identificar possíveis fontes de resistência e/ou tolerância a essa doença em frutos; e (iii) identificar os mecanismos de resistências associados as características físicas, químicas e bioquímicas em frutos de pessegueiro; iv) identificar genótipos com características bioquímicas superiores; v) estudar a divergência genética dos genótipos de pessegueiro. O trabalho foi realizado no Laboratório de Fitossanidade, da Universidade Tecnológica Federal do Paraná – *Campi* Dois Vizinhos e Pato Branco nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011. Os genótipos analisados pertencem coleção de pessegueiro implantado na área experimental da UTFPR, no município de Pato Branco, PR. Foram testados 5 e 16 genótipos no primeiro e no segundo ciclo, respectivamente, quanto à reação à podridão parda nas flores. Quanto à reação da doença nos frutos foram testados 26 e 29 genótipos de pessegueiro nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. Os testes da reação dos genótipos a doença para ambos os órgãos (flores e frutos) foram realizados avaliando-se a incidência nas flores e a incidência e severidade nos frutos após a inoculação do patógeno. Os frutos foram avaliados quanto às características físico-químicas e bioquímicas, sendo estudadas as possíveis correlações entre as variáveis epidemiológicas e de qualidade dos mesmos. Os genótipos foram caracterizados quanto aos componentes bioquímicos. Também se estudou a divergência genética entre os genótipos tanto pelas variáveis epidemiológicas quanto pelas características bioquímicas. Pelos resultados obtidos, houve diferentes níveis de respostas quanto à suscetibilidade a podridão parda em flores, sendo que os genótipos ‘Cascata 1070’ e ‘Cascata 1055’ foram os que apresentaram menor suscetibilidade a mesma, tendo assim potencial de uso em pomares ou como genitores em futuros programas de melhoramento. Frutos dos genótipos ‘Tropic Beauty’, ‘Cascata 962’, ‘Conserva 1187’, ‘Kampai’, ‘Cascata 1063’, ‘Tropic Snow’ e ‘Rubimel’ foram os que apresentaram menor incidência e severidade a podridão parda nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011, indicando-as como tolerantes a doença. Não houve correlação entre a incidência de podridão parda nas flores e incidência e severidade da doença nos frutos. Houve correlação entre o teor de SST, pH, açúcares redutores e totais, teor de aminoácido e a enzima FAL para respostas dos frutos quanto à podridão parda.

Palavras-chave: divergência genética; melhoramento; resistência

ABSTRACT

FABIANE, Keli Cristina. Reaction of peach genotypes to *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey and its relation to the biochemical components. 139 f. Thesis Master of Degree in Agronomy) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, 2011.

The brown rot caused by the fungus *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey, is the main disease in stone fruit trees (*Prunus* spp.). It can be found in almost all fruit orchards, causing severe losses to fruit growers. The main symptoms of this disease are the blossom blight, twig cankers and necrosis and, fruits rot. Thus, the economic losses of brown rot may occur since flowering, extending to the pre-and post-harvest fruit phases. The aim of this study were (i) to test the brown rot reaction of different peach genotypes, identifying the resistant or tolerant ones to brown rot on flowers, (ii) to identify resistance and/or tolerance sources to this fruit disease and (iii) to identify resistance mechanisms associated with the physical, chemical and biochemical characteristics in peach fruits, iv) to identify superior genotypes for biochemical characteristics; v) to study the genetic divergence of peach genotypes on the UTFPR collection. The work was carried out at Laboratório de Fitossanidade, Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) – *Campi* Dois Vizinhos and Pato Branco, in the 2009/2010 and 2010/2011 production cycles. The genotypes analyzed were the peach collection of the UTFPR, in Pato Branco, PR. Five and 16 genotypes were tested in the first and second cycles, respectively, in relation for flowers brown rot reaction. For fruit disease reaction 26 and 29 peach genotypes were tested in the production cycles 2009/2010 and 2010/2011, respectively. The tests aimed to evaluate the flower incidence and the fruits incidence and severity, after pathogen inoculation. The physical-chemical and biochemical fruit characteristic, and were evaluated as well as their relation if any with epidemiological variables. Genotypes were also determined by biochemical fruit characteristics. The genetic divergence among peach genotypes for epidemiological variables and biochemical fruit characteristics was also studied. Different levels of susceptibility to blossom blight were obtained, being the 'Cascata 1070' and 'Cascata 1055' the ones with lowest susceptibility, demonstrating potential for use in orchards or as parents in future breeding programs. The 'Tropic Beauty', 'Cascata 962', 'Conserva 1187', 'Kampai', 'Cascata 1063', 'Tropic Snow' and 'Rubimel' peach genotypes showed the lowest incidence and severity for brown rot in the 2009/2010 and 2010/2011 cycles, which indicates them as disease possible tolerant. There was no correlation between the blossom blight incidence percentage and the brown rot fruit incidence and severity. There were correlation between TSS, pH, reducing sugars, total amino acid content and PAL enzyme for brown rot reaction.

Keywords: genetic divergence; breeding; resistance.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1** - Dendograma de dissimilaridades genéticas entre 9 genótipos de pessegueiro (ciclo 2009/2010) obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base no percentual de incidência de podridão nas flores, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 9 genótipos. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.....28
- Figura 2** - Dendograma de dissimilaridades genéticas entre 16 genótipos de pessegueiro (ciclo 2010/2011) obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base no percentual de incidência de podridão nas flores, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 16 genótipos. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.....29
- Figura 3** - Técnica dos ramos em copos com água. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.....38
- Figura 4** - Técnica das flores destacadas acondicionadas em caixas Gerbox[®] umidecidas. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.38
- Figura 5** - Dendograma de dissimilaridades genéticas entre 26 genótipos de pessegueiro (ciclo 2009/2010) obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base nas variáveis de incidência e severidade de podridão parda nos frutos em 2009, utilizando-se a distância generalizada de mahalanobis. No eixo x foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo y foram representados os 26 genótipos. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.....59
- Figura 6** - Dendograma de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos de pessegueiro (ciclo 2010/2011) obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base nas variáveis de incidência e severidade de podridão parda nos frutos em 2010, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 29 genótipos. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.60
- Figura 7** - Distribuição dos 26 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e açúcar redutor (CP2) no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.85
- Figura 8** - Distribuição dos 26 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e aminoácido (CP3) no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.....85
- Figura 9** - Distribuição dos 26 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e proteína (CP4) no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.....86

- Figura 10** - Distribuição dos 29 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e açúcares redutores (CP2) no produtivo ciclo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 201187
- Figura 11** - Distribuição dos 29 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e aminoácido (CP3) no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 201188
- Figura 12** - Distribuição dos 29 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e proteína (CP4) no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.....88
- Figura 13.-** Dendograma de dissimilaridades genéticas entre 26 genótipos de pessegueiro (ciclo 2009/2010), obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base nas características bioquímicas, utilizando-se a distância generalizada de mahalanobis. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 26 genótipos. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011. .93
- Figura 14** - Dendograma de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos de pessegueiro (ciclo 2010/2011) obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base nas características bioquímicas, utilizando-se a distância generalizada de mahalanobis. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 29 genótipos. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011. .94

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1** - Incidência de podridão parda em flores de 19 genótipos de pessegueiro inoculadas com *M. fructicola*, nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.....24
- Tabela 2** - Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, entre 9 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.....25
- Tabela 3**- Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, entre 16 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, Campus Pato Branco, 201125
- Tabela 4** - Incidência de podridão parda em flores de pessegueiro de diferentes genótipos submetidos à duas metodologias de avaliação. UTFPR, Campus Pato Branco 201139
- Tabela 5** - Genealogia dos genótipos de pessegueiro submetidos a diferentes metodologias de avaliação das flores quanto à reação a *M. fructicola*. UTFPR, Campus Pato Branco, 201140
- Tabela 6**- Escala da severidade da doença causada pelo fungo *M. fructicola* em pêssegos (Wagner Júnior, 2003; Wagner Júnior et al., 2005b). UTFPR, Campus Pato Branco, 201148
- Tabela 7**- Incidência de podridão parda em frutos de 30 genótipos de pessegueiro, a 72 e 120 horas após inoculados com *M. fructicola*, nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.....51
- Tabela 8** - Severidade de podridão parda em frutos de 30 genótipos de pessegueiro, a 72 e 120 horas após inoculados com *M. fructicola*, nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.53
- Tabela 9** - Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, utilizando-se as 4 variáveis analisadas, baseado na distância de Mahalanobis, entre 26 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.....55
- Tabela 10** - Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, utilizando-se as 4 variáveis analisadas, baseado na distância de Mahalanobis, entre 29 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR, ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011....56
- Tabela 11**- Teores de açúcares total e redutor, aminoácidos, proteínas, FAL, fenóis, antocianinas e flavonóides de pêssegos de 26 genótipos no ciclo 2009/2010. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.....80

Tabela 12- Teores de açúcares total e redutor, aminoácidos, proteínas, FAL, fenóis, antocianinas e flavonóides de pêssegos de 29 genótipos no ciclo 2010/2011. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011.....	81
Tabela 13- Estimativa de autovalores e da proporção da variância explicada pelos componentes principais obtidos pela análise de caracteres avaliados em 26 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR, ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011.....	82
Tabela 14- Estimativa de autovalores e da proporção da variância explicada pelos componentes principais obtidos pela análise de caracteres avaliados em 29 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR, no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011.....	82
Tabela 15- Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, entre 26 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR para características bioquímicas, no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011	90
Tabela 16- Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, entre 29 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR - Pato Branco/ PR, para característica bioquímica, no ciclo 2010/2011. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011 ..	91
Tabela 17- Correlação de Pearson entre as variáveis epidemiológicas de flores e frutos de 5 genótipos de pessegueiro, ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011.....	108
Tabela 18- Correlação de Pearson entre as variáveis epidemiológicas de flores e frutos de 13 genótipos de pessegueiro, ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011.....	108
Tabela 19- Correlação de Pearson entre as variáveis epidemiológicas dos frutos e caracteres físico-químicos de 26 e 29 genótipos de pessegueiro avaliados nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011.	109
Tabela 20- Correlação de Pearson entre as variáveis epidemiológicas a 72 h dos frutos e caracteres bioquímicos de 26 e 29 genótipos de pessegueiro avaliados nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011.	110
Tabela 21 - Correlação de Pearson entre as variáveis epidemiológicas a 120 h dos frutos e caracteres bioquímicos de 26 e 29 genótipos de pessegueiro avaliados nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011	111

LISTA DE SIGLAS

CP	Componente principal
CV	Coeficiente de variação
FAL	Fenilalanina amôniaíase
FAO	Food and Agricultural Organization
IBRAF	Instituto Brasileiro de Frutas
SST	Sólidos Solúveis Totais
UTFPR	Universidade Tecnológica Federal do Paraná

LISTA DE ABREVIATURAS

mg. g ⁻¹	Miligramas por grama
p	Probabilidade
pH	Potencial hidrogeniônico
ptna	Proteína
UAbs/min/mg ptna.	Unidade de absorbância por minuto por miligramas de proteína

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	10
1.1 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	14
2 REAÇÃO DE FLORES DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE PESSEGUIRO À PODRIDÃO PARDA	17
2.1 INTRODUÇÃO	19
2.2 MATERIAL E MÉTODOS	21
2.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES	23
2.4 CONCLUSÃO.....	30
2.5 REFÊRENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	31
3 TÉCNICAS PARA ANÁLISE DA REAÇÃO DE FLORES DE PESSEGUIRO A PODRIDÃO PARDA	33
3.1 INTRODUÇÃO	35
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	37
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES	39
3.4 CONCLUSÃO.....	41
3.5 REFÊRENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	42
4 REAÇÃO DE FRUTOS DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE PESSEGUIRO À PODRIDÃO PARDA	43
4.1 INTRODUÇÃO	45
4.2 MATERIAL E MÉTODOS	47
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES	50
4.4 CONCLUSÕES	61
4.5 REFÊRENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	62
5 SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE PESSEGUIRO QUANTO A CARACTERIZAÇÃO BIOQUÍMICA DOS FRUTOS	64
5.1 INTRODUÇÃO	66
5.2 MATERIAL E MÉTODOS	68
5.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES	72
5.3.1 Análises Bioquímicas dos Frutos	72
5.3.1.1 Teor de açúcares totais e redutores nos frutos	72
5.3.1.2 Teor de aminoácidos e proteínas nos frutos.	74
5.3.1.3 Atividade da enzima FAL.....	76
5.3.1.4 Fenóis totais dos frutos	76
5.3.1.5 Antocianinas e flavonóides dos frutos	77
5.3.2. Estudo da Divergência Genética	82

5.3.3 Análise dos Resultados e Identificação das Populações Superiores	95
5.4 CONCLUSÕES	96
5.5 REFÊRENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	97
6 ESTUDO DAS POSSÍVEIS CORRELAÇÕES ENTRE A RESISTÊNCIA À PODRIDÃO PARDA EM FLORES E FRUTOS DE PESSEGUEIRO E ENTRE A RESISTÊNCIA DE FRUTOS A PODRIDÃO PARDA COM CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICOS E BIOQUÍMICOS DOS MESMOS.....	100
6.1 INTRODUÇÃO	102
6.2 MATERIAL E MÉTODOS	104
6.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES	108
6.4 CONCLUSÃO.....	112
6.5 REFÊRENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	113
7. CONSIDERAÇÕES FINAIS	116
APÊNDICES	120
ANEXOS	129

1 INTRODUÇÃO GERAL

O pessegueiro, considerado cultura típica de regiões temperadas (onde normalmente acumula-se de 600 a 1.200 horas de frio abaixo de 7,2°C), atualmente vem sendo cultivado em locais com baixo acúmulo de frio hibernal (ou seja, com menos de 100 horas abaixo de 7,2°C). Isso se deve ao intenso trabalho de melhoramento genético na cultura, que possibilitou a criação e seleção de cultivares melhor adaptadas às diversas condições climáticas (BARBOSA et al., 1997; RASEIRA; NAKASU, 2002)

Entretanto, com a expansão da cultura para regiões de clima subtropical úmido, houve aumento na incidência e no grau de severidade de algumas doenças, principalmente causadas por agentes bióticos, como fungos, que além de diminuir a produção, prejudicam também a qualidade dos frutos (WAGNER JÚNIOR et al., 2008), como por exemplo, a podridão parda.

O clima brasileiro nos Estados produtores de pêssegos é favorável ao desenvolvimento do patógeno, considerando que o ciclo vegetativo da cultura, no hemisfério sul, estende-se de agosto a dezembro, período com elevada temperatura e chuvas bem distribuídas (NEGRI, 2007). As epidemias de podridão parda sempre ocorrem com umidade relativa elevada, sendo a temperatura ótima de 25°C para o crescimento micelial, germinação e produção de conídios, necessitando-se de período mínimo de 18 horas a 10°C e de 5 horas a 25°C para ocorrência de infecção (CARVALHO, 1980; BLEICHER, 1997; MARTINS et al., 2005).

Esta doença pode ser causada por três espécies do gênero *Monilinia*, *M. fructicola* (G. Winter) Honey, *M. laxa* (Aderhold & Ruhland) Honey e *M. fructigena* (Aderh. & Ruhl.) Honey (BATRA, 1991). A *M. fructigena* é endêmica na Europa e foi eliminada da América do Norte (OGAWA et al., 1995), região onde *M. fructicola* ocorre abundantemente. Há relatos de ocorrência também no Japão, Austrália, América do Sul, França, Espanha e Áustria, mas foi erradicada nos dois últimos países, além de ter sido encontrada em pêssegos importados na Suíça (BOSSHARD et al., 2006) e na Hungria (OEPP/EPPO, 2005). A *M. laxa* é o patógeno responsável pelas grandes perdas na Europa (OGAWA et al., 1995).

Com isso, pode-se perceber que a podridão parda possui importância econômica em quase todas as regiões produtoras do mundo (GRADZIEL et al.,

1998), provocando sérios prejuízos econômicos decorrentes da diminuição da capacidade produtiva do pomar e da sanidade dos frutos após sua colheita.

Os prejuízos econômicos da podridão parda podem ocorrer desde a floração, estendendo-se até fase de pós-colheita dos frutos, quando ocorre disseminação rápida desta entre os mesmos, tanto no pomar, quanto durante o transporte e armazenamento (CARVALHO; CHALFOUN, 1997).

Este fungo ataca as partes aéreas das plantas hospedeiras, causando vários sintomas, os quais incluem lesões em flores, cancrios nos ramos e podridões nos frutos (WAGNER JÚNIOR et al., 2005a; WAGNER JÚNIOR et al., 2005b). Os primeiros sintomas da doença são o pardeamento e morte das flores, ficando aderentes ao pedúnculo por tempo indeterminado. Nos ramos e nos galhos ocorrem lesões e cancrios (WAGNER JÚNIOR, 2003).

Nos frutos, os sintomas começam com pequenas manchas circulares e pardas, que se somam rapidamente, até criar ampla zona mole e parda. Em poucos dias, o fruto estará completamente infectado, ficando recoberto por massa cinza, pulverulenta de esporos assexuais denominados conídios. Os conídios aparecem rapidamente na superfície do fruto projetando-se ao ar e, os frutos deixados na árvore se desidratam e mumificam, persistindo indefinidamente (WESTWOOD, 1982).

Porém, a reação ao fungo difere durante o período de desenvolvimento dos frutos. No início, eles são altamente suscetíveis, tornando-se resistentes, próximo ao período de endurecimento do caroço e, mais tarde, no período de maturação, tornam-se novamente altamente susceptíveis (GRADZIEL, 1994). Ferimentos em frutos causados por pássaros e insetos criam pontos de entrada para infecção e fontes de nutrientes para subseqüentes esporulações (EMERY; MICHAILIDES; SCHERM, 2000).

Para o controle da podridão parda no campo inicialmente são adotadas medidas culturais, que têm por finalidade a eliminação ou redução das fontes de inóculo. Estas incluem a remoção de frutos mumificados dos ramos e do chão, realização de podas de inverno e de limpeza com a retirada de ramos, flores e frutos doentes (BYRDE; WILLETTS, 1977). Outras medidas, também importantes, são a retirada das flores com sintomas, frutos raleados e abortados que ficam retidos nos ramos, já que estas estruturas podem atuar como inóculo secundário na mesma estação de cultivo (LANDGRAF; ZEHR, 1982; HONG et al., 1997).

Contudo, estes métodos de controle não são eficientes em infecções quiescentes. Quando ocorrem infecções em frutos imaturos, resultantes da penetração do fungo por estômatos ou diretamente pela cutícula ou pelas infecções florais sem a morte da flor, estas permanecem quiescentes e manifestam sintomas somente durante ou após a colheita (SOUZA, 2006).

Na infecção quiescente há interrupção do ataque fúngico, que pode ocorrer em qualquer etapa do processo, desde a germinação dos esporos até a colonização (PRUSKY, 1996). Segundo Jarvis (1994), infecções quiescentes podem ser consideradas como visíveis e não visíveis, quando as condições do ambiente ou do hospedeiro são favoráveis à penetração, mas não ao crescimento ativo do patógeno.

A infecção quiescente pode agravar o problema de podridão parda em frutos após a colheita, no armazenamento e no transporte, prejudicando não só o produtor, mas toda a cadeia produtiva, inclusive o consumidor. Os frutos infectados continuam com a podridão depois da colheita e o micélio pode atacar diretamente frutos sadios adjacentes. Frutos sadios podem ser infectados por conídios em qualquer momento entre a colheita e o consumo (AGRIOS, 1998).

Assim, o controle desta doença nas etapas da colheita e pós-colheita é um dos grandes desafios para minimizar as perdas de frutos, o qual, até então, vem se baseando nas estratégias de controle cultural, nem sempre eficientes, e no uso de fungicidas.

O controle baseado em produtos químicos, além de causar desequilíbrios ambientais eleva muito o custo de produção e, muitas vezes, não tem garantido o controle da podridão parda, em função da grande quantidade de inóculo, das condições climáticas ou do manejo cultural. Considerando-se as normas para a utilização de produtos químicos para o controle de doenças em fruteiras e respeitando-se os períodos de carência, alguns produtos não podem ser utilizados no período da colheita quando o inóculo da doença é alto e a suscetibilidade da fruta é maior, proporcionando rápido desenvolvimento do patógeno e aumento da doença de forma epidêmica (NEGRI, 2007).

Quando as condições são favoráveis à podridão parda, mesmo com uso de controle químico nos pomares, os danos nos frutos na pós-colheita podem chegar a níveis superiores a 50% (HONG; MICHAILIDES; HOLTZ, 1998), ou até acima de 90%, entre a colheita e a pós-colheita (MOREIRA, 2005).

Neste sentido, maior ênfase deve ser dada a outras estratégias de controle que minimizem o uso de fungicidas por meio de métodos alternativos (CAPDEVILLE et al., 2002). O correto manuseio dos frutos, evitando-se ao máximo a ocorrência de ferimentos pode minimizar os problemas de contaminação pós-colheita. Porém, nem sempre isso é possível, necessitando-se de métodos de controle da doença que sejam eficientes sem causarem problemas de contaminação alimentar e/ou intoxicação ao fruticultor e ao consumidor. Todavia, o mercado está cada vez mais exigente quanto à ausência de resíduos químicos, sendo a conquista do mesmo dependente da utilização de níveis tecnológicos mais modernos e sustentáveis (OSÓRIO; FORTES, 2003), como a adoção de cultivares resistentes ou tolerantes a pragas e doenças.

Entretanto, mesmo com os grandes avanços obtidos dentro dos programas de melhoramento genético, ainda não foram obtidos cultivares ou seleções resistentes à podridão parda. Wagner Júnior (2003) observou menor incidência de podridão parda em botões florais das cultivares 'Magno' e 'Leonense' e, em frutos da cultivar 'Bolinha' e da seleção 'Conserva 672'. Feliciano, Feliciano e Ogawa (1987) também identificaram certo nível de resistência à podridão parda, em frutos do pessegueiro Bolinha. Contudo, a baixa qualidade do fruto (tamanho, coloração, alta suscetibilidade a danos mecânicos), combinada com sua elevada queda precoce, não estimulam o cultivo comercial desta cultivar.

Assim, torna-se importante e necessário a realização de novos testes em genótipos de pessegueiro ainda não avaliados quanto à podridão parda, procurando-se associar algum grau de resistência ou de tolerância a características bioquímicas dos frutos, tentando-se identificar os tipos de mecanismos que possam estar envolvidos com a resistência ou tolerância se observada.

Este trabalho teve por objetivos (i) testar a reação de diversos genótipos de pessegueiro à podridão parda, identificando-se os resistentes e/ou com tolerância à podridão parda em flores; (ii) identificar fontes de resistência e/ou tolerância a essa doença em frutos; (iii) identificar os mecanismos de resistências associados as características física, químicas e bioquímicas em frutos de pessegueiro; iv) identificar genótipos com características bioquímicas superiores; e v) estudar a divergência genética dos genótipos de pessegueiro.

1.1 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGRIOS, G. N. Plant diseases caused by fungi. In: AGRIOS, N. **Plant Pathology**. New York: Academic Press, 1998, p.336-339.
- BARBOSA, W.; OJIMA, M.; CAMPO DALLÓRTO, F. A.; RIGITANO, O.; MARTINS, F. P.; SANTOS, R. R.; CASTRO, J. L. **Melhoramento do pessegueiro para regiões subtropical temperado: realizações do Instituto Agrônomo no período de 1950 a 1990**. Campinas: Instituto Agrônomo, 1997, 22p (Documentos IAC, 52).
- BATRA, L. R. World species of *Monilinia* (Fungi): Their ecology, biosystematics and control. **Mycologia Memoir**, Hollywood, n.16, p. 246-261, 1991.
- BLEICHER, J. Doenças de rosáceas de caroço (pessegueiro, ameixeira, nêspera, etc). In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Ceres, v.2, p.621-627, 1997.
- BOSSHARD, E.; HILBER-BODMER, M.; SCHÄRER, H.-J.; BÜNTER, M.; DUFFY, B. First report of the quarantine brown rot pathogen *Monilinia fructicola* on imported stone fruits in Switzerland. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 90, n. 12, p. 1554, 2006.
- BYRDE, R. J. W.; WILLETS, H. J. **The brown rot fungi of fruit**. Pergamon Press. New York, 1977. 171 p.
- CAPDEVILLE, G; WILSON, L.; BEER, SV.; AIST, J.R. Alternative disease control agents induce resistance to blue mold in harvested 'Red Delicious' apple fruit. **Phytopathology**, St. Paul, v. 92, n. 8, p. 900-908, 2002.
- CARVALHO, L.; CHALFOUN, M. Doenças do Pessegueiro. In: Pessegueiro e Ameixeira. **Informe Agropecuário**, v. 18, n. 189, 1997, p. 51-55.
- CARVALHO, P. DE C. T. Doenças das rosáceas. In: GALLI, F. et al. ed. **Manual de Fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. 2. ed. São Paulo: Ceres, 1980. p.443-458
- EMERY, K M., MICHAELIDES, T J.; SCHERM, H. Incidence of latent infection of immature peach fruit by *Monilinia fructicola* and relationship to brown in Georgia. **Plant Disease**, v. 84, p. 853-857, 2000.
- FELICIANO, A.; FELICIANO, A.J.; OGAWA, J.M. *Monilinia fructicola* resistance in peach cultivar Bolinha. **Phytopathology**, v.77, n.06, p. 776-780, 1987.
- GRADZIEL, T. M. Changes in susceptibility to brown rot with ripening in three clingstone peach genotypes. **Journal American Society Horticultural Science**, v. 119, n. 01, p. 101-105, 1994.

GRADZIEL, T. M.; THORPE, M. A.; BOSTOCK, R. M.; WILCOX, S.; MONETL, R. Breeding for brown rot (*Monilinia fructicola*) resistance in clingstone peach with emphasis on the role of fruit phenolics. **Acta Horticulturae**, v. 01, n. 465, p. 161-170, 1998.

HONG, C. X.; HOLTZ, B. A.; MORGAN, D. P.; MICHAILIDES, Themis J. Significance of thinned fruit as a source of the secondary inoculum of *Monilinia fructicola* in California nectarine orchards. **Plant Disease**, St. Paul, v.81, n.5, p.519-524. 1997.

HONG, C. X.; MICHAILIDES, T. J.; HOLTZ, B. A. Effects of wounding, inoculum density, and biological control agents on postharvest Brown rot of stone fruit. **Plant Disease**, St. Paul, v.82, n.11, p.1210-1216, 1998.

JARVIS, W.R. Latent infection in the pre and postharvest environment. **Hortscience**, Alexandria, v. 29, p. 747-51, 1994.

LANDGRAF, F. A.; ZEHR, E. I. Inoculum sources for *Monilinia fructicola* in South Carolina peach orchards. **Phytopathology**. v. 72, p. 185-190, 1982.

MARTINS, M.C.; BETTI, J.A.; LEITE, R.M.V.B.C.; AMORIM, L. Doenças das rosáceas de caroço. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A. (Ed.). **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. v.2: Doenças das Plantas Cultivadas, cap. 62, p. 545-557.

MOREIRA, L. M. **Alternativas de controle integrado da podridão parda do pessegueiro**. 2005. 113p. Tese (Doutorado). Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR. 2005.

NEGRI, G.. **Controle da podridão parda em pessegueiro conduzido em sistema orgânico e produção do antagonista *Trichothecium roseum***. 2007. 147 p. Tese (Doutorado). Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR. 2007

OEPP/EPPO. **List of A2 pests regulated as quarantine pests in the EPPO region**. 2005.

OGAWA, J. M.; ZEHR, E. I.; BIRD, G. W.; RITCHIE, D. F.; URIU, K; UYEMOTO, J. K. ed. **Compendium of stone fruit diseases**, St. Paul: APS Press, 1995. 98p.

OSÓRIO, V. A.; FORTES, J. F. **Pêssego. Fitossanidade**. Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS. Embrapa Informações Tecnológicas, Brasília, 2003. 53 p.

PRUSKY, D. Pathogen quiescence in postharvest diseases. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 34, p. 13-34, 1996.

RASEIRA, M. C. B.; NAKASU, B. H. Pessegueiro. In: BRUCKNER, C.H. (Ed.) **Melhoramento de fruteiras de clima temperado. Viçosa**: UFV, 2002. p. 89 – 126.

SOUZA, D. C. **Progresso temporal e padrão espacial de epidemias da podridão parda do pessegueiro**. 2006. 64 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, SP. 2006.

WAGNER JÚNIOR, A. **Avaliação de germoplasma de pessegueiro, quanto à reação à *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey**. 2003. 74 p. Dissertação (Mestrado). Pelotas: Universidade Federal de Pelotas. Pelotas, RS. 2003.

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C.B.; PIEROBOM, C. R.; SILVA, J.B.; FRANZON, R.C. Avaliação de diferentes genótipos de pessegueiro quanto à reação a *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey em frutos. **Revista Ceres**, Viçosa. v.55, n.2, p.83-88, 2008.

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C.B.; PIEROBOM, C. R.; FORTES, J. F.; SILVA, J. B. Peach flower reaction to inoculation with *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey. **Journal of the Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.141-147, 2005a.

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C.B.; PIEROBOM, C. R.; FORTES, J. F.; SILVA, J. B. Non-Correlation of Flower and Fruit Resistance to Brown Rot (*Monilinia fructicola* (Wint.) Honey) Among 27 Peach Cultivars and Selections. **Journal of the American Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.148-152, 2005b.

WESTWOOD, M. N. Especies frutales. In: WESTWOOD, M.N. **Fruticultura de zonas templadas**. Madrid: Mundi-Prensa, 1982. p. 45-83.

2 REAÇÃO DE FLORES DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE PESSEGUEIRO À PODRIDÃO PARDA

RESUMO:

Entre as doenças mais prejudiciais a cultura do pessegueiro, destaca-se a podridão parda, podendo afetar os lucros do produtor, diminuindo a produção e prejudicando a qualidade dos frutos. A contaminação floral causa redução no número de flores, prejudicando a frutificação efetiva, e também serve como fonte de inóculo para subsequentes infecções nos frutos. O objetivo deste trabalho foi testar a reação das flores de diferentes genótipos de pessegueiro à podridão parda. O trabalho foi realizado da Universidade Tecnológica Federal do Paraná – *Campus Dois Vizinhos*, nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, considerando-se cada genótipo como tratamento, utilizando-se quatro repetições, de quatro ramos cada uma. O tratamento controle utilizou-se quatro repetições, considerando-se cada ramo por parcela. Os ramos coletados foram preparados com a eliminação de flores velhas e danificadas. Os botões florais e as flores recém abertas foram inoculados, individualmente, com 0,15 mL de suspensão conidial ($1,0 \times 10^5$ esporos mL^{-1}) de *M. fructicola*. No tratamento controle foi pulverizado com 0,15 mL de água destilada. As flores foram examinadas 72 horas após a inoculação, sendo avaliada visualmente a percentagem de flores infectadas. Os genótipos de pessegueiro avaliados nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011 diferiram significativamente quanto à incidência de podridão parda nas flores em ambos os ciclos. Houve diferentes graus de suscetibilidade a podridão parda em flores, sendo que os genótipos ‘Cascata 1070’ e ‘Cascata 1055’ foram os que apresentaram menor suscetibilidade a mesma.

Palavras chave: podridão de flores, *Monilinia fructicola*, resistência

REACTION OF DIFFERENT PEACH GENOTYPES TO BROWN ROT IN FLOWERS

ABSTRACT: The brown rot is among the most damage diseases in peach orchards, that can affect the growers, profit since it decreases yield and reduces fruit quality. The flower contamination causes reduction on flower number, affects the fruit set and, also it can be source of inoculum for fruit infections. The aim of this study was to test different flower peach genotypes for blossom blight. The work was carried out at the Universidade Tecnológica Federal do Paraná – *Campus* Dois Vizinhos, in 2009/2010 and 2010/2011 production cycles. The experimental design was entirely randomized, with four replications of four branches, considering each genotype as treatment. The control treatment used four replications, considering each branch per plot. The collected branches were prepared with the removal of old opened flowers and damaged ones. The flower buds and newly opened flowers were inoculated individually with 0.15 mL of *M. fructicola* conidial suspension (1.0×10^5 spores mL⁻¹). Branches of the control treatment were sprayed with 0.15 mL of distilled water. The flowers were examined 72 hours after inoculation, and the infected flowers percentage was evaluated. The peach genotypes evaluated in the production cycles 2009/2010 and 2010/2011 differ statistically for blossom blight incidence, in both cycles. The results demonstrated that there were different susceptibility degrees for blossom blight, being 'Cascata 1070' and 'Cascata 1055' genotypes the less susceptible to it.

Key words: blossom blight, *Monilinia fructicola*, resistance

2.1 INTRODUÇÃO

O pessegueiro é uma fruteira de clima temperado que tem se expandido para regiões de clima subtropical úmido (WAGNER JÚNIOR, 2007), sendo este clima altamente favorável para o aumento da incidência e do grau de severidade de algumas doenças, principalmente aquelas ocasionadas por agentes bióticos, como os fungos, que podem afetar significativamente os lucros do produtor, tanto por diminuir a produção, quanto por prejudicarem a qualidade dos frutos (WAGNER JÚNIOR et al., 2008).

Entre as doenças mais prejudiciais a cultura do pessegueiro, destaca-se a podridão parda, que pode ser causada por três espécies do gênero *Monilinia*, *M. fructicola* (G. Winter) Honey, *M. laxa* (Aderhold & Ruhland) Honey e *M. fructigena* (Aderh. & Ruhl.) Honey (BATRA, 1991). Embora recentemente, Souza et al. (2009) tenham relatado a existência de *M. laxa* no Brasil, a principal espécie causadora dessa doença é a *M. fructicola*.

Os principais sintomas dessa doença são a queima das flores, cancrios e lesões nos ramos e podridões nos frutos (MAY-DE MIO et al., 2004; WAGNER JÚNIOR et al., 2005a; WAGNER JÚNIOR et al., 2005b).

A flor infectada apresenta manchas pardas nas pétalas, podendo ainda apresentar conídios sobre os estames, anteras, ou outros órgãos, o que pode ocasionar a morte das flores, as quais permanecem aderentes ao pedúnculo por tempo indeterminado (WAGNER JÚNIOR, 2003), tornando-se fonte de inóculo para os frutos (BYRDE; WILLETTS, 1977), contribuindo para a disseminação da doença.

Segundo Bleicher (1997) e May-De Mio et al. (2004), muito das infecções dos frutos têm início na flor, estendendo-se ao fruto, havendo manifestação do patógeno durante a maturação, ocasionando então, os danos na colheita e pós colheita.

Com isso, a contaminação floral pode causar perdas significativas na produção, proporcionando redução no número de flores, prejudicando a frutificação efetiva e também servindo como fonte de inóculo para subseqüentes infecções nos frutos (LANDGRAF; ZEHR, 1982; SHOLBERG et al., 1981).

Neste sentido, torna-se necessário o controle efetivo da podridão parda já na fase da floração, evitando-se a disseminação contínua da mesma no pomar. Normalmente, tem-se adotado o uso do controle químico, que além de elevar os custos de produção, nem sempre garantem eficiência para redução da doença no

pomar, visto que quando há condições adequadas (umidade e temperatura) os danos ocorrem em igual proporção, com ou sem esse tipo de controle.

A alternativa de maior eficiência para o controle da podridão parda poderia ser com a utilização de cultivares resistentes, complementando-a com adoção de práticas sanitárias e de controle culturais, o que eliminaria ou reduziria o uso de fungicidas, diminuindo-se assim, os custos de produção (ECK, 1998; EHLENFELDT; STRETCH, 2001) e possíveis contaminações em solos e águas.

Dessa maneira, para que isso seja possível, é necessária a realização de avaliações em diferentes genótipos de pessegueiro quanto a podridão parda em flores, objetivando a seleção destes com certo nível de tolerância ou resistência, podendo utilizá-los em pomares ou como genitores em programas de melhoramento da cultura.

O objetivo deste trabalho foi testar a reação das flores de diferentes genótipos de pessegueiro à podridão parda.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado no Laboratório de Fitossanidade, da Universidade Tecnológica Federal do Paraná – *Campus* Dois Vizinhos, nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011.

Em condições de laboratório, a avaliação da incidência da podridão parda foi verificada em flores de genótipos de pessegueiro se utilizando o método dos ramos destacados. Os genótipos analisados pertencem à coleção de pessegueiro implantado na área experimental da UTFPR – *Campus* Pato Branco, no município de Pato Branco, PR (latitude 26° 10' 39" S, longitude 56° 41' 21" W, e altitude média de 750 m).

As plantas de cada genótipo estão sendo conduzidas em sistema de vaso, com espaçamento 5 x 4 m entre plantas e linhas, respectivamente. As práticas de manejo foram realizadas conforme recomendações gerais para a cultura, sem a utilização de produtos químicos para controle de doenças na floração. A coleção de genótipos de pessegueiro foi implantada parte em Setembro de 2003 e parte em Setembro de 2004.

No ciclo produtivo 2009/2010 foi avaliada a reação das flores à podridão parda de nove genótipos, sendo estes, as cultivares 'Atenas', 'Tropic Snow' e Libra e, as seleções 'Conserva 977', 'Conserva 844', 'Conserva 655', 'Cascata 967', 'Cascata 962', e 'Conserva 688'. No ciclo de 2010/2011 foram avaliados 16 genótipos, sendo as cultivares 'Atenas', 'Tropic Snow' e 'Olímpia' e, as seleções 'Conserva 977', 'Conserva 844', 'Conserva 655', 'Cascata 967', 'Conserva 1153', 'Conserva 1187', 'Conserva 1396', 'Conserva 1434', 'Cascata 1303', 'Cascata 1070', 'Conserva 1186', 'Cascata 1055' e 'Conserva 871'.

O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, considerando-se cada cultivar ou seleção de pessegueiro como tratamento, utilizando-se quatro repetições e quatro ramos por parcela.

O isolado do fungo no ciclo 2009/2010 foi obtido da Embrapa Clima Temperado (Pelotas – RS). No ciclo 2010/2011 o isolado foi obtido de frutos da coleção de pessegueiro da UTFPR e de pomares comerciais da região Sudoeste do Paraná, procurando-se obter mais de um isolado do mesmo. Após a coleta de ambos os materiais, os mesmos foram transferidos para placas de Petri® em laboratório, cada qual em seu ciclo, contendo meio BDA (Batata Dextrose Ágar) e

incubadas em câmara B.O.D à $25\pm 2^{\circ}\text{C}$, por cinco a sete dias no escuro. A contaminação com outros fungos foi eliminada através de sucessivas repicagens até a obtenção de cultura pura. Através de sucessivas diluições foi ajustada a concentração da suspensão de *M. fructicola* para $1,0 \times 10^5$ esporos mL^{-1} , contados em microscópio óptico, com auxílio de câmara de Neubauer (WAGNER JÚNIOR, 2003; WAGNER JÚNIOR et al., 2005a).

Os ramos coletados foram preparados com a eliminação de flores velhas e danificadas. Os botões florais e as flores recém abertas foram inoculados, individualmente, com 0,15 mL de suspensão conidial de *M. fructicola*, usando-se um borrifador plástico.

Posteriormente a inoculação, os ramos foram conservados em água destilada (CITADIN; RAZEIRA; QUEZADA 1998) em copos plásticos descartáveis de 180 mL. Os ramos foram em seguida protegidos com sacos plásticos transparentes (34,5 x 49,0 cm) furados e umedecidos com água destilada. Os mesmos foram acondicionados em caixas plásticas e mantidos em temperatura ambiente.

As flores foram examinadas 72 horas após a inoculação, sendo avaliada visualmente a percentagem de flores infectadas, considerando-se aquelas que apresentaram pétalas com mancha necrótica (WAGNER JÚNIOR, 2003; WAGNER JÚNIOR et al., 2005a).

Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste de Scott & Knott ($p \leq 0,05$). Os dados de incidência foram transformados previamente em *arco seno* $\sqrt{x/100}$, por não terem apresentado normalidade segundo o teste de Lilliefors.

Realizou-se o teste comparativo de médias “t” entre os genótipos que foram analisados nos dois ciclos produtivos.

As cultivares e seleções estudadas nos dois ciclos produtivos (2009/2010 e 2010/2011), também foram avaliadas quanto à análise de agrupamento através do método “vizinho mais próximo” e agrupamento de otimização pelo método “Tocher”, utilizando-se como medida de dissimilaridade a distância de Mahalanobis, para ambos os métodos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Todas as análises estatísticas foram realizadas no Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, GENES[®] (CRUZ, 2006).

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os genótipos de pessegueiro avaliados nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011 diferiram significativamente quanto à incidência de podridão parda nas flores em ambos os ciclos (Apêndice 2 e 3). Assim, observou-se que os genótipos apresentaram níveis diferentes de suscetibilidade e/ou tolerância a doença nas flores (Tabela 1).

No ciclo produtivo 2009/2010 ocorreu à formação de três grupos segundo o teste de Scott & Knott, sendo o primeiro dentro da faixa de suscetibilidade entre 63 a 80,04% constituído pelos genótipos: 'Tropic Snow', 'Atenas' e 'Libra', outro mais suscetível com incidência entre 85,95 à 92,07% formado pelos genótipos 'Conserva 844', 'Conserva 655', 'Cascata 967', 'Cascata 962', 'Conserva 688' e o último altamente suscetível contendo o genótipo 'Conserva 977', com 100% de incidência de podridão nas flores. Com isso, no presente ciclo verificou-se que os genótipos analisados não são tolerantes a podridão parda nas flores (Tabela 1).

O mesmo número de grupos também foi obtido quando se analisou a incidência de podridão parda nas flores do ciclo produtivo 2010/2011, mesmo tendo sido avaliado maior número de genótipos. Neste ciclo, obteve-se grupo menos suscetível, agrupando-se os genótipos 'Cascata 1070' e 'Cascata 1055' e, o grupo com moderada suscetibilidade formado por 'Olímpia' e 'Cascata 967' (Tabela 1).

O genótipo 'Cascata 1070', apesar de não diferir significativamente do 'Cascata 1055' apresentou a menor média de incidência (24,4%), podendo ser considerado com certa tolerância a podridão parda nas flores. Porém, este resultado foi baseado em apenas um ciclo produtivo, necessitando-se analisá-lo por mais outro ciclo para obtenção de resultado mais conclusivo quanto à reação a *M. fructicola* em flores, já que resultados de um único ciclo são geralmente insuficientes para estimativa confiável de resistência.

Os demais genótipos analisados no ciclo produtivo 2010/2011, 'Atenas', 'Tropic Snow', 'Conserva 977', 'Conserva 844', 'Conserva 655', 'Conserva 1153', 'Conserva 1187', 'Conserva 1396', 'Conserva 1434', 'Cascata 1303', 'Conserva 1186' e 'Conserva 871' enquadraram-se no grupo com maior suscetibilidade, com incidência superior a 50% (Tabela 1).

No entanto, observou-se nos resultados do ciclo 2010/2011 menor incidência de podridão parda em flores quando comparado ao ciclo 2009/2010, tendo genótipos

com comportamentos semelhantes, como 'Tropic Snow' e 'Atenas'. A seleção 'Cascaata 967' foi a única que apresentou incidência superior a 50% em um ciclo (2009/2010) e inferior a este em outro (2010/2011). A redução obtida na incidência do ciclo produtivo 2010/2011 pode estar relacionada ao tipo de inóculo utilizado, uma vez que, no primeiro ciclo o isolado foi oriundo da Embrapa Clima Temperado e no segundo de frutos infectados da coleção de pessegueiro da UTFPR - *Campus* Pato Branco e região, supondo-se que a estirpe do primeiro ciclo era mais agressiva em comparação a segunda.

Tabela 1 - Incidência de podridão parda em flores de 19 genótipos de pessegueiro inoculadas com *M. fructicola*, nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Genótipos	Incidência de Podridão	
	2009	2010
Tropic Snow	63,11 c*	62,11 a
Atenas	73,64 c	63,30 a
Conserva 977	100,00 a	65,06 a
Conserva 844	92,07 b	59,94 a
Conserva 655	89,20 b	62,44 a
Cascaata 967	89,28 b	45,04 b
Cascaata 962	86,33 b	-
Conserva 688	85,95 b	-
Libra	80,04 c	-
Conserva 1153	-	69,00 a
Conserva 1187	-	52,25 a
Conserva 1396	-	68,59 a
Conserva 1434	-	54,10 a
Cascaata 1303	-	51,03 a
Cascaata 1070	-	24,40 c
Conserva 1186	-	63,05 a
Cascaata 1055	-	30,10 c
Conserva 871	-	54,69 a
Olímpia	-	37,69 b
CV (%)**	14,00	14,55

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si, pelo teste Scott & Knott ($p=0.05$).

**CV (Coeficiente de variação)

O agrupamento pelo Método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis possibilitou a individualização de 3 grupos no ciclo de 2009/2010 e de 4 no de 2010/2011 (Tabelas 2 e 3). Observou-se que o agrupamento realizado pelo

Método de Tocher comparado ao teste de Scott & Knott foi similar para alguns genótipos.

Na Tabela 2, observou-se que a cultivar 'Tropic Snow' foi individualizada em um único grupo, separando-se dos genótipos 'Atenas' e 'Libra' segundo o método de Tocher, sendo estes últimos agrupados com os genótipos suscetíveis a doença. O genótipo Conserva 977 também foi individualizado em um único grupo, uma vez que foi o mais suscetível a doença. Assim, verificou-se que o agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, permitiu individualizar o genótipo mais suscetível e o mais tolerante a podridão parda em flores.

Tabela 2 - Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, entre 9 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Grupo	Indivíduos
I	Conserva 655 (5); Cascata 967 (6); Conserva 844 (4); Cascata 962 (7); Conserva 688 (8) Libra (9) e Atenas (2);
II	Tropic Snow (1);
III	Conserva 977 (3);

Tabela 3 - Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, entre 16 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Grupo	Indivíduos
I	Atenas (2); Conserva 1186 (13); Conserva 655 (5); Tropic Snow (1); Conserva 977 (3); Conserva 844 (4); Conserva 1396 (9) e Conserva 1153 (7)
II	Conserva 1434 (10); Conserva 871 (15); Conserva 1187 (8) e Cascata 1303 (11);
III	Cascata 967 (6) e Olímpia (16);
IV	Cascata 1070 (12) e Cascata 1055 (14).

No ciclo 2010/2011, como foi analisado maior número de genótipo, houve a formação de um grupo a mais em comparação ao ciclo anterior, sendo formados dois grupos com certa tolerância a podridão parda em flores (Grupos III e IV). O grupo IV formado pelos genótipos (Cascata 1070 e Cascata 1055) é o de maior tolerância a doença com resultados de incidência menor que 30%. O grupo III, formado por 'Olímpia' e 'Cascata 967' foi outro que apresentou também certa

tolerância, com incidência entre 37% e 45%. Estes agrupamentos foram idênticos aos realizados pelo teste de Scott & Knott neste mesmo ciclo (Tabela 1).

Os genótipos com incidência entre 51% e 55% ('Conserva 1434', 'Conserva 871', 'Conserva 1187' e 'Cascata 1303') foram enquadrados no grupo II, podendo considerá-los como suscetíveis a doença. Os demais genótipos com incidência maior que 55% foram agrupados no grupo I, formando-se assim, um grupo com maior nível de susceptibilidade ('Atenas', 'Conserva 1186', 'Conserva 655', 'Tropic Snow', 'Conserva 977', 'Conserva 844', 'Conserva 1396' e 'Conserva 1153').

O agrupamento pelo Método de Tocher no ciclo 2010/2011, demonstrou-se mais criterioso em comparação ao teste de Scott & Knott, visto que individualizou ainda mais os grupos anteriormente formados (Tabelas 1 e 3).

Porém, comparando-se os resultados do ciclo 2009/2010 obtidos pelo método de Tocher (Tabela 2) com os do método de agrupamento pelo 'vizinho mais próximo' (Figura 1), observou-se que este último método formou menor número de grupos. Neste ciclo, pelo método de agrupamento 'vizinho mais próximo' houve somente a formação de 2 grupos, individualizando em um único grupo o genótipo mais suscetível (Conserva 977), mantendo-se os demais em outro. Isso demonstrou que o método de agrupamento pelo 'vizinho mais próximo' não separou os de moderada susceptibilidade com aqueles de maior incidência.

Ressalta-se que para a formação do dendrograma pelo método do vizinho mais próximo, no ciclo 2009/2010, considerou-se a maior distância, 2,72 (obtida pela D^2) como 100% de distância, obtida entre os genótipos Tropic Snow e Conserva 977 (Figura 1). Para o ciclo 2010/2011 foi considerado como maior distância o valor de 0,44; obtido entre os genótipos Tropic Snow e Cascata 1070.

Supõe-se que, ambas as distâncias obtidas com a cultivar 'Tropic Snow' (ciclos 2009/2010 e 2010/2011) se deve ao fato da mesma ser oriunda da Universidade da Flórida e não possuir parentesco, com nenhuma das seleções com as quais apresentou as maiores distâncias, explicando a maior divergência genética.

Analisando-se os resultados do ciclo 2010/2011 o método de agrupamento pelo 'vizinho mais próximo' (Figura 2) apresentou a formação de mais um grupo (5) em comparação ao obtido pelo Método de Tocher. Contudo, pelo método do 'vizinho mais próximo' houve a formação de quatro grupos com um único genótipo (grupo 1 – Cascata 1055; grupo 2 – Cascata 1070, grupo 3 – Olímpia e grupo 4 - Cascata 967), utilizando-se nestes somente aqueles com menor susceptibilidade a podridão parda

nas flores (incidência < 45%). Já os demais genótipos, com incidência maior que 45%, enquadraram-se em um único grupo.

Embora os genótipos 'Cascata 1055' e 'Conserva 1153' tenham em comum o mesmo genitor paterno (cultivar Granada), estes apresentaram níveis de suscetibilidade diferentes e foram distintamente agrupados, o que pode indicar ser característica de herança materna. Está hipótese pode ser levantada, uma vez que, os genótipos 'Conserva 655' e 'Conserva 871' que também possuem o mesmo genitor paterno (cultivar Diamante) e foram agrupados como aqueles de maior suscetibilidade a podridão parda, segundo o agrupamento 'vizinho mais próximo', tem em sua genealogia materna a mesmo cultivar (Taquari Precoce) (Apêndice 1).

Wagner Júnior (2003) estudando a herdabilidade para podridão parda sugeriu que não há herança citoplasmática para podridão parda em flores, ou seja, efeito materno. Neste sentido, torna-se necessário a realização de novos estudos que comprovem qual efeito esta envolvido para resistência a essa doença em pessegueiro.

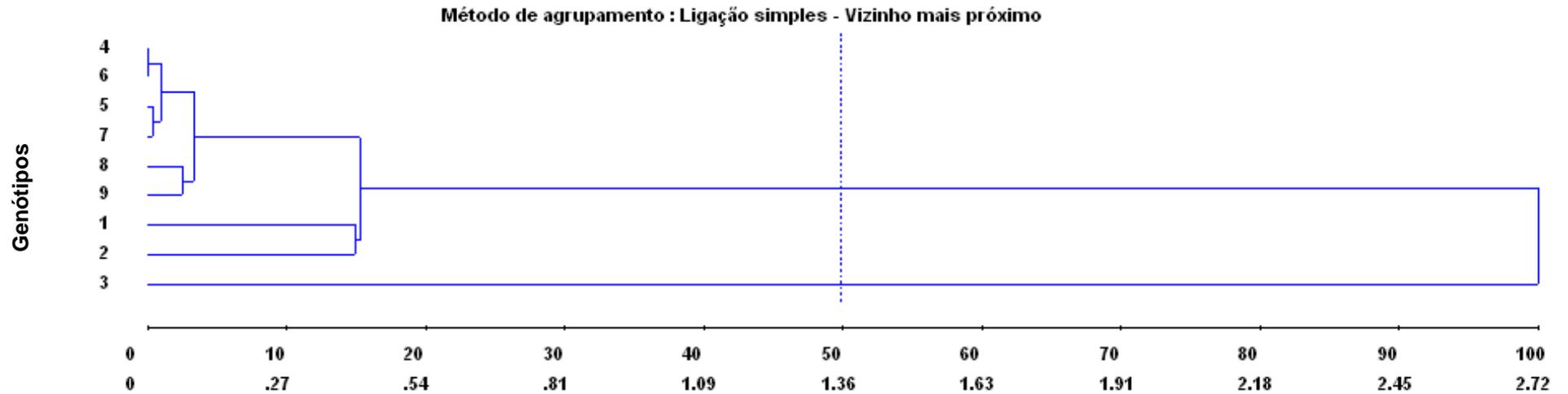


Figura 1 - Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 9 genótipos de pessegueiro (ciclo produtivo 2009/2010) obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base no percentual de incidência de podridão nas flores, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 9 genótipos. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.
 Legenda dos Genótipos: 1-Tropic Snow; 2- Atenas; 3- Conserva 977; 4- Conserva 844; 5- Conserva 655; 6- Conserva 967; 7- Cascata 962; 8- Conserva 688; 9- Libra;

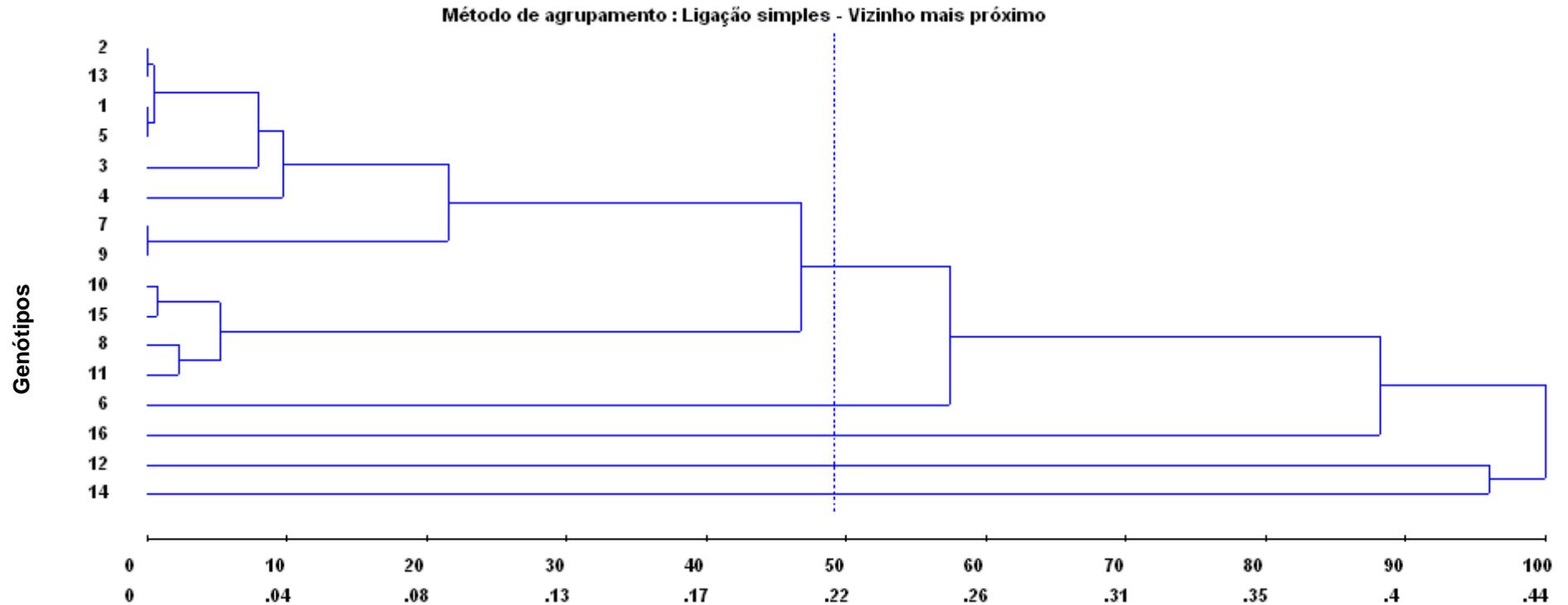


Figura 2 - Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 16 genótipos de pessegueiro (ciclo produtivo 2010/2011) obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base no percentual de incidência de podridão nas flores, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 16 genótipos. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Legenda dos Genótipos: 1-Tropic Snow; 2- Atenas; 3- Conserva 977; 4- Conserva 844; 5- Conserva 655; 6- Conserva 967; 7- Conserva 1153; 8- Conserva 1187; 9- Conserva 1396; 10- Conserva 1434; 11- Cascata 1303; 12- Cascata 1070; 13- Conserva 1186; 14- Cascata 1055; 15- Conserva 871; 16- Olímpia;

2.4 CONCLUSÃO

Pelos resultados obtidos, houve diferentes graus de suscetibilidade a podridão parda em flores, sendo os genótipos 'Cascata 1070' e 'Cascata 1055' como aqueles que apresentaram menor suscetibilidade a mesma, tendo assim potencial de uso em pomares ou como genitores em futuros programas de melhoramento.

2.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BATRA, L. R. World species of *Monilinia* (Fungi): Their ecology, biosystematics and control. **Mycologia Memoir**, Hollywood, n.16, p. 246-261, 1991.
- BLEICHER, J. Doenças de rosáceas de caroço (pessegueiro, ameixeira, nêspera, etc). In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: CERES, v.2, p.621-627, 1997.
- BYRDE, R. J. W.; WILLETS, H. J. **The brown rot fungi of fruit**. Pergamon Press. New York, 1977. 171 p.
- CITADIN, I.; RASEIRA, M. C. B.; QUEZADA, A. C. Substrato para conservação de ramos destacados de pessegueiro, *Prunus persica* L. (Batsh). **Agropecuária de Clima Temperado**, Pelotas, v.1, n.1, p.55-59, 1998.
- CRUZ, C. D. Programa Genes: Biometria. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. p.223-375.
- ECK, P. **Blueberry science**. New Brunswick: Rutgers Universidade Press, New Jersey, 1998.
- EHLENFELDT, M. K.; STRETCH, A. W. Resistance to blighting by *Monilinia vaccinii-corymbosi* in diploid and ployploid *Vaccinium* species. **HortScience**. v. 36, n. 5, p. 955-957, 2001.
- LANDGRAF, F. A.; ZEHR, E.I. Inoculum sources for *Monilinia fructicola* in South Carolina peach orchards. **Phytopathology**. v. 72, p. 185-190, 1982.
- MAY DE MIO, L. L.; GARRIDO, L.; UENO, B. Doenças de fruteiras de caroço. In: MONTEIRO, L. B.; MAY DE MIO, L. L.; SERRAT, B. M.; MOTTA, A. C.; CUQUEL, F. L. Fruteiras de caroço: uma visão ecológica, UFPR, Curitiba: 2004. p.169-221
- SHOLBERG, P. L.; OGAWA, J. M.; MANJI, B. T. Diseases of Prune blossoms, fruit, and leaves. In: RAMOS, D. E. **Prune orchard management**. Ed. Univ. Calif. Div. Agric. Sci. Publ. Berkeley, p. 121-125, 1981.
- SOUZA, D. C.; FAZZA, A.C.; CAMARGO, L. A.; MAY DE MIO, L. L.; ANGELI, S. S.; AMORIM, L. First report of *Monilinia laxa* causing brown rot in peaches in Brazil. **Phytopathology**, St. Paul, v.98, p.148. 2009.
- WAGNER JÚNIOR, A. **Avaliação de germoplasma de pessegueiro, quanto à reação à *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey**. 2003. 74 p. Dissertação (Mestrado). Pelotas: Universidade Federal de Pelotas. Pelotas, RS, 2003.
- WAGNER JÚNIOR, A. **Seleção de pessegueiro adaptado ao clima subtropical**. 2007. 108 p. Tese (Doutorado). Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, MG. 2007.

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C.B.; PIEROBOM, C. R.; FORTES, J. F.; SILVA, J. B. Peach flower reaction to inoculation with *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey. **Journal of the Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.141-147, 2005a.

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C.B.; PIEROBOM, C. R.; FORTES, J. F.; SILVA, J. B. Non-Correlation of Flower and Fruit Resistance to Brown Rot (*Monilinia fructicola* (Wint.) Honey) Among 27 Peach Cultivars and Selections. **Journal of the American Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.148-152, 2005b

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C.B.; PIEROBOM, C. R.; SILVA, J. B.; FRANZON, R. C. Avaliação de diferentes genótipos de pessegueiro quanto à reação a *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey em frutos. **Revista Ceres**, Viçosa. v.55, n.2, p.83-88, 2008.

3. TÉCNICAS PARA ANÁLISE DA REAÇÃO DE FLORES DE PESSEGUEIRO A PODRIDÃO PARDA

RESUMO

No sul do Brasil, a doença mais importante do pessegueiro é a podridão parda, principalmente por ser a causadora de grandes perdas econômicas. A adoção do controle genético pode reduzir o uso de produtos químicos. Para isso é necessária a avaliação de genótipos diferentes quanto à reação ao patógeno. Assim o objetivo deste trabalho é comparar duas metodologias utilizadas para testar a reação de flores de pessegueiro à *Monilinia fructicola*. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, em esquema fatorial 4 x 2 (genótipo x metodologia) com quatro repetições. Utilizou-se dois cultivares, 'Atenas' e 'Tropic Snow' e, duas seleções, Conserva 977 e Conserva 1187. Na primeira metodologia, ramos com flores e balões rosados foram inoculados com o fungo na concentração $1,0 \times 10^5$ esporos mL⁻¹ e colocados em seguida em copos com água, protegidos com saco plástico perfurado e umedecido. Na segunda, as flores destacadas foram acondicionadas em caixa Gerbox[®] tampadas, previamente forradas com papel filtro e umedecidas. Estas flores receberam a aspersão do inóculo na mesma concentração. Em ambas, utilizou-se ambiente controlado $25 \pm 2^\circ\text{C}$ e fotoperíodo de 12 horas. As técnicas testadas demonstraram que ambas são passíveis de utilização, no entanto, pelos resultados obtidos parece que a técnica das flores destacadas é mais fácil e prática de adotá-la para o estudo de resistência da podridão parda em flores.

Palavras-chave: melhoramento genético, *Monilinia fructicola*, resistência

TECHNIQUES FOR BROWN ROT PEACH TREE FLOWER ANALYSIS

ABSTRACT

The brown rot is the most important peach tree disease, since it causes great economic losses. The genetic control can reduce need for the chemical sprays. Then, it is necessary the evaluation of different peach genotypes for pathogen reaction. The experimental design was completely randomized, in factorial 4 x 2 (genotype x methodology), with 4 replications. The Atenas and Tropic Snow peach varieties and Conserva 977 and Conserva 1187 selections were evaluated. In the first methodology, branched with flowers in pink balloon were inoculated with a *Monilinia fructicola* suspension of $1,0 \times 10^5$ spores mL⁻¹ concentration. The inoculated branches were placed in glasses with water, protected by perforated and moistened plastic bags. In the second experiment, the detached flowers were put in Gerbox[®] with filter paper moistened and capped. These flowers were sprayed with the inoculum at same concentration. In both procedures controlled temperature ($25 \pm 2^\circ\text{C}$) and photoperiod (12 hours) were used. The results demonstrated that both techniques can be used. However, the results obtained demonstrated that the detached flowers technique is easier and practical to use in brown rot flowers resistance study.

Key-words: breeding, *Monilinia fructicola*, resistance.

3.1 INTRODUÇÃO

O patógeno mais importante economicamente entre os causadores de doenças nas fruteiras de caroço no Brasil é o fungo *Monilinia fructicola* (G. Winter) Honey, responsável pela podridão parda.

Essa doença afeta as partes aéreas das plantas hospedeiras desse fungo, causando vários sintomas, os quais incluem lesões em flores, cancrios nos ramos e podridões nos frutos (WAGNER JÚNIOR et al., 2005a; WAGNER JÚNIOR et al., 2005b). Os primeiros sintomas da doença são pardeamento e morte das flores, ficando as mesmas aderidas ao pedúnculo por tempo indeterminado. Nos ramos e nos galhos ocorrem lesões e cancrios (WAGNER JÚNIOR, 2003). Assim as perdas ocasionadas por esta doença resultam da infecção das flores e do apodrecimento dos frutos (EMERY; MICHAILIDES; SCHERM, 2000).

O controle baseado em produtos químicos, além de causar desequilíbrios ambientais eleva muito o custo de produção e, muitas vezes, não tem garantido o controle dessa doença, em função da grande quantidade de inóculo, das condições climáticas ou do manejo cultural (NEGRI, 2007).

Neste sentido, maior ênfase deve ser dada a outras estratégias de controle que minimizem o uso de fungicidas por meio de métodos alternativos (CAPDEVILLE et al., 2002), uma vez que o mercado está cada vez mais exigente quanto à ausência de resíduos químicos e a conquista do mesmo é dependente da utilização de níveis tecnológicos mais modernos e sustentáveis (OSÓRIO; FORTES, 2003), como a adoção de cultivares resistentes.

Mesmo com os grandes avanços obtidos dentro dos programas de melhoramento genético ainda não foram obtidos cultivares ou seleções resistentes à podridão parda, tanto em flores quanto em frutos, sendo necessária a realização de novos testes em genótipos de pessegueiro ainda não avaliados quanto a esta doença.

Quando se busca resistência às doenças é necessária que haja pré-seleção com a finalidade de identificar, na população segregante, os indivíduos que exibem o nível de resistência desejado. Porém, para que se obtenha progresso em programas de melhoramento, é indispensável que se disponha de bom método de avaliação e seleção para a mesma.

Para avaliação das flores de pessegueiro quanto à reação ao fungo *M. fructicola*, tem sido utilizada a técnica de ramos destacados (WAGNER JÚNIOR, 2003). Porém, esta técnica apresenta problemas que podem diminuir o número de flores inoculadas e/ou analisadas.

Na técnica de ramos destacados avaliam-se flores nos ramos, os quais são coletados no pomar e tem que ser transportados até o laboratório, sofrendo injúrias como perda de pétalas. No laboratório, os ramos são dispostos em copos plásticos com água, os quais precisam ser manuseados com cuidado, além de necessitar de espaço, o que dificulta seu acondicionamento em ambiente controlado. Uma das alternativas que vem sendo utilizada para flores é o uso da técnica de flores destacadas, adotada por Negri (2007), apresentando bons resultados na avaliação da podridão parda.

Neste sentido torna-se necessário a realização de estudos comparando-se ambas as técnicas, identificando-se qual a melhor para ser utilizada dentro dos programas de melhoramento cujo objetivo é a seleção para resistência de flores de pessegueiro a podridão parda.

O objetivo deste trabalho foi comparar duas técnicas utilizadas para testar a reação de flores de pessegueiro à podridão parda.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no laboratório de Fitossanidade da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), *Campus* Dois Vizinhos, em julho de 2010. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado, em esquema fatorial 4 x 2 (genótipo x metodologia), com quatro repetições.

Foram testados quatro genótipos de pessegueiro (*Prunus persica*), constituídos pelas cultivares 'Atenas' e 'Tropic Snow' e, pelas seleções Conserva 977 e Conserva 1187, pertencentes à coleção de pessegueiro, implantada na área experimental da UTFPR – *Campus* Pato Branco, no município de Pato Branco, PR (latitude 26° 10' 39" S, longitude 56° 41' 21" W, e altitude média de 750 m).

As plantas de cada genótipo estavam sendo conduzidas em sistema de vaso, com espaçamento 5 x 4 m entre plantas e linhas, respectivamente. As práticas de manejo foram realizadas conforme recomendações gerais para a cultura, e sem a utilização de produtos químicos para controle de doenças na floração.

Na primeira técnica (Figura 3), adotou-se o uso de ramos destacados, com comprimento entre 30 a 40 cm, retirando-se as flores deterioradas, mantendo-se flores sadias e balões rosados. Em seguida, foi realizada contagem das flores e balões, sendo os ramos identificados de acordo com o seu genótipo. Então, cada flor foi aspergida com aproximadamente 0,15 mL da suspensão do fungo *Monilinia fructicola*, na concentração $1,0 \times 10^5$ esporos mL⁻¹, feita com auxílio de borrifador plástico. Posteriormente, os ramos foram acondicionados em copos descartáveis de 180 mL, com 100 mL de água destilada. Foram utilizados quatro ramos por repetição (média de 18 botões e flores por ramo). Os ramos em copos plásticos foram revestidos com sacos plásticos perfurados e umedecidos com água destilada, criando-se ambiente úmido, favorável ao fungo. Os materiais foram colocados em B.O.D., com temperatura de $25 \pm 2^\circ\text{C}$ e fotoperíodo de 12 horas.

Na segunda técnica (Figura 4) utilizou-se flores destacadas com o uso de caixas Gerbox[®], as quais foram previamente forradas com papel filtro e umedecidas com 4 mL de água destilada. Dos ramos foram selecionadas flores que estavam recém abrindo, as quais foram acondicionadas nas caixas com o auxílio de pinça. As flores receberam aspersão da solução do inóculo na mesma concentração utilizada na primeira técnica. As caixas Gerbox[®] foram fechadas com tampa previamente umedecidas com água destilada, porém não vedadas e levadas para B.O.D. com

temperatura de $25\pm 2^{\circ}\text{C}$ e fotoperíodo de 12 horas. Foram utilizadas 20 flores por repetição, num total de quatro repetições.

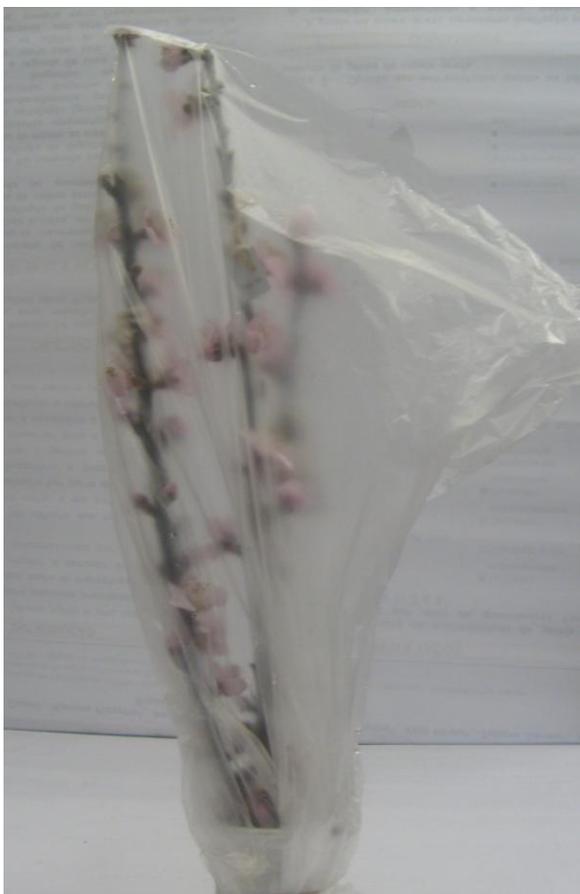


Figura 3 - Técnica dos ramos em copos com água. UTFPR, *Campus* Pato Branco 2011.



Figura 4 - Técnica das flores destacadas acondicionadas em caixas Gerbox[®] umedecidas. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Em ambas as metodologias foi realizada avaliação visual da incidência da doença (%) após 72 horas da inoculação. Os dados desta variável foram submetidos à análise de variância e ao teste Tukey ($p \leq 0,05$), sendo os mesmos previamente transformados por *arco seno* $\sqrt{x/100}$. As análises estatísticas foram realizadas no software estatístico SANEST[®] (ZONTA; MACHADO, 1984)

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Houve interação significativa entre os fatores genótipo x metodologia, para incidência de podridão parda nas flores de pessegueiro (Apêndice 4).

A técnica das flores em caixa Gerbox[®] apresentou diferença significativa entre as médias de incidência de podridão parda para as cultivares ‘Atenas’ e ‘Tropic Snow’, em relação à dos ramos destacados (Tabela 4). Acredita-se que o microclima criado na caixa Gerbox[®] foi mais favorável ao desenvolvimento do fungo nesses genótipos, devido à maior manutenção da umidade, uma vez que as flores permanecem em contato com o papel filtro umedecido.

Todavia, não houve diferença significativa entre as técnicas para os genótipos ‘Conserva 977’ e ‘Conserva 1187’, os quais apresentaram médias semelhantes independentemente da técnica utilizada para a avaliação. Assim, infere-se que os genótipos podem apresentar comportamentos distintos de acordo com a técnica utilizada, haja vista que, enquanto para alguns genótipos uma técnica propiciou maior pressão de seleção, para outros genótipos a reação foi semelhante.

Os genótipos testados não apresentaram diferenças significativas entre suas médias de incidência de podridão parda quando foi utilizada a técnica dos ramos destacados. No entanto, quando os mesmos foram submetidos à avaliação pela técnica das flores destacadas, estes foram distintos estatisticamente, sendo que as cultivares ‘Atenas’ e ‘Tropic Snow’ apresentaram maior suscetibilidade à doença em comparação às seleções Conserva 977 e Conserva 1187, tendo esta última a menor média de incidência à podridão parda (Tabela 4). Apesar da diferença significativa, todos os genótipos foram considerados suscetíveis, uma vez que apresentaram incidência a doença superiores à 50%.

Tabela 4 - Incidência de podridão parda em flores de pessegueiro de diferentes genótipos submetidos à duas metodologias de avaliação. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Genótipos	Ramos destacados	Flores em caixa Gerbox[®]
Atenas	63,33 a* B	96,19 a A
Tropic Snow	58,97 a B	94,29 ab A
Conserva 977	68,82 a A	71,48 bc A
Conserva 1187	52,54 a A	65,16 c A
CV	16,98%	

*Letras minúsculas na mesma coluna e maiúsculas na linha diferem entre si pelo teste de Tukey (p ≤ 0,05)

Comparando-se a genealogia dos genótipos testados observou-se certo grau de parentesco entre 'Atenas' e 'Conserva 1187', uma vez que ambos possuem em comum como progenitor a cultivar 'Alpes' (Tabela 5).

Tabela 5 - Genealogia dos genótipos de pessegueiro submetidos a diferentes metodologias de avaliação das flores quanto à reação a *M. fructicola*. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Genótipos	P1	P2
Atenas	Jade ou Conserva 533 (<i>Alpes</i> (Aldrighi X Tapes)X <i>RR53 272</i>) PL	-
Conserva 1187	Conserva 594 (<i>Capdeboscq</i> (Lake City x Intermediário) PL) x <i>Madrugador</i> (Aldrighi x Taquari Precoce)) PL	Granada (<i>Conserva 471</i> (<i>Alpes</i> x <i>Conserva 102</i>)) PL
Conserva 977	Não identificado	-
Tropic Snow	Universidade Florida	-

Pelos resultados, pode-se dizer que ambas as técnicas podem ser utilizadas com sucesso para testar a reação de diferentes genótipos de pessegueiro ao fungo *M. fructicola*, uma vez que as mesmas permitem que haja condições favoráveis para o desenvolvimento do fungo, como a elevada umidade.

De acordo com Corbin (1962), Bleicher (1997), Carvalho (1997), Martins et al. (2005) as epidemias de podridão parda sempre ocorrem com condições de alta umidade relativa e temperaturas acima de 17°C, sendo a temperatura ótima de 25°C para o crescimento micelial, germinação e produção de conídios.

No entanto, no que tange a praticidade na montagem, a técnica dos ramos destacados apresenta algumas limitações, uma vez que, há dificuldades na permanência dos ramos nos copos de água pela desuniformidade no comprimento dos mesmos. Além disso, existe também grande perda de flores e pétalas durante o manuseio das mesmas, reduzindo-se o número de flores avaliadas por ramo. Esta técnica necessita de copos descartáveis, sacos plásticos e elásticos que após o uso tornam-se contaminados e não podem mais serem reutilizados para o mesmo fim.

Por outro lado, a utilização de caixa Gerbox[®] na avaliação das flores permite sua reutilização se lavadas e esterilizadas, além de ser metodologia fácil de ser montada, sem perdas de pétalas, mantendo o ambiente úmido de forma adequada para o desenvolvimento do fungo.

3.4 CONCLUSÃO

As técnicas testadas demonstraram que ambas são passíveis de utilização, no entanto, pelos resultados obtidos parece que a técnica das flores destacadas é mais fácil e prática de adotá-la para o estudo de resistência da podridão parda em flores.

3.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BLEICHER, J. Doenças de rosáceas de caroço (pessegueiro, ameixeira, nêspera, etc). In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: CERES, v.2, p.621-627, 1997.
- CAPDEVILLE, G.; WILSON, C. L.; BEER, S. V.; AIST, J. R. Alternative disease control agents induce resistance to blue mold in harvested 'Red Delicious' apple fruit. **Phytopathology**, St. Paul, v. 92, n. 8, p. 900-908, 2002.
- CARVALHO, V. L.; CHALFOUN, S. M. Doenças do Pessegueiro. In: Pessegueiro e Ameixeira. **Informe Agropecuário**, v. 18, n. 189, p. 51-55, 1997.
- CORBIN, J.B. Factors determining the length of the incubation period of *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey in fruit of Prunus spp. **Journal Agricultural Research**, n. 14, p. 51-60, 1962.
- EMERY, K. M., MICHAILIDES, T. J.; SCHERM, H. Incidence of latent infection of immature peach fruit by *Monilinia fructicola* and relationship to brown in Georgia. **Plant Disease**, v. 84, p. 853-857, 2000.
- MARTINS, M.C.; BETTI, J.A.; LEITE, R.M.V.B.C.; AMORIM, L. Doenças das rosáceas de caroço. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A. (Ed.). **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. v.2: Doenças das Plantas Cultivadas, cap. 62, p. 545-557.
- NEGRI, G. **Controle da podridão parda em pessegueiro conduzido em sistema orgânico e produção do antagonista *Trichothecium roseum***. 2007. 147 p. Tese (Doutorado). Universidade Federal do Paraná. Curitiba, PR, 2007
- OSÓRIO, V. A.; FORTES, J. F. **Pêssego. Fitossanidade**. Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS. Embrapa Informações Tecnológicas, Brasília, 2003. 53 p.
- WAGNER JÚNIOR, A. **Avaliação de germoplasma de pessegueiro, quanto à reação à *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey**. 2003. 74 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, 2003.
- WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C. B.; PIEROBOM, C. R.; FORTES, J. F.; SILVA, J.B. Peach flower reaction to inoculation with *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey. **Journal of the Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.141-147, 2005a.
- WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C. B.; PIEROBOM, C. R.; FORTES, J. F.; SILVA, J. B. Non-Correlation of Flower and Fruit Resistance to Brown Rot (*Monilinia fructicola* (Wint.) Honey) Among 27 Peach Cultivars and Selections. **Journal of the American Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.148-152, 2005b
- ZONTA, E.; MACHADO, A.A. **SANEST – Sistema de análise estatística para microcomputadores**. Pelotas:UFPel. 1984, 75 p.

4 REAÇÃO DE FRUTOS DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE PESSEGUIRO À PODRIDÃO PARDA

RESUMO:

A podridão parda, causada pelo fungo *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey, é a principal doença das fruteiras de caroço. Esse fungo ataca flores, ramos e frutos das plantas hospedeiras, causando severas perdas. Assim, é importante identificar genótipos com alguma resistência à podridão parda, uma vez que podem ser recomendados para uso em programas de melhoramento como futuros genitores em hibridações controladas. O objetivo deste trabalho foi testar a reação dos frutos de diferentes genótipos de pessegueiro à podridão parda. Foram avaliados 26 e 29 genótipos de pessegueiro no ciclo produtivo 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. O experimento foi realizado no Laboratório de Fitossanidade, da UTFPR – *Campus Dois Vizinhos*. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, considerando-se cada genótipo de pessegueiro como tratamento, utilizando-se três repetições com nove frutos cada. A inoculação foi realizada sobre a epiderme dos frutos com aspensão de uma suspensão conidial ($1,0 \times 10^5$ esporos.mL⁻¹) de aproximadamente 0,15 mL de *M. fructicola*. Os frutos foram observados 72 e 120 horas após a inoculação, sendo avaliada a incidência e severidade da doença. Os genótipos de pessegueiro diferiram significativamente para todas as variáveis analisadas (incidência e severidade) nos dois ciclos produtivos. Frutos dos genótipos 'Tropic Beauty', 'Bonão', 'Casca 962', 'Conserva 1187', 'Kampai', 'Casca 1063', 'Tropic Snow' e 'Rubimel' foram os que apresentaram menor incidência a podridão parda nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011.

Palavras-chave: melhoramento; *Monilinia fructicola*; resistência; *Prunus* sp.

BROWN ROT FRUIT REACTION IN DIFFERENT PEACH GENOTYPES

ABSTRACT

The brown rot caused by the fungus *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey, is the main disease of stone fruits. This fungus attacks the flowers, stems and fruit of host plants, causing severe losses. Thus, it is important to identify genotypes with brown rot resistance to be recommended for using as parents in future breeding programs. The aim of this work was to test the different peach genotypes for brown rot reaction in fruits. Twenty six and 29 peach genotypes were evaluated in the 2009/2010 and 2010/2011 production cycle, respectively. The experiment was carried out at the Laboratório de Fitossanidade, da UTFPR – *Campus Dois Vizinhos*. The experimental design was entirely randomized, considering each peach genotype a treatment, and it was use three replication of nine fruits by plot. The fruit epidermis were inoculated individually with 0.15 mL of *M. fructicola* conidial suspension (1.0×10^5 spores mL⁻¹). The fruit were examined 72 and 120 hours after inoculation, and the disease incidence and severity were evaluated. Peach genotypes differed significantly for all variables evaluated (incidence and severity) in both production cycles. Fruits from 'Tropic Beauty 'Bonão', 'Casata 962', 'Conserva 1187', 'Kampai', 'Casatal 1063', 'Tropic Snow' and 'Rubimel' genotypes showed the lowest brown rot incidence in 2009/2010 and 2010/2011 cycles.

Key-words: Breeding. *Monilinia fructicola*. Resistance. *Prunus* sp.

4.1 INTRODUÇÃO

A podridão parda, causada pelo fungo *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey, é a principal doença das fruteiras de caroço (*Prunus* spp.) (BYRDE; WILLETTS, 1977; LANDGRAF; ZEHR, 1982), uma vez que pode ser encontrada em praticamente todos os pomares, causando severas perdas aos fruticultores (GARRIDO; SONEGO, 2003). Neste sentido, esta doença possui importância econômica em quase todas as regiões do mundo (GRADZIEL et. al., 1998).

O fungo ataca flores, ramos e frutos das plantas hospedeiras (BYRDE; WILLETTS, 1977; WAGNER JÚNIOR et. al., 2005a; WAGNER JÚNIOR et. al., 2005b; MAY-DE MIO et. al., 2008).

Os primeiros sintomas da doença ocorrem na floração, visto que os órgãos florais são infectados ocasionando a queima das flores. A partir das flores a doença pode avançar até o pedúnculo e penetrar nos ramos, formando-se cancrios que podem anelar os mesmos, causando a morte da parte terminal (MAY-DE MIO et. al., 2008). As flores infectadas podem morrer ficando aderidas ao pedúnculo por tempo indeterminado (WAGNER JÚNIOR, 2003) ou causarem infecções mais brandas originando frutos contaminados (BLEICHER, 1997; MAY-DE MIO; GARRIDO; UENO, 2004) (Anexo 1).

Os frutos também podem ser contaminados pelos conídios disseminados pelo vento, água ou insetos, os quais podem penetrar pela cutícula ou por ferimentos (MAY-DE MIO et. al., 2008). Inicialmente, observam-se nos frutos manchas pequenas, com formas circulares, de coloração parda (BYRDE; WILLETTS, 1977; MAY-DE MIO et. al., 2008). As manchas se desenvolvem rapidamente e sobre essas se forma massa pulverulenta (BYRDE; WILLETTS, 1977). Posteriormente, os frutos desidratam-se e mumificam-se, podendo permanecer aderido à planta ou caírem sobre o solo (OGAWA et. al. 1995).

Os fatores determinantes para a epidemiologia da doença são a alta umidade e temperaturas adequadas, variando entre 17° e 30°C, sendo a temperatura ótima 25°C (CORBIN, 1962; GARRIDO; SONEGO, 2003). Assim, a podridão parda é favorecida nas principais regiões produtoras do Brasil pelos fatores climáticos, os quais incluem alta precipitação pluviométrica, alta umidade relativa do ar e, incidência de ventos fortes na primavera e verão (FACHINELLO et. al., 2003)

Nessas condições, o controle dessa doença depende de várias pulverizações com fungicidas, as quais devem ser intensificadas na floração e pré-colheita (MAY-DE MIO et. al., 2008). No entanto, nesta última década a legislação fitossanitária tem se tornado mais severa em muitos países devido a busca por produtos seguros, ou seja, com curto período de carência e/ou que não permitam o acúmulo de resíduos nos frutos (BASSETTO et. al., 2007).

Neste sentido, maior ênfase deve ser aplicada a outras estratégias de controle que minimizem o uso de fungicidas por meio de métodos alternativos (CAPDEVILLE et al., 2002). O correto manuseio dos frutos, evitando-se ao máximo a ocorrência de ferimentos pode minimizar os problemas de contaminação pós-colheita. Porém, nem sempre isso é possível, necessitando-se métodos que sejam eficientes sem causar problemas de contaminação alimentar e/ou intoxicação ao fruticultor e, ao consumidor.

Devido às exigências do mercado quanto a produtos livres de resíduos de agrotóxicos e considerando que a adoção de genótipos resistentes à podridão parda pode contribuir para tenhamos a disposição os produtos exigidos pelo mercado, há a necessidade de testes em genótipos de pessegueiro ainda não avaliados para esta doença.

Coletivamente, estudos no passado e no presente descrevem a existência de diferentes níveis de suscetibilidade à podridão parda, tendo poucos genótipos com limitada resistência [ex: 'Bolinha' (FELICIANO; FELICIANO; OGAWA, 1987, WAGNER JÚNIOR, 2003), 'Dr. Davis', 'Ross' (GRADZIEL; WANG, 1993), 'Contender' e 'Venus' (BASSI; RIZZO; CANTONI, 1998)].

Contudo, é importante a identificação de outros genótipos com certo grau de resistência à *M. fructicola*, uma vez que podem ser recomendados para uso em programas de melhoramento como futuros genitores em hibridações controladas.

O objetivo deste trabalho foi testar a reação dos frutos de diferentes genótipos de pessegueiro à podridão parda.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

A avaliação dos genótipos de pessegueiro quanto à reação dos frutos a podridão parda foi realizada no Laboratório de Fitossanidade, da UTFPR – *Campus Dois Vizinhos*, nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011.

Foram avaliados 26 genótipos de pessegueiro no ciclo produtivo 2009/2010, sendo nove cultivares e 17 seleções e, 29 genótipos no ciclo 2010/2011, sendo oito cultivares e 21 seleções.

Em condições de laboratório, a avaliação da incidência e severidade da podridão parda foi verificada em frutos selecionados e colhidos, aleatoriamente, desde que apresentassem máximo desenvolvimento e coloração de fundo da epiderme, passando de verde para verde-amarelada ou branco-creme, dependendo da cor da polpa do genótipo (CANTILLANO; SACHS, 1984), nos quatro quadrantes da planta.

Os frutos coletados foram obtidos da coleção de pessegueiro implantado na área experimental da UTFPR, no município de Pato Branco, PR (latitude 26° 10' 39" S, longitude 56° 41' 21" W, e altitude média de 750 m). Parte dessa coleção foi implantada em Setembro de 2003 e uma segunda remessa de genótipos de pessegueiro foi implantada em 2004.

As plantas de cada genótipo estão sendo conduzidas em sistema de vaso, com espaçamento 5 x 4 m entre plantas e linhas, respectivamente. As práticas de manejo foram realizadas conforme recomendações gerais para a cultura, com aplicação de fungicida (azoxistrobina) na segunda semana de outubro no ciclo 2010/2011.

O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, considerando-se cada genótipo de pessegueiro como tratamento, utilizando-se três repetições com nove frutos cada.

O isolado do fungo foi obtido a partir de frutos infectados com *M. fructicola* provenientes da coleção de pessegueiros da UTFPR e de pomares comerciais da região, procurando-se obter mais de uma estirpe do mesmo. Após a coleta, o material foi levado para laboratório, sendo seus esporos misturados e transferidos com estilete para placas de Petri®, contendo meio BDA (Batata Dextrose Ágar) e incubadas em câmara B.O.D a 25±2°C, por 5-7 dias no escuro. A contaminação com outros fungos foi eliminada através de sucessivas repicagens até a obtenção de cultura pura.

Para a obtenção da suspensão conidial foram adicionados 10 mL de água destilada nas placas de Petri®, contendo as culturas, agitando-se levemente as placas. Através de sucessivas diluições a concentração da suspensão de *M. fructicola* foi ajustada para $1,0 \times 10^5$ esporos mL⁻¹ (BASSI; RIZZO; CANTONI, 1998), contados com auxílio de câmara de Neubauer (WAGNER JÚNIOR, 2003; WAGNER JÚNIOR et al., 2005a).

Após os frutos terem sido colhidos, no laboratório os mesmos foram novamente selecionados observando-se a ausência de danos mecânicos e/ou infecção aparente. Os frutos, selecionados foram desinfestados imergindo-os por 1 minuto em solução de hipoclorito de sódio a 0,25% e, após 10 minutos, lavados três vezes em água destilada.

A inoculação foi realizada sobre a epiderme dos frutos com aspersão de uma suspensão conidial de aproximadamente 0,15 mL de *M. fructicola*. O procedimento foi realizado com borrifador plástico, sobre área com 2,5 cm de diâmetro na superfície da fruta. Após a inoculação, os frutos foram acondicionados sobre anéis de PVC dentro de caixas plásticas (24,0 x 23,0 x 10,0 cm) umedecidas e fechadas (com pequenos orifícios nas laterais) e forradas com papel toalha umedecido (Apêndice 29). Todo o processo de inoculação foi realizado em câmara de fluxo laminar. As caixas foram, por sua vez, mantidas em ambiente natural. Os frutos foram observados 72 e 120 horas após a inoculação, sendo avaliada a incidência da doença, expresso em % de frutos contaminados, e individualmente a severidade de infecção do fruto atacado, baseados na escala de 0 a 4 (Tabela 6) (WAGNER JÚNIOR, 2003; WAGNER JÚNIOR et al., 2005b).

Tabela 6 - Escala da severidade da doença causada pelo fungo *M. fructicola* em pêssegos (Wagner Júnior, 2003; Wagner Júnior et al., 2005b). UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Escala	Severidade da doença
0	Fruto sem infecção
1	> 0% ≤ 25% da superfície do fruto com lesão da doença
2	> 25% ≤ 50% da superfície do fruto com lesão da doença
3	> 50% ≤ 75% da superfície do fruto com lesão da doença
4	> 75% da superfície do fruto com lesão da doença

Os dados da percentagem de incidência de patógenos e severidade nos frutos foram submetidos à análise de variância e ao teste de Scott & Knott ($p \leq 0,05$).

Os dados das percentagens de incidência e severidade foram transformados previamente em *arco seno* $\sqrt{x/100}$, por não terem apresentado normalidade segundo o teste de Lilliefors.

Também foi aplicado o teste comparativo de médias “t” entre os genótipos analisados nos dois anos, sendo o mesmo teste aplicado entre as médias das cultivares e seleções que foram pulverizadas com a suspensão conidial e os seus respectivos controles.

As cultivares e seleções estudadas nos dois anos também foram avaliadas quanto à análise de agrupamento através do método “vizinho mais próximo” e agrupamento de otimização pelo método “Tocher”, utilizando-se como medida de dissimilaridade a distância de Mahalanobis, para ambos os métodos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO,2004). Todas as análises estatísticas foram realizadas no Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, GENES® (CRUZ, 2006).

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os genótipos de pessegueiro diferiram significativamente para todas as variáveis analisadas nos dois ciclos produtivos (Apêndices 5 a 12).

De acordo com as Tabelas 7 e 8, verificou-se que as médias dos genótipos para incidência e severidade da podridão parda nos frutos as 72 e 120 horas posterior a inoculação permitiu a formação de quatro grupos distintos, no ciclo produtivo 2009/2010 e 2010/2011.

Na avaliação realizada às 72 horas após a inoculação, durante o ciclo 2009/2010 foram agrupados 18 genótipos como mais tolerantes ($< 22,22\% > 5\%$ de incidência) e/ou resistentes ($< 5\%$ incidência) a podridão parda nos frutos.

No entanto, destes 18 genótipos, somente nove (Cascata 962, Kampai, Conserva 1187, Conserva 1063, Tropic Snow, Rubimel, Cascata 967, Conserva 985 e Conserva 844) mantiveram o mesmo comportamento de tolerância a doença ao analisá-los nas 120 horas (Tabela 7).

Isso indica que frutos dos demais nove genótipos podem ter certa tolerância ao fungo *M. fructicola* nas primeiras 72 horas de contato com o mesmo, porém uma vez instalada a doença o desenvolvimento desta é rápido, como ocorrido para Tropic Beauty (8,34% para 58,33%), Bonão (11,11% para 51,85%), Conserva 1396 (11,11% para 77,78%), Cascata 1303 (7,41% para 81,48%), Conserva 1129 (0% para 59,26%), Cascata 1055 (22,22% para 48,15%), Conserva 1434 (14,82% para 62,96%), Conserva 1186 (7,41% para 59,26%), Conserva 871 (22,22% para 88,89%) nas 120 horas de avaliação (Tabela 7).

Resultados semelhantes ocorreram no ciclo produtivo 2010/2011, para os genótipos Bonão (3,71% para 37,04%), Conserva 1187 (3,71% para 55,56%) e Cascata 1063 (0% para 37,03%), comparando-se o progresso da doença das 72 às 120 horas após inoculação, sendo considerados no primeiro tempo de avaliação como no grupo com menor incidência a podridão parda, não sendo a mesma resposta para as 120 horas seguintes.

Isto pode estar relacionado aos apontamentos descritos por Schlagbauer e Holz (1989) no qual relataram que a resistência a podridão parda parece estar limitada à epiderme, não havendo qualquer tipo de resistência na polpa das frutas. Assim, supõe-se que nas primeiras 72 horas alguns frutos conseguem retardar a penetração do patógeno, pois ainda o mesmo não atingiu a polpa, mas com 120

horas já ocorre à infecção, sendo estes rapidamente suscetíveis, servindo como fonte de inóculo para contaminação dos demais.

Tabela 7 - Incidência de podridão parda em frutos de 30 genótipos de pessegueiro, a 72 e 120 horas após inoculados com *M. fructicola*, nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Genótipos	Incidência de podridão 72 h		Incidência de podridão 120 h	
	2009/2010	2010/2011	2009/2010	2010/2011
Libra	41,67 c	7,41 d	87,50 b	18,53 d
Tropic Beauty	8,34 d	0,00 d	58,33 c	7,41 d
Bonão	11,11 d	3,71 d	51,85 c	37,04 c
Cascata 962	0,00 d	0,00 d	12,50 d	22,23 d
Conserva 1187	20,84 d	3,71 d	41,67 d	55,56 c
Kampai	0,00 d	0,00 d	25,92 d	11,11 d
Cascata 1063	0,00 d	0,00 d	25,92 d	37,03 c
Tropic Snow	11,11 d	11,11 c	25,92 d	25,93 d
Conserva 1396	11,11 d	14,82 c	77,78 b	70,37 b
Cascata 1303	7,41 d	0,00 d	81,48 b	11,12 d
Rubimel	3,71 d	0,00 d	22,22 d	18,52 d
Conserva 985	7,41 d	51,83 b	18,53 d	70,37 b
Conserva 1153	70,37 b	100,00 a	100,00 a	100,00 a
Cascata 967	0,00 d	92,59 a	18,52 d	96,30 a
Conserva 844	11,12 d	55,56 b	33,33 d	88,89 a
Conserva 1129	0,00 d	88,89 a	59,26 c	96,30 a
Cascata 1070	44,45 c	44,45 b	92,59 a	100,00 a
Cascata 1055	22,22 d	77,78 b	48,15 c	96,30 a
Atenas	100,00 a	92,59 a	100,00 a	100,00 a
Conserva 1434	14,82 d	59,26 b	62,96 c	96,30 a
Conserva 1186	7,41 d	62,96 b	59,26 c	100,00 a
Cascata 587	48,15 c	77,78 a	96,30 a	96,30 a
Conserva 681	100,00 a	25,92 c	100,00 a	59,26 c
Conserva 871	22,22 d	85,19 a	88,89 a	96,30 a
Âmbar	77,78 b	59,26 b	100,00 a	81,48 b
Santa Áurea	37,04 c	-	77,78 b	-
Conserva 1223	-	44,44 b	-	66,67 b
Conserva 1127	-	100,00 a	-	100,00 a
Conserva 1216	-	100,00 a	-	100,00 a
Cascata 1065	-	14,81 c	-	40,74 c
CV (%)**	48,28	34,23	23,46	22,89

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si, pelo teste Scott & Knott ($p \leq 0.05$).

**CV (Coeficiente de variação).

Nestes casos, deve ser recomendado maior cuidado na classificação e seleção dos frutos durante sua conservação pós-colheita e/ou comercialização, uma vez que, se houver um fruto contaminado em determinado lote, as perdas podem ser significativas.

Entretanto, destaca-se que os genótipos Libra, Tropic Beauty, Cascata 962, Kampai, Tropic Snow, Cascata 1303 e Rubimel foram agrupados como aqueles de menor incidência a doença nos frutos nas 120 horas posteriores a inoculação, dentro do ciclo 2010/2011, sendo que para os seis últimos genótipos citados não foi observada incidência de podridão parda nos frutos nas 72 horas após a inoculação, conforme Tabela 7.

Destes, os genótipos 'Kampai' e 'Rubimel' possuem os mesmos genitores ('Chimarrita' x 'Flordaprince'). Os genótipos 'Libra e 'Cascata 1303' possuem em comum o progenitor 'Aldrighi', embora com diferentes graus de parentesco.

Por outro lado, alguns genótipos (Libra, Bonão, Cascata 1303, Cascata 967, Conserva 844, Conserva 1129, Cascata 1055, Conserva 1434, Conserva 1186 e Conserva 871) apresentaram resultados divergentes quanto à reação à podridão parda nos dois ciclos produtivos (2009/2010 e 2010/2011), sendo considerado tolerante em um destes e suscetível em outro, enfatizando-se a importância da análise por mais de um ciclo para seleção de resistência (Tabela 7).

É provável que a variação do tipo de inóculo utilizado entre os ciclos pode ter possibilitado a utilização de uma estirpe mais agressiva a esses genótipos em um destes e outra menos em outro. Contudo, a utilização de inóculo com estirpes diferentes é recomendada quando se visa obter resistência horizontal.

Esse tipo de resistência apresenta a vantagem de controlar um espectro maior de raças em uma população patogênica (FEHR, 1987) devido a sua característica poligênica.

Quanto à severidade da doença foi observado que a mesma está relacionada com os resultados de incidência de podridão em frutos de alguns genótipos, tanto para menores médias quanto para as maiores obtidas para estas variáveis (Tabelas 7 e 8).

Tabela 8 - Severidade de podridão parda em frutos de 30 genótipos de pessegueiro, a 72 e 120 horas após inoculados com *M. fructicola*, nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Genótipos	Severidade*** de podridão 72 h		Severidade de podridão 120 h	
	2009/2010	2010/2011	2009/2010	2010/2011
Libra	0,74 c*	0,07 d	1,96 b	0,22 e
Tropic Beauty	0,13 d	0,0 d	1,29 c	0,07 e
Bonão	0,15 d	0,04 d	1,37 c	0,44 e
Cascata 962	0,0 d	0,0 d	0,13 c	0,22 e
Conserva 1187	0,25 d	0,04 d	1,04 c	0,56 e
Kampai	0,0 d	0,0 d	0,52 c	0,74 e
Cascata 1063	0,0 d	0,0 d	0,33 c	0,41 e
Tropic Snow	0,15 d	0,11 d	0,37 c	0,48 e
Conserva 1396	0,22 d	0,19 d	1,96 b	1,11 d
Cascata 1303	0,08 d	0,0 d	2,11 b	0,15 e
Rubimel	0,04 d	0,0 d	0,29 c	0,22 e
Conserva 985	0,08 d	0,70 c	0,30 c	1,52 d
Conserva 1153	1,19 b	2,00 a	2,92 a	3,52 a
Cascata 967	0,0 d	1,15 c	0,18 c	3,07 a
Conserva 844	0,11 d	0,59 d	0,59 c	1,89 c
Conserva 1129	0,0 d	1,48 b	1,04 c	3,11 a
Cascata 1070	0,48 c	0,70 c	2,26 b	2,44 b
Cascata 1055	0,26 d	0,89 c	0,67 c	2,93 a
Atenas	2,00 a	1,44 b	3,67 a	3,56 a
Conserva 1434	0,18 d	0,70 c	0,85 c	2,67 b
Conserva 1186	0,07 d	0,74 c	0,82 c	2,52 b
Cascata 587	0,56 c	0,96 c	2,56 b	2,56 b
Conserva 681	2,26 a	0,26 d	3,63 a	0,82 d
Conserva 871	0,22 d	1,11 c	1,78 b	2,11 c
Âmbar	0,78 c	0,96 c	2,44 b	1,74 c
Santa Áurea	0,52 c	-	1,67 b	-
Conserva 1223	-	0,48 d	-	1,07 d
Conserva 1127	-	1,33 b	-	3,44 a
Conserva 1216	-	1,52 b	-	3,41 a
Cascata 1065	-	0,18 d	-	0,56 e
CV (%)**	57,93	41,30	37,42	26,31

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si, pelo teste Scott & Knott ($p \leq 0.05$).

**CV (Coeficiente de variação)

***Severidade segundo escala de 0 a 4, onde 0 para fruto sem infecção, 1 fruto com lesão $> 0\% \leq 25\%$ da superfície do mesmo, 2 sendo $> 25\% \leq 50\%$ da superfície do fruto com lesão da doença), 3 com área $> 50\% \leq 75\%$ da superfície do fruto com lesão da doença) e 4 considerando-se $> 75\%$ da superfície do fruto com lesão da doença (Wagner Júnior, 2003).

Porém, ressalta-se que no ciclo produtivo 2009/2010, os genótipos Tropic Beauty, Bonão, Cascata 962, Conserva 1187, Kampai, Cascata 1063, Tropic Snow, Rubimel, Conserva 985, Cascata 967, Conserva 844, Conserva 1129, Cascata 1055, Conserva 1434, Conserva 1186, Conserva 1396, Cascata 1303 e Conserva 871 foram os que apresentaram menor severidade da doença 72 horas após inoculação, com escala de infecção menor que 1, indicando praticamente não haver infecção nos mesmos. Com exceção dos últimos três genótipos citados, os demais mantiveram os resultados de menor severidade nas 120 horas, porém com escala de infecção menor que 2, com área de contaminação do fruto não superior a 25% (Tabela 8).

Os mesmos resultados de menor severidade nas 72 e 120 horas também foram verificados no ciclo produtivo 2010/2011 para os genótipos Tropic Beauty, Bonão, Cascata 962, Conserva 1187, Kampai, Cascata 1063, Tropic Snow e Rubimel. Neste mesmo ciclo (2010/2011), os genótipos Conserva 1396, Conserva 844 e Conserva 681 estavam entre aqueles com menor severidade somente nas 72 horas, não se repetindo para as 120 horas (Tabela 8).

Acredita-se que os resultados obtidos com os genótipos 'Bonão' e 'Tropic Beauty' no ciclo 2010/2011, tanto para a incidência, quanto para severidade possam ser em decorrência de que a inoculação com *M. fructicola* foi realizada cinco dias após aplicação de fungicida (azoxistrobina), interferindo-se nos resultados dos mesmos.

Além destes, os genótipos Conserva 1223 e Cascata 1065 apresentaram resultados promissores, devendo os mesmos ser testados em outro ciclo produtivo, já que foram avaliados apenas em 2010/2011 (Tabela 8).

Quanto ao agrupamento realizado pelo método de Tocher baseado na distância de Mahalanobis houve a individualização de 6 e 7 grupos mutuamente exclusivos quanto a reação à podridão parda em frutos dos genótipos de pessegueiro analisados, nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente (Tabelas 9 e 10).

Analisando-se os resultados da Tabela 9, pode-se verificar que o maior número de acessos estava presente no grupo I, com 14 (Cascata 962; Cascata 967; Rubimel; Cascata 1063; Kampai; Conserva 844; Tropic Snow; Conserva 985; Cascata 1055; Conserva 1187; Conserva 1186; Bonão; Tropic Beauty e Conserva 1434), das 26 analisadas, o que indica pequena divergência genética entre as

mesmas. Neste mesmo grupo (I), também foi obtido o maior número de genótipos no ciclo 2010/2011, com 11 dos 26 analisados (Grupo I – Cascata 962; Rubimel; Kampai; Cascata 1303; Tropic Beauty; Libra; Tropic Snow; Bonão; Cascata 1063; Cascata 1065 e Conserva 1187) (Tabela 10).

Deste grupo Libra, Bonão e Conserva 1187 possuem a mesma genitora materna (Conserva 594), a qual possui em sua genealogia a cultivar ‘Aldrighi’, bem como o genótipo Cascata 1063 e Cascata 1303, explicando-se o agrupamento desses genótipos em um mesmo grupo. Os genótipos Rubimel e Kampai são oriundos do cruzamento entre Chimarrita x Flordaprince, sendo que a cultivar Tropic Beauty também possui Flordaprince como genitor paterno, e Cascata 1065 tem como progenitor a cultivar Chimarrita, sendo então relacionados geneticamente (Apêndice 1). O genótipo Tropic Snow é proveniente da Universidade da Flórida não sendo observado parentesco com aqueles agrupados no grupo I (Tabela 10), e o ‘Conserva 844’ não possui genealogia identificada.

Tabela 9 - Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, utilizando-se as 4 variáveis analisadas, baseado na distância de Mahalanobis, entre 26 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/PR ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Grupo	Indivíduos
I	Cascata 962 (4); Cascata 967 (14); Rubimel (11); Cascata 1063 (7); Kampai (6); Conserva 844 (15); Tropic Snow (8); Conserva 985 (12); Cascata 1055 (18); Conserva 1187 (5); Conserva 1186 (21); Bonão (3); Tropic Beauty (2) e Conserva 1434 (20);
II	Cascata 1070 (17); Cascata 587 (22); Conserva 871 (24); Santa Áurea (26) e Libra (1);
III	Conserva 1396 (9); Cascata 1303 (10) e Conserva 1129 (16);
IV	Atenas (19) e Conserva 681(23);
V	Conserva 1153 (13);
VI	Âmbar (25)

Contudo, de acordo com as Tabelas 9 e 10, constatou-se que não houve similaridade nos genótipos que formaram os grupos nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011, exceção apenas para Rubimel, Kampai, Tropic Beauty, Tropic Snow, Bonão, Cascata 1063 e Conserva 1187 que foram agrupados no mesmo grupo em ambos os ciclos (Grupo I), o que pode ser explicado pelo grau de parentesco existente entre eles, exceção para Tropic Snow que não foi observado parentesco até onde foi verificada a árvore genealógica da mesma.

Tabela 10 - Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, utilizando-se as 4 variáveis analisadas, baseado na distância de Mahalanobis, entre 29 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/PR. ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Grupo	Indivíduos
I	Cascata 962 (4); Rubimel (11); Kampai (6); Cascata 1303 (10); Tropic Beauty (2); Libra (1); Tropic Snow (8); Bonão (3); Cascata 1063 (7); Cascata 1065 (26) e Conserva 1187 (5);
II	Conserva 681(23); Conserva 1223 (27); Conserva 1396 (9); Conserva 985 (12) e Conserva 844 (15);
III	Cascata 1055 (18); Conserva 1434 (20); Conserva 1186 (21); Cascata 587 (22) e Cascata 967 (14);
IV	Conserva 1127 (28); Conserva 1216 (29); Atenas (19) e Conserva 1129 (16);
V	Conserva 871 (24) e Âmbar (25);
VI	Cascata 1070 (17);
VII	Conserva 1153 (13).

Esta diferença observada na formação dos demais grupos pode ser em decorrência do tipo de inóculo utilizado nos dois ciclos de avaliação ou pelo diferente número de genótipos analisados entre estes, interferindo diretamente para a divergente distribuição dos genótipos entre os grupos.

Entretanto, apesar do diferente número de grupos formados pelos dendrogramas obtidos pelo método de agrupamento do vizinho mais próximo nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011 (2 e 3 grupos, respectivamente), verificou-se semelhança no agrupamento de alguns genótipos analisados (Figuras 5 e 6).

De acordo com a Figura 5, os genótipos 19 (Atenas) e 23 (Conserva 681) formaram o grupo I, sendo os demais [13 (Conserva 1153), 25 (Âmbar), 24 (Conserva 871), 22 (Cascata 587), 17 (Cascata 1070), 26 (Santa Áurea), 1 (Libra), 10 (Cascata 1303), 9 (Conserva 1396), 16 (Conserva 1129), 5 (Conserva 1187), 12 (Conserva 985), 3 (Bonão), 2 (Tropic Beauty), 21 (Conserva 1186), 20 (Conserva 1434), 18 (Cascata 1055), 8 (Tropic Snow), 15 (Conserva 844), 11 (Rubimel), 6 (Kampai), 7 (Cascata 1063), 14 (Cascata 967) e 4 (Cascata 962)] o grupo II.

Os genótipos 19 (Atenas) e 23 (Conserva 681) possuem o mesmo progenitor materno (Alpes), explicando a pequena divergência entre os mesmos (Apêndice 1).

No ciclo produtivo 2010/2011 (Figura 6), houve a formação de grupo (I) com único genótipo (Conserva 1153). Por outro lado, o grupo III agrupou a maioria dos genótipos, com 18 dos 29 analisados [25 (Âmbar), 24 (Conserva 871), 15 (Conserva

844), 12 (Conserva 985), 9 (Conserva 1396), 27 (Conserva 1223), 26 (Santa Áurea), 23 (Conserva 681), 5 (Conserva 1187), 7 (Cascata 1063), 3 (Bonão), 8 (Tropic Snow), 1 (Libra), 10 (Cascata 1303), 2 (Tropic Beauty), 6 (Kampai), 11 (Rubimel) e 4 (Cascata 962)].

Embora com diferentes graus de parentesco esse agrupamento pode ser explicado devido a 11 dos 18 genótipos apresentarem a cultivar Aldrighi na sua genealogia sendo estes, Âmbar, Conserva 871, Conserva 985, Conserva 1396, Conserva 1223, Conserva 681, Conserva 1187, Cascata 1063, Bonão, Libra, Cascata 1303. Quanto aos demais, não é possível afirmar se existem ancestrais comuns por não ter conseguido identificar toda árvore genealógica.

O grupo II foi formado pelos genótipos 17 (Cascata 1070), 22 (Cascata 587), 16 (Conserva 1129), 19 (Atenas), 29 (Conserva 1216), 28 (Conserva 1127), 14 (Cascata 967), 21 (Conserva 1186), 20 (Conserva 1434) e 18 (Cascata 1055).

Os genótipos 'Conserva 1186', 'Cascata 1055' e 'Conserva 1216' possuem em comum o genitor 'Granada' e o mesmo apresenta em sua genealogia a cultivar 'Alpes', bem como os genótipos 'Conserva 1434', 'Atenas'. Os genótipos 'Conserva 1129' e 'Conserva 1127' possuem em sua genealogia a cultivar 'Aldrighi', genitor do cultivar 'Alpes', tornando-os parentais dos demais genótipos citados. Quanto aos genótipos 'Cascata 1070', 'Cascata 587' e 'Cascata 967', não foi possível observar se há ou não grau de parentesco pela genealogia apresentada, porém não se descarta a mesma (Apêndice 1).

Para a formação do dendrograma pelo método do vizinho mais próximo considerou-se a maior distância, 16,0 e 5,20 (obtida pela D^2) como 100% de distância nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente (Figuras 5 e 6).

No ciclo 2009/2010 a maior divergência foi obtida entre os genótipos Libra (1) e Atenas (19), pertencentes aos grupos II e IV, pelo método de Tocher (Tabela 9) e/ou grupos I e II pelo método do vizinho mais próximo (Figura 5). Já no ciclo 2010/2011 os genótipos Libra e Conserva 1153 foram os mais divergentes, sendo estes pertencentes aos grupos I e VII pelo método de Tocher (Tabela 10) e/ou I e III pelo método do vizinho mais próximo (Figura 6).

Pode-se verificar, no presente estudo, que houve certas semelhanças entre os genótipos agrupados pelo método de Tocher com os obtidos pelo dendrograma por meio do método de agrupamento do vizinho mais próximo em ambos os ciclos de avaliação (Tabelas 9 e 10 e, Figuras 5 e 6).

De acordo com Carpentieri-Pípolo et al. (2000) medidas da divergência genética obtidas antes que qualquer cruzamento seja realizado podem auxiliar os melhoristas a concentrar seus esforços nas combinações mais promissoras, recomendando-se assim utilizar ambas as metodologias, em mais de um ciclo produtivo para maior confiabilidade dos resultados.

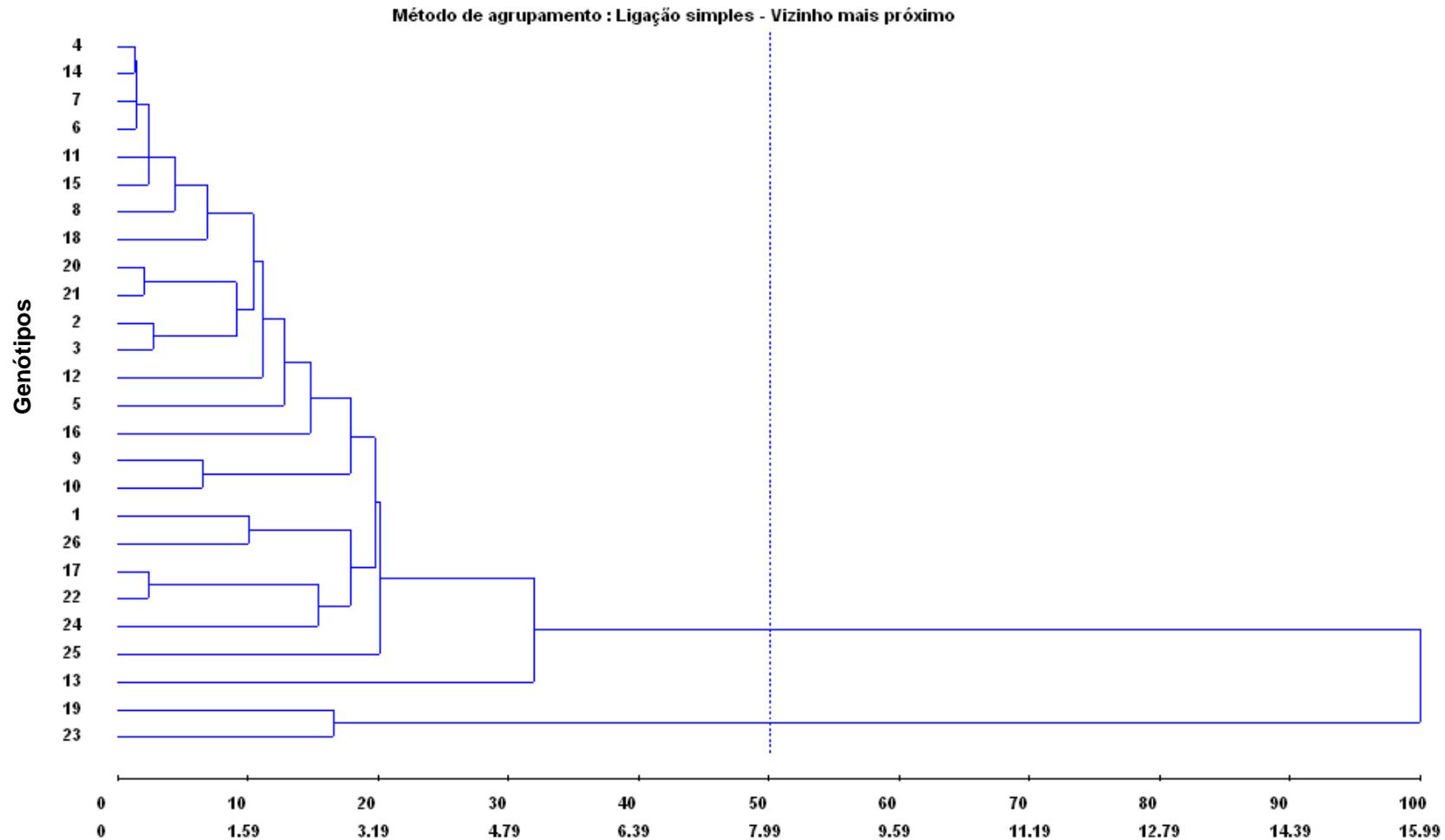


Figura 5 - Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 26 genótipos de pessegueiro (ciclo 2009/2010) obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base nas variáveis de incidência e severidade de podridão parda nos frutos em 2009, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 26 genótipos. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011. Legenda dos genótipos: 1- Libra; 2- Tropic Beauty; 3- Bonão; 4- Cascata 962; 5- Conserva 1187; 6- Kampai; 7- Cascata 1063; 8- Tropic Snow; 9- Conserva 1396; 10- Cascata 1063; 11- Rubimel; 12- Conserva 985; 13- Conserva 1153; 14- Cascata 967; 15- Conserva 844; 16- Conserva 1129; 17- Cascata 1070; 18- Cascata 1055; 19- Atenas; 20- Conserva 1434; 21- Conserva 1186; 22- Cascata 587; 23- Conserva 681; 24- Conserva 871; 25- Âmbar; 26- Santa Áurea.

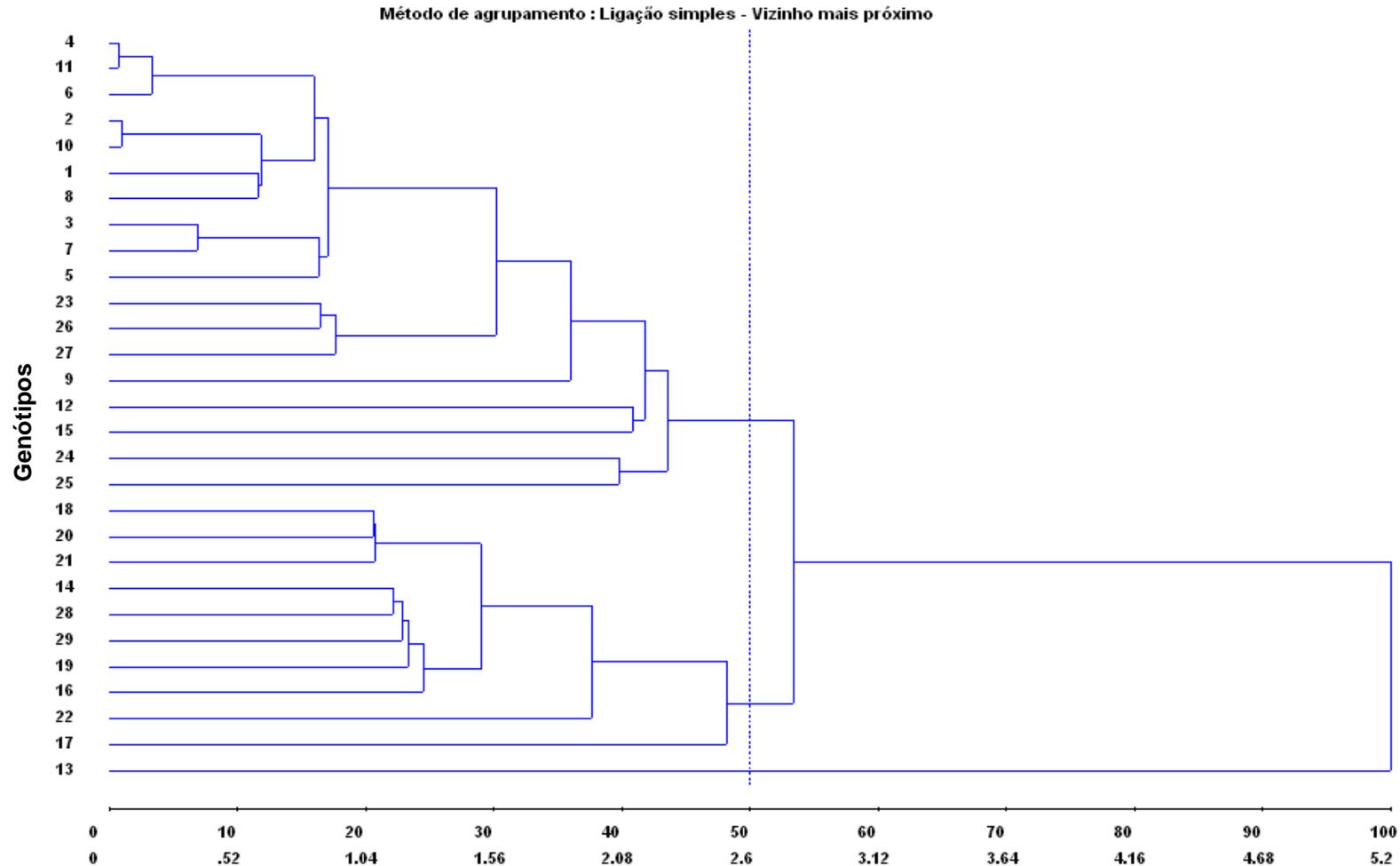


Figura 6 - Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos de pessegueiro (ciclo 2010/2011) obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base nas variáveis de incidência e severidade de podridão parda nos frutos em 2010, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 29 genótipos. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011. Legenda dos genótipo: 1- Libra; 2- Tropic Beauty; 3- Bonão; 4- Cascata 962; 5- Conserva 1187; 6- Kampai; 7- Cascata 1063; 8- Tropic Snow; 9- Conserva 1396; 10- Cascata 1063; 11- Rubimel; 12- Conserva 985; 13- Conserva 1153; 14- Cascata 967; 15- Conserva 844; 16- Conserva 1129; 17- Cascata 1070; 18- Cascata 1055; 19- Atenas; 20- Conserva 1434; 21- Conserva 1186; 22- Cascata 587; 23- Conserva 681; 24- Conserva 871; 25- Âmbar; 26- Cascata 1065; 27- Conserva 1223; 28- Conserva 1127; 29- Conserva 1226.

4.4 CONCLUSÕES

Frutos dos genótipos 'Tropic Beauty', 'Casata 962', 'Conserva 1187', 'Kampai', 'Casata 1063', 'Tropic Snow' e 'Rubimel' foram os que apresentaram menor incidência e severidade à podridão parda nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011, indicando-as como tolerantes à doença e para uso em programas de melhoramento genético como genitores.

4.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BASSETTO, E.; AMORIM, L.; BENATO, E. A.; GONÇALVES, F. P.; LOURENÇO, S. A. Efeito da irradiação UV-C no controle da podridão parda (*Monilinia fructicola*) e da podridão mole (*Rhizopus stolonifer*) em pós-colheita de pêssegos. **Fitopatologia Brasileira**, v.32, p. 393-399. 2007.

BASSI, D.; RIZZO M.; CANTONI, L. Assaying brown rot [*Monilinia laxa* Adern. Et Ruhl. (Honey)] susceptibility in peach cultivars and progeny. *Acta Horticulturae*. v. 465, p. 715-722, 1998.

BLEICHER, J. Doenças de rosáceas de caroço (pessegueiro, ameixeira, nêspera, etc). In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: CERES, v.2, p.621-627, 1997.

BYRDE, R. J. W.; WILLETS, H. J. **The brown rot fungi of fruit**. Pergamon Press. New York, 1977. 171 p.

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

CAPDEVILLE, G; WILSON, L.; BEER, SV.; AIST, J.R. Alternative disease control agents induce resistance to blue mold in harvested 'Red Delicious' apple fruit. **Phytopathology**, St. Paul, v. 92, n. 8, p. 900-908, 2002.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; DESTRO, D.; PRETE, C.E.C.; GONZALES, M.G.N.; POPPER, I.; ZANATTA, S.; SILVA, F.A. da. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, p.1613-1619, 2000.

CORBIN, J.B. Factors determining the length of the incubation period of *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey in fruit of *Prunus* spp. **Journal Agricultural Research**, n. 14, p. 51-60, 1962.

CRUZ, C. D. Programa Genes: Biometria. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006.

CRUZ, Cosme D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. p. 223-375.

FACHINELLO, J.; TIBOLA, C. S.; VICENZI, M.; PARISOTTO, E.; PICOLOTTO, L.; MATTOS, M. L. T.. Produção integrada de pêssegos: três anos de experiência na região de Pelotas - RS. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.25, n.2, p. 256-258. 2003

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development- Theory and Technique**. vol. 1. New York, Macmillan Publishing Company, 1987. 536p.

FELICIANO, A.; FELICIANO, A.J.; OGAWA, J.M. *Monilinia fructicola* resistance in peach cultivar Bolinha. **Phytopathology**, v.77, n.06, p. 776-780, 1987.

GARRIDO, L. R; SÔNEGO, O. R. **Sistema de Produção de Pêssego de Mesa na Região da Serra Gaúcha. Bento Gonçalves**: Embrapa Uva e Vinho. 2003 Disponível em:<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/> Acesso em 10 de janeiro de 2011.

GRADZIEL, T. M.; THORPE, M. A.; BOSTOCK, R. M.; WILCOX, S.; MONETL, R. Breeding for brown rot (*Monilinia fructicola*) resistance in clingstone peach with emphasis on the role of fruit phenolics. **Acta Horticulturae**, v. 01, n. 465, p. 161-170, 1998.

LANDGRAF, F. A.; ZEHR, E. I. Inoculum sources for *Monilinia fructicola* in South Carolina peach orchards. **Phytopathology**. v. 72, p. 185-190, 1982.

MAY DE MIO, L.L.; GARRIDO, L.; UENO, B. Doenças de fruteiras de caroço. In:MONTEIRO, L.B.; MAY DE MIO, L.L.; SERRAT, B.M.; MOTTA, A.C.;CUQUEL, F.L. ed. Fruteiras de caroço: uma visão ecológica, UFPR, Curitiba: 2004. p.169-221

MAY-DE MIO, L. L.; MOREIRA, L. M.; MONTEIRO, L.; JUSTINIANO JUNIOR, P. Infecção de *Monilinia fructicola* no período de floração e incidência de podridão parda em frutos de pessegueiro em dois sistemas de produção. **Tropical Plant Pathology**, v. 33, n. 03, p. 227-234, 2008.

OGAWA, J. M.; ZEHR. E. I.; BIRD, G. W.; RITCHIE, D. F.; URIU, K; UYEMOTO, J. K. ed. **Compendium of stone fruit diseases**, St. Paul: APS Press, 1995. 98p.

SCHLAGBAUER, H. E.; HOLZ, G. Occurrence of latent *Monilinia laxa* infections on plums, peaches e apricots. **Phytophylactica**. v. 21, p. 35-38, 1989.

WAGNER JÚNIOR, A. **Avaliação de germoplasma de pessegueiro, quanto à reação à *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey**. 2003. 74 p. Dissertação (Mestrado). Pelotas: Universidade Federal de Pelotas. Pelotas, RS, 2003.

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M.C.B.; PIEROBOM, C.R.; FORTES, J.F.; SILVA, J.B. Peach flower reaction to inoculation with *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey. **Journal of the Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.141-147, 2005a.

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M.C.B.; PIEROBOM, C.R.; FORTES, J.F.; SILVA, J.B. Non-Correlation of Flower and Fruit Resistance to Brown Rot (*Monilinia fructicola* (Wint.) Honey) Among 27 Peach Cultivars and Selections. **Journal of the American Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.148-152, 2005b.

5 SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE PESSEGUEIRO QUANTO À CARACTERIZAÇÃO BIOQUÍMICA DOS FRUTOS

RESUMO

O pêssego é uma fruta muito apreciada, e sua popularidade é decorrente principalmente de seu sabor agradável. Entretanto, com o surgimento dos conceitos de alimentos funcionais (com propriedades promotoras de saúde), surgirá interesse maior em estudar e quantificar os componentes bioquímicos das frutas. Os objetivos deste trabalho foram caracterizar bioquimicamente frutos de genótipos de pessegueiro, avaliando a divergência genética e selecionando aqueles que apresentarem qualidades bioquímicas desejáveis para sua futura inserção como genitores em programas de melhoramento. O experimento foi conduzido no Laboratório de Fisiologia Vegetal e Bioquímica da UTFPR - *Campus Dois Vizinhos*, com frutos de 26 e 29 genótipos de pessegueiro (*Prunus persica*), provenientes dos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado considerando-se cada genótipo como tratamento, utilizando-se quatro repetições de quatro frutos. Foram analisados os açúcares totais e redutores, proteínas totais, aminoácidos, fenóis totais, antocianinas, flavonóides e atividade da enzima fenilalanina amônia-liase (FAL) dos frutos. Os pêssegos foram caracterizados bioquimicamente, selecionando-se como superiores, na média dos dois ciclos produtivos os genótipos 'Cascata 967', 'Conserva 985', 'Kampai', 'Tropic Snow', e 'Cascata 1055'.

Palavras chave: compostos fitoquímicos, divergência genética, *Prunus persica*.

PEACH GENOTYPES SELECTION FOR BIOCHEMICAL FRUIT QUALITY

ABSTRACT:

The peach is very appreciated by consumers and its popularity has relation mainly with organoleptic characteristics. However, with existence of functional foods concepts (promoters of health), there is high interest to study and to quantify the biochemical in components peach. The objectives of this work were to biochemically characterize peach genotypes, evaluating the genetic diversity and selecting those that had desirable biochemical qualities for use as parents, in future breeding programs. The experiment was carried out at the Laboratório de Fisiologia Vegetal e Bioquímica da UTFPR - *Campus Dois Vizinhos*, with fruits from 26 and 29 peach genotypes (*Prunus persica*), of 2009/2010 and 2010/2011 production cycle, respectively. The experimental design was entirely randomized, considering each genotype as treatment, using four replications and four fruits per plot. The total and reducing sugars, proteins totals, amino acids, total phenols, anthocyanins, flavonoids and phenylalanine ammonia-lyase enzyme activity (PAL) in the fruits, were evaluated. According to the results of two productive cycles 'Cascata 967', 'Conserva 985', 'Kampai', 'Tropic Snow' and 'Cascata 1055' were selected as the ones with higher levels of those compounds.

Key words: biochemical compounds, genetic divergence, *Prunus persica*.

5.1 INTRODUÇÃO

O pêssego é uma fruta muito apreciada, sendo sua popularidade decorrente principalmente de seu sabor agradável e sua praticidade para o consumo *in natura*, além de ser muito utilizada para elaboração de conservas, geléias e doces.

Nos últimos anos, a cultura tem apresentado crescimento em sua produção (BRACKMANN; STEFFENS; GIEHL, 2003). Segundo dados da FAO (2008) o Brasil é o 12º maior produtor de pêssegos do mundo.

A região Sul é responsável por mais de 56 % da produção do país (IBRAF 2007), apresentando ainda potencial para expansão, uma vez que existe mercado crescente para seu consumo, já que a população brasileira vem buscando alimentos, que além de nutrirem, possam oferecer compostos que proporcionem benefícios a saúde (SENTANIM; AMAYA, 2007).

Assim, surgiu nos últimos anos interesse maior em estudar e quantificar os metabólitos fenólicos de frutas e vegetais, devido às suas propriedades promotoras de saúde (GIL et al., 2002). Os efeitos benéficos observados do consumo dos compostos fitoquímicos englobam a proteção dos indivíduos contra os riscos por agressões genéticas e do meio ambiente (ANGELIS, 2001).

Os metabolitos fenólicos, no qual está o grupo dos flavonóides, formado pelas flavonas, flavanonas, flavanóis, catequinas, antocininas atuam contra radicais livres, alergias, inflamações, úlceras, virose, tumores hepatotoxinas. Além disso, também protegem contra a oxidação do LDL-colesterol (GERMAN; DILLARD, 2000).

Os compostos fenólicos funcionais presentes nas frutas conferem qualidade visual às mesmas, tornando-as mais atrativas ao consumidor, visto que, atuam como pigmentos. Outra função importante desses compostos fitoquímicos no vegetal é que, geralmente, estes são utilizados pela planta na defesa contra doenças e pragas.

Como a composição fitoquímica dos frutos varia muito entre os genótipos e são atributos de qualidade importantes, a mesma deve ser considerada nos programas de melhoramento do pessegueiro, buscando-se tanto a qualidade visual quanto a funcional para o consumidor e a maior tolerância ou resistência a doença.

Diante desse potencial produtivo crescente e da necessidade de frutos com qualidades adicionais, é necessário a identificação e seleção de genótipos com as

características bioquímicas requeridas para uso como genitores dentro dos programas de melhoramento e/ou cultivares disponíveis para os produtores.

Para isso, seriam importantes e necessários estudos de divergência genética, os quais forneceriam parâmetros necessários para a identificação dos genitores mais favoráveis a obtenção de populações segregantes, em programas de hibridação, o que possibilita a seleção de genótipos superiores e, como consequência, a obtenção de populações geneticamente melhoradas (COSTA et al., 2006).

Os objetivos deste trabalho foram; i) caracterizar bioquimicamente frutos de genótipos de pessegueiro; ii) avaliar a divergência genética dos genótipos de pessegueiro quanto aos caracteres bioquímicos dos frutos; iii) selecionar genótipos que apresentem qualidades bioquímicas desejáveis para sua futura inserção como genitores em programas de melhoramento.

5.2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Laboratório de Fisiologia Vegetal e Bioquímica da UTFPR - *Campus Dois Vizinhos*, com frutos de 26 e 29 genótipos de pessegueiro (*Prunus persica*), provenientes dos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente.

O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, considerando-se cada genótipo como tratamento, utilizando-se quatro repetições de quatro frutos.

Frutos com máximo desenvolvimento e com coloração de fundo da epiderme, passando de verde para verde-amarelada ou branco-creme (CANTILLANO; SACHS, 1984) foram coletados da coleção de pessegueiro implantada na área experimental da UTFPR, no município de Pato Branco, PR (latitude 26° 10' 39" S, longitude 56° 41' 21" W, e altitude média de 750 m). As plantas de cada genótipo foram conduzidas em sistema de vaso, com espaçamento 5 x 4 m entre plantas e linhas, respectivamente. As práticas de manejo foram realizadas conforme recomendações gerais para a cultura.

Após coletados os frutos, estes foram transportados ao laboratório, sendo separadas amostras para as análises bioquímicas (açúcares totais e redutores, proteínas totais, aminoácidos, fenóis totais, enzima fenilalanina amônia-liase (FAL), antocianinas e flavonóides). Posteriormente, as amostras foram armazenadas em freezer a -20°C até as avaliações serem realizadas. As análises bioquímicas foram realizadas com tecidos da epiderme e da polpa dos frutos.

Para a quantificação de açúcares totais, açúcares redutores e proteínas procederam-se a preparação das amostras, as quais foram constituídas de aproximadamente 1 grama de cada fruto. Estas amostras foram maceradas em almofariz, juntamente com 10 mL de tampão fosfato 0,2 M (pH 7,5), sendo então, acondicionadas em tubos tipo eppendorf e levadas para centrifugação refrigerada por 10 minutos a 12.000 rpm a 4°C, obtendo-se assim o sobrenadante do extrato.

As concentrações de açúcares totais dos tecidos dos pêssegos foram determinadas pelo método fenol-sulfúrico, descrito por Dubois et al. (1956), retirando-se alíquota de 20 µL do extrato e acondicionando-se os mesmos em tubos de ensaio previamente identificados, aos quais adicionou-se 0,5 mL de fenol a 5,0%. Os tubos foram levados a capela onde receberam 2,5 mL ácido sulfúrico

concentrado. A leitura das amostras foi realizada a 490 nm. A concentração de açúcares totais foi obtida através de curva padrão de glicose.

Para a quantificação dos açúcares redutores dos frutos utilizou-se método do dinitrosalicilato (DNS) (MILLER, 1959). Uma alíquota de 0,5 mL do extrato foi adicionada 1,0 mL reagente DNS, sendo imediatamente levadas ao banho-maria em ebulição por 5 minutos. Decorrido esse tempo, as amostras foram retiradas e resfriadas naturalmente em ambiente, elevando-se em seguida o volume do tubo de ensaio a 10 mL com água destilada e agitados em vortex. Procedeu-se a leitura das amostras a 540 nm, em espectrofotômetro, modelo UV-SP2000-Spectrum. A concentração de açúcares redutores das amostras de cada genótipo foi calculada em função de uma curva padrão de glicose.

Para dosagem de proteínas totais empregou-se o teste de Bradford (1976). Coletou-se alíquota de 40 µL do extrato de cada amostra, sendo estes acondicionados em tubos de ensaio, acrescentando-se 0,46 mL de água destilada e 1 mL do reagente Bradford. Os tubos foram levados a agitação em vortex, procedendo-se posteriormente, a leitura em espectrofotômetro, modelo UV-SP2000-Spectrum a 630 nm, com soro albumina bovina como padrão.

A determinação de aminoácidos dos genótipos de pêssegos foi obtida através da maceração das amostras, com massas entre 0,3 e 0,5 gramas, em almofariz com 5 mL de ácido sulfosalicílico. Procedeu-se a centrifugação por 15 minutos a 6000 rpm a 5°C. Coletou-se 2 mL do extrato sobrenadante, adicionando-se 2 mL de ácido acético e 2 mL de ninidrina acética, deixando-se em banho-maria por 1 hora a 100°C. Em seguida as amostras foram resfriadas em gelo. A leitura das amostras foi realizada em espectrofotômetro a 520 nm. As concentrações de aminoácidos foram estimadas através de uma curva padrão de prolina.

A quantificação dos compostos fenólicos totais dos frutos foi realizada em duas etapas, seguindo-se o método adaptado de Bieleski e Turner (1966). A primeira, compreendeu a extração dos fenóis totais da polpa e epiderme dos frutos, realizada a partir da maceração em almofariz de aproximadamente 1 grama de fruto, adicionando-se a amostra 4 mL da solução metanol, clorofórmio e água (MCA), na relação 6:2,5:1,5 (v/v), seguida pela centrifugação da mesma a 6000 rpm por 20 min, sendo coletado todo o sobrenadante. Posteriormente, realizou-se nova extração do resíduo remanescente, adicionando-se 4 mL de MCA, centrifugando-se novamente a 6000 rpm por 20 min e misturando-se o extrato sobrenadante ao primeiro, obtendo-

se assim o extrato MCA. Nesse extrato foi adicionado 1 mL de clorofórmio e 1,5 mL de água destilada, procedendo-se nova centrifugação a 6000 rpm por 15 min para separação das fases. A segunda etapa compreendeu da determinação de fenóis totais realizada pelo método adaptado de Jennings (1991). As amostras foram preparadas a partir da retirada de uma alíquota de 0,5 mL da parte superior do tubo de extração dos fenóis (extrato MCA), seguido da adição de 0,5 mL de água destilada e 0,5 mL do reagente Folin-Ciocalteu. Após 15 min foram adicionados 5 mL do reagente alcalino "A" (preparado com carbonato de sódio a 2 % em uma solução de hidróxido de sódio 0,1 N), permanecendo durante 50 minutos até a leitura da absorbância em 760 nm em espectrofotômetro, modelo UV-SP2000-Spectrum. No controle negativo foi usado água destilada, utilizando-se o mesmo volume do extrato vegetal. A quantificação de fenóis foi feita através de uma curva padrão utilizando tirosina e o resultado foi expresso em mg fenóis totais.g⁻¹ de tecido fresco.

Para quantificação da enzima fenilalanina amônia-liase (FAL) foi pesado 1,0 grama de tecidos do fruto correspondente a cada amostra de cada genótipo. Após a pesagem as amostras foram transferidas para almofariz previamente gelado, acrescentando-se 6,0 mL do tampão de extração Tris HCl (pH 8,0), a 4°C e macerando-se a mistura completamente, a qual foi centrifugada em seguida a 6000 rpm por 10 min a 4°C. Do extrato enzimático sobrenadante retirou-se 57,7 µL por amostra e acondicionou-os em tubos de ensaio previamente identificados, aos quais adicionaram-se 2,44 mL do tampão de extração e 0,5 mL de fenilalanina (49,6 mg . mL⁻¹). Em seguida os tubos foram levados a banho-maria a 40°C por uma hora.

Decorrido esse tempo, os tubos foram resfriados em banho de gelo e procedeu-se as leituras (em cubetas de quartzo) à 290 nm. A metodologia utilizada foi adaptada a partir da descrita por Rodrigues, Neto e Coelho (2006). A atividade da FAL foi avaliada com base na diferença de absorbância resultante da conversão da fenilalanina em ácido trans-cinâmico (HYODO; KURODA; YANG,1978).

Para a determinação do teor de antocianinas e flavonóides dos frutos pesou-se aproximadamente 1 grama de material vegetal e posteriormente a mesma foi macerada em almofariz, adicionando-se 15 mL de solução extratora [composta por etanol a 95% + HCl 1,5 N, na proporção 85:15 (v/v)]. O extrato foi transferido para tubos de ensaio ao abrigo da luz (enrolados com papel alumínio), previamente identificados, os quais foram mantidos sob refrigeração (aproximadamente 4° C) por

20 horas. Posteriormente, o extrato foi filtrado, lavado com 5 mL de solução extratora e novamente acondicionados sob abrigo da luz por mais 2 horas. Em seguida, procedeu-se a leitura das amostras a 374 nm para obtenção da absorvância dos flavonóides e a 535 nm para a absorvância das antocianinas, em espectrofotômetro, modelo UV-SP2000-Spectrum, calibrado com água destilada. Para determinação da quantidade de flavonóides e antocianinas do material vegetal utilizaram-se as fórmulas, flavonóides= (valor da absorvância x fator de diluição)/76,6 e antocianinas= (valor da absorvância x fator de diluição)/98,2. (LEES; FRANCIS, 1972).

Os dados bioquímicos foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Scott & Knott ($p \leq 0,05$). Foi analisada a divergência genética entre os genótipos estudados, com base na técnica dos componentes principais, descrita por Cruz; Regazzi; Carneiro (2004).

Estas populações também foram avaliadas quanto à análise de agrupamento através dos métodos de Tocher e vizinho mais próximo, utilizando-se como medida de dissimilaridade a distância de Mahalanobis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Todos os dados e análises correspondentes foram efetuados por meio do aplicativo computacional de Genética e Estatística, Genes (CRUZ, 2006).

Como critério de seleção foi adotado a escolha de 20% dos genótipos avaliados que apresentaram à maior frequência de superioridade nas características avaliadas, nos dois ciclos produtivos (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987) Para isso as médias dos genótipos foram tabeladas, sendo atribuídas notas, das quais calculou-se a média, obtendo-se os genótipos de superiores pelos que apresentaram menor média.

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.3.1 Análises Bioquímica dos Frutos

As análises dos resultados para enzima FAL no ciclo produtivo 2009/2010 não foi significativa entre os genótipos analisados (Apêndice 18). Por outro lado, todas as demais variáveis bioquímicas (açúcares totais e redutores, proteínas totais, aminoácidos, fenóis totais, antocianinas e flavonóides) analisadas nesse ciclo foram significativas, demonstrando diferenças entre os genótipos de pessegueiro (Apêndices, 13, 14,15, 16, 17, 19 e 20) (Tabela 11).

No segundo ciclo produtivo (2010/2011) todas as variáveis avaliadas apresentaram-se significativas, demonstrando também que os genótipos avaliados diferiram entre si quanto às características bioquímicas (Apêndices 21 a 28) (Tabela 12).

Os teores de flavonóides e açúcares redutores (ciclo produtivo 2009/2010) e, a atividade da enzima FAL (ciclo produtivo 2010/2011) presentes nos frutos, embora tenham apresentado teste F da anova significativo, demonstraram agrupamento dos genótipos em único grupo, pelo teste de Scott & Knott. É válido ressaltar que não foram realizados testes de comparação de média, visto que o objetivo foi agrupar os genótipos semelhantes e não realizar a comparação das médias dos mesmos.

5.3.1.1 Teor de açúcares totais e redutores nos frutos

Os teores de açúcares totais dos frutos agruparam os genótipos em dois grupos em ambos os ciclos (Tabelas 11 e 12). No ciclo 2009/2010 foram agrupados 12 genótipos com teores de açúcar total entre 332,2 e 441,67 mg.g⁻¹ de tecido, sendo estes, 'Tropic Beauty', 'Cascata 962', 'Kampai', 'Rubimel', 'Conserva 985', 'Cascata 967', 'Cascata 1055', 'Conserva 1434', 'Conserva 681', 'Conserva 871', 'Âmbar' e 'Santa Áurea'. Os demais 14 genótipos avaliados formaram o segundo grupo com teores entre 208 e 310,2 mg.g⁻¹ de tecido, pertencendo a esse grupo os genótipos 'Libra', 'Bonão', 'Conserva 1187', 'Cascata 1063', 'Tropic Snow', 'Conserva 1396', 'Cascata 1303', 'Conserva 1153', 'Conserva 844', 'Conserva 1129', 'Cascata 1070', 'Atenas', 'Conserva 1186', 'Cascata 587' (Tabela 11).

No segundo ciclo foram agrupados em um dos grupos, 13 genótipos pelo maior teor de açúcares totais (209,62 a 301,44 mg.g⁻¹), sendo formado pelos genótipos 'Cascata 962', 'Conserva 1187', 'Conserva 1396', 'Conserva 985', 'Cascata 967', 'Conserva 844', 'Conserva 1129', 'Cascata 1070', 'Atenas', 'Conserva 1434', 'Conserva 1223', 'Conserva 1216' e 'Cascata 1065'. Os outros genótipos avaliados neste ciclo formaram o segundo grupo com seus teores de açúcar total variando de 88,39 a 195,09 mg.g⁻¹, sendo eles, 'Libra', 'Tropic Beauty', 'Bonão', 'Kampai', 'Cascata 1063', 'Tropic Snow', 'Cascata 1303', 'Rubimel', 'Conserva 1153', 'Cascata 1055', 'Conserva 1186', 'Cascata 587', 'Conserva 681', 'Conserva 871', 'Âmbar', 'Conserva 1127' (Tabela 12).

Dos genótipos avaliados nos dois ciclos produtivos (Tabelas 11 e 12), apenas quatro foram agrupados como tendo os maiores teores de açúcar total em seus pêssegos, sendo estes, 'Cascata 962', 'Conserva 985', 'Cascata 967', 'Conserva 1434'.

Diferentemente, quanto aos açúcares redutores formaram três grupos no primeiro ciclo produtivo (2009/2010), sendo um destes com teores variando de 24,43 a 33,94 mg.g⁻¹, no qual agruparam oito genótipos ('Kampai', 'Tropic Snow', 'Rubimel', 'Conserva 1153', 'Cascata 967', 'Conserva 681', 'Conserva 871' e 'Âmbar'), outro agrupou aqueles entre 15,78 à 21,14 mg.g⁻¹, sendo constituídos pelos genótipos 'Tropic Beauty', 'Bonão', 'Cascata 962', 'Conserva 1187', 'Cascata 1063', 'Cascata 1303', 'Conserva 985', 'Conserva 844', 'Conserva 1129', 'Cascata 1055', 'Atenas', 'Conserva 1186', 'Cascata 587' e 'Santa Áurea'. O último grupo, com os menores teores de açúcares redutores deste ciclo (9,8 a 12,76 mg.g⁻¹), foi constituído por quatro genótipos ('Libra', 'Conserva 1396', 'Cascata 1070' e 'Conserva 1434') (Tabela 11).

No segundo ciclo (2010/2011) todos os genótipos foram agrupados em um único grupo quanto aos açúcares redutores (Tabela 12).

Ao comparar os resultados de ambos os ciclos produtivos para quantidade de açúcares totais e redutores verificou-se que houve decréscimo nas concentrações do segundo ciclo em relação ao primeiro, o que possivelmente pode estar relacionado a maior produtividade do ciclo 2010/2011, já que, aumentando-se o número de frutos, aumenta o número de drenos por fonte. Além disso, o aumento da precipitação na época da colheita do segundo ciclo produtivo em relação ao primeiro

foi visível o que também pode estar relacionado com o decréscimo nas concentrações de açúcares.

O teor de açúcar dos frutos é importante já que é indicativo de qualidade, sendo que frutos mais doces possuem maior aceitação, principalmente para o consumo *in natura*, salientando-se que os programas de melhoramento de pessegueiro vêm enfatizando a importância do sabor na seleção de novas cultivares (CRISOTO; CRISOTO, 2005).

5.3.1.2 Teor de aminoácidos e de proteínas nos frutos

Analisando-se o teor de aminoácidos dos frutos houve a formação de dois grupos em cada ciclo produtivo analisado (2009/2010 e 2010/2011) (Tabelas 11 e 12).

Os genótipos 'Libra', 'Cascata 962', 'Conserva 1187', 'Cascata 1063', 'Conserva 1396', 'Cascata 1303', 'Conserva 1129', 'Cascata 1070', 'Conserva 1434', 'Conserva 681', 'Âmbar' e 'Santa Áurea') formaram o grupo com as concentrações mais elevadas de aminoácidos (0,0294 a 0,0555 mg.g⁻¹) no primeiro ciclo (2009/2010), sendo que os demais 14 genótipos ('Tropic Beauty', 'Bonão', 'Kampai', 'Tropic Snow', 'Rubimel', 'Conserva 985', 'Conserva 1153', 'Cascata 967', 'Conserva 844', 'Cascata 1055', 'Atenas', 'Conserva 1186', 'Cascata 587' e 'Conserva 871') constituíram o segundo grupo deste ciclo com menores teores de aminoácidos nos frutos (0,0080 a 0,0270 mg.g⁻¹) (Tabela 11).

No ciclo 2010/2011, o grupo com maior teor de aminoácidos foi constituído pelas seleções 'Conserva 1129', 'Conserva 1223', 'Conserva 1127' e 'Conserva 1216', sendo que as três últimas descritas foram analisadas apenas neste ciclo. Os demais genótipos avaliados nesse ciclo ('Libra', 'Tropic Beauty', 'Bonão', 'Cascata 962', 'Conserva 1187', 'Kampai', 'Cascata 1063', 'Tropic Snow', 'Conserva 1396', 'Cascata 1303', 'Rubimel', 'Conserva 985', 'Conserva 1153', 'Cascata 967', 'Conserva 844', 'Cascata 1070', 'Cascata 1055', 'Atenas', 'Conserva 1434', 'Conserva 1186', 'Cascata 587', 'Conserva 681', 'Conserva 871', 'Âmbar', 'Cascata 1065') foram agrupados no segundo grupo, que apresentou frutos com menor teor de aminoácido (Tabela 12).

O genótipo 'Conserva 1129', em ambos os ciclos produtivos, apresentou índices elevados de aminoácidos. No entanto, a cultivar 'Libra' mesmo não se

mantendo no grupo de maior teor formado pelo teste de Scott & Knott, no ciclo 2010/2011, apresentou média muito semelhante em ambos os ciclos.

Verificou-se que os frutos do ciclo 2009/2010 apresentaram maiores concentrações de proteínas em relação ao ciclo 2010/2011. Ao analisar os genótipos de pessegueiro para o teor de proteínas observou-se a formação de dois grupos, em ambos os ciclos produtivos analisados (Tabela 11 e 12).

Os dois grupos do primeiro ciclo (2009/2010) foram formados por 17 e 9 genótipos, divididos por apresentarem maiores e menores concentrações de proteína total, respectivamente. O agrupamento com os genótipos de maior concentração de proteínas totais ('Libra', 'Cascata 962', 'Conserva 1187', 'Tropic Snow', 'Conserva 1396', 'Cascata 1303', 'Conserva 985', 'Cascata 967', 'Conserva 1129', 'Cascata 1070', 'Cascata 1055', 'Atenas', 'Conserva 1434', 'Conserva 681', 'Conserva 871', 'Âmbar' e 'Santa Áurea'), apresentou variação de 6,37 a 12,05 mg.g⁻¹, enquanto aqueles de menor concentração deste ('Tropic Beauty', 'Bonão', 'Kampai', 'Cascata 1063', 'Rubimel', 'Conserva 1153', 'Conserva 844', 'Conserva 1186', 'Cascata 587') variaram de 1,55 a 4,61 mg.g⁻¹ de tecido (Tabela 11).

Contudo, no ciclo 2010/2011 a formação dos grupos constituíram-se com seis e 23 genótipos, sendo aqueles com maiores concentrações ('Conserva 985', 'Cascata 587', 'Conserva 681', 'Conserva 871', 'Âmbar' e 'Cascata 1065') o de menor número de genótipos, com teores de proteínas variando entre 2,999 à 4,436 mg.g⁻¹. Os demais genótipos avaliados ('Libra', 'Tropic Beauty', 'Bonão', 'Cascata 962', 'Conserva 1187', 'Kampai', 'Cascata 1063', 'Tropic Snow', 'Conserva 1396', 'Cascata 1303', 'Rubimel', 'Conserva 1153', 'Cascata 967', 'Conserva 844', 'Conserva 1129', 'Cascata 1070', 'Cascata 1055', 'Atenas', 'Conserva 1434', 'Conserva 1186', 'Conserva 1223', 'Conserva 1127', 'Conserva 1216') foram agrupados no grupo cujas concentrações de proteínas totais dos frutos variaram entre 0,36 e 2,00 mg.g⁻¹ (Tabela 12).

Com isso, percebeu-se que os genótipos 'Conserva 985', 'Conserva 681', 'Conserva 871' e 'Âmbar' mantiveram-se nos dois ciclos agrupados entre os genótipos de maiores teores de proteína, demonstrando regularidade na produção deste componente nos frutos, durante os dois ciclos, conferindo maior confiabilidade para seleção dos mesmos para essa variável.

5.3.1.3 Atividade da enzima FAL

No ciclo produtivo de 2009/2010, a atividade da FAL não apresentou diferenças significativas entre os genótipos (Apêndice 18). Supõe-se que isso pode ter ocorrido devido ao maior teor de proteína encontrado nesse ciclo quando comparado com o seguinte, uma vez que para determinação da atividade dessa enzima, o teor de proteína é utilizado.

Todavia, no segundo ciclo produtivo analisado o teste F detectou diferenças significativas entre os genótipos, mas o teste de Scott & Knott agrupou os mesmos em um grupo único, conforme já ressaltado anteriormente.

As plantas possuem aparato estrutural e bioquímico que compõem seu mecanismo de defesa contra a ação de agentes bióticos, abióticos e físicos (AGRIOS, 1998). Uma das enzimas chaves na defesa das plantas é a FAL, sendo que quando as mesmas estão sendo atacada por algum agressor (pragas ou doenças) que desencadeie o processo de defesa, essa enzima pode ser quantificada em maior atividade.

A enzima FAL atua na retirada do grupamento amônia do aminoácido aromático fenilalanina, transformando este em ácido *trans*-cinâmico, o qual é precursor dos compostos fenólicos. Assim é importante a estimativa da atividade dessa enzima para a seleção de genótipos a serem utilizados nos programas de melhoramento, já que a mesma quando em maior atividade produzirá frutos com maior possibilidade de defesas contra patógenos, sendo determinantes na resistência das plantas a doenças.

5.3.1.4 Fenóis totais dos frutos

A seleção de genótipos com teores de compostos fenólicos mais elevados possui importância devido a esses compostos apresentarem características funcionais (ANJO, 2004), e assim atenderem a emergente tendência do mercado, que busca alimentos que além de nutrirem possam atuar na prevenção e cura de doenças (SENTANIM; AMAYA, 2007). Há ainda, a possibilidade do mesmo atuar aumentando os níveis de resistência nos frutos quanto à podridão parda, já que estes parecem estar ligados aos maiores acúmulos de compostos fenólicos na polpa e epiderme (BYRDE; WILLETS, 1977; GRADZIEL et al., 1998).

Para a concentração de fenóis totais, os genótipos foram, em ambos os ciclos (2009/2010 e 2010/2011), agrupados em três grupos distintos (Tabelas 11 e 12).

No primeiro ciclo, cinco genótipos ('Cascata 962', 'Cascata 1070', 'Conserva 681', 'Conserva 871' e 'Âmbar') foram agrupados como aqueles com maiores teores de fenóis totais, apresentando teores de 0,66 à 0,86 mg.g⁻¹. O segundo grupo foi formado por genótipos ('Conserva 1187', 'Kampai', 'Cascata 1055', 'Atenas' e 'Santa Áurea'), que apresentaram teores intermediários, apresentando valores entre 0,47 e 0,60 mg.g⁻¹. Os demais genótipos avaliados neste ciclo ('Libra', 'Tropic Beauty', 'Bonão', 'Cascata 1063', 'Tropic Snow', 'Conserva 1396', 'Cascata 1303', 'Rubimel', 'Conserva 985', 'Conserva 1153', 'Cascata 967', 'Conserva 844', 'Conserva 1129', 'Conserva 1434', 'Conserva 1186', 'Cascata 587') tiveram as menores concentrações fenóis totais (0,11 à 0,42 mg.g⁻¹) (Tabela 11).

O segundo ciclo (2010/2011) também apresentou cinco genótipos individualizados devido ao maior teor de fenóis totais, porém somente os genótipos 'Cascata 1070' e 'Conserva 681' se repetiram, os outros três genótipos agrupados pelo maior teor de fenóis totais nesse ciclo foram 'Conserva 985', 'Cascata 587' e 'Conserva 1223', sendo este último avaliado apenas nesse segundo ciclo. Esse grupo apresentou teores de fenóis totais variando de 0,57 à 0,88 mg.g⁻¹.

O segundo grupo formado no ciclo 2010/2011 incluiu 14 genótipos ('Bonão', 'Cascata 962', 'Conserva 1187', 'Kampai', 'Conserva 1396', 'Conserva 844', 'Cascata 1055', 'Atenas', 'Conserva 1434', 'Conserva 871', 'Âmbar', 'Conserva 1127', 'Conserva 1216', 'Cascata 1065') com teores de fenóis totais entre 0,29 e 0,42 mg.g⁻¹. O último grupo apresenta teores variando entre 0,05 e 0,24 mg.g⁻¹ e é formado pelos genótipos 'Libra', 'Tropic Beauty', 'Cascata 1063', 'Tropic Snow', 'Cascata 1303', 'Rubimel', 'Conserva 1153', 'Cascata 967', 'Conserva 1129' e 'Conserva 1186'.

5.3.1.5 Antocianinas e flavonóides dos frutos

Os polifenóis presentes nas frutas incluem grande variedade de compostos com redundante atividade antioxidante (GIL et al., 2002). Assim, o conhecimento dos teores de flavonóides nos genótipos, e logo, dos mais produtores dessa classe de compostos fenólicos é importante principalmente pelo apelo da sociedade moderna por alimentos funcionais, conforme já ressaltado anteriormente. Os flavonóides

apresentam dentro da sua classe de compostos moléculas com importância na prevenção de doenças.

As cascas dos frutos de pêssegos e nectarinas contêm maiores quantidades de compostos fenólicos, antocianinas e flavonóides do que os tecidos da polpa, todavia não foram encontradas diferenças significativas entre os genótipos de polpa branca e amarela (GIL et al., 2002), o que permite um único critério de seleção para ambos.

Quanto ao teor de flavonóides presentes nos frutos dos genótipos analisados no ciclo produtivo 2009/2010 não houve a separação dos mesmos em grupos distintos (Tabela 11). No entanto, no ciclo produtivo 2010/2011 ocorreu a formação de dois grupos, sendo um constituído pelos genótipos 'Libra', 'Bonão', 'Conserva 1187', 'Rubimel', 'Conserva 985', 'Cascata 967', 'Atenas', 'Cascata 587', 'Conserva 681', 'Conserva 1123', 'Conserva 1127', 'Conserva 1216' e 'Cascata 1065', os quais apresentaram teores médios de 2,45 a 3,68 mg.g⁻¹ e outro por 'Tropic Beauty', 'Cascata 962', 'Kampai', 'Cascata 1063', 'Tropic Snow', 'Conserva 1396', 'Cascata 1303', 'Conserva 1153', 'Conserva 844', 'Conserva 1129', 'Cascata 1070', 'Cascata 1055', 'Conserva 1434', 'Conserva 1186', 'Conserva 871' e 'Âmbar', com teores de flavonóides nos frutos entre 1,34 e 2,32 mg.g⁻¹ (Tabela 12).

As antocianinas são um grupo de compostos fenólicos pertencentes à classe dos flavonóides. Esse pigmento, que reflete a luz vermelha, além de conferir qualidades funcionais aos frutos, devido ao seu potencial antioxidante, agrega características desejáveis, haja vista que, frutos com altos teores de antocianinas apresentam aspecto visual muito atraente.

Quanto ao teor de antocianinas os genótipos foram agrupados em ambos os ciclos de avaliação em dois grupos (Tabelas 11 e 12).

No ciclo produtivo 2009/2010, seis genótipos foram agrupados pelo maior teor de antocianinas nos frutos, com teores variando de 1,35 a 1,81 mg.g⁻¹, sendo estes 'Cascata 962', 'Tropic Snow', 'Cascata 1303', 'Cascata 1070', 'Cascata 1055' e 'Cascata 587'. Na formação do segundo grupo as concentrações de antocianinas nos frutos variaram entre 0,11 e 0,78, mg.g⁻¹, o qual agrupou os demais genótipos avaliados neste ciclo ('Libra', 'Tropic Beauty', 'Bonão', 'Conserva 1187', 'Kampai', 'Cascata 1063', 'Conserva 1396', 'Rubimel', 'Conserva 985', 'Conserva 1153', 'Cascata 967', 'Conserva 844', 'Conserva 1129', 'Atenas', 'Conserva 1434',

'Conserva 1186', 'Conserva 681', 'Conserva 871', 'Âmbar' e 'Santa Áurea') (Tabela 11).

Já no ciclo produtivo 2010/2011, apenas dois genótipos ('Cascata 967' e 'Cascata 1065') foram agrupados pela maior concentração de antocianinas, apresentando 2,66 e 2,04 mg.g⁻¹, respectivamente. Os demais genótipos avaliados nesse ciclo ('Libra', 'Tropic Beauty', 'Bonão', 'Cascata 962', 'Conserva 1187', 'Kampai', 'Cascata 1063', 'Tropic Snow', 'Conserva 1396', 'Cascata 1303', 'Rubimel', 'Conserva 985', 'Conserva 1153', 'Conserva 844', 'Conserva 1129', 'Cascata 1070', 'Cascata 1055', 'Atenas', 'Conserva 1434', 'Conserva 1186', 'Cascata 587', 'Conserva 681', 'Conserva 871', 'Âmbar', 'Conserva 1223', 'Conserva 1127' e 'Conserva 1216') foram agrupados no outro grupo, com teores de antocianinas variando entre 0,13 e 0,93 mg.g⁻¹ (Tabela 12).

Considerando-se que todo o processo de seleção de genótipos no programa de melhoramento leva em consideração as preferências do mercado consumidor, a característica da coloração dos frutos passa a ser de suma importância.

Tabela 11 – Teores de açúcares total e redutor, aminoácidos, proteínas, FAL, fenóis, antocianinas e flavonóides de pêssegos de 26 genótipos no ciclo 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Genótipos	Análises Bioquímicas 2009/2010							
	Açúcar Total mg . g ⁻¹	Açúcar redutor mg . g ⁻¹	Aminoácidos mg . g ⁻¹	Proteína mg . g ⁻¹	FAL UAbs/min/ mg ptna.	Fenóis mg . g ⁻¹	Antocianinas mg . 100g ⁻¹	Flavonóides mg . 100g ⁻¹
Libra	285,97 b	12,76 c	0,0299 a	10,96 a	0,0005 a	0,228 c	0,268 b	10,14 a
Tropic Beauty	341,11 a	18,00 b	0,0224 b	3,23 b	0,0028 a	0,135 c	0,169 b	3,07 a
Bonão	232,23 b	19,53 b	0,0265 b	3,49 b	0,0067 a	0,337 c	0,106 b	20,64 a
Cascata 962	367,27 a	16,01 b	0,0427 a	6,41 a	0,0043 a	0,858 a	1,448 a	11,24 a
Conserva 1187	261,72 b	15,78 b	0,0390 a	10,02 a	0,0013 a	0,503 b	0,323 b	10,22 a
Kampai	361,84 a	33,94 a	0,0127 b	4,39 b	0,0067 a	0,557 b	0,504 b	14,35 a
Cascata 1063	270,69 b	20,84 b	0,0312 a	3,46 b	0,0094 a	0,135 c	0,230 b	6,16 a
Tropic Snow	310,75 b	29,72 a	0,0251 a	9,51 a	0,0007 a	0,231 c	1,487 a	10,18 a
Conserva 1396	307,55 b	11,32 c	0,0294 a	7,78 a	0,0006 a	0,415 c	0,152 b	8,25 a
Cascata 1303	308,73 b	17,79 b	0,0555 a	6,37 a	0,0011 a	0,279 c	1,573 a	12,19 a
Rubimel	337,34 a	27,18 a	0,0080 b	3,07 b	0,0191 a	0,287 c	0,782 b	9,57 a
Conserva 985	332,20 a	16,83 b	0,0130 b	7,05 a	0,0242 a	0,288 c	0,487 b	6,92 a
Conserva 1153	208,35 b	24,43 a	0,0188 b	1,55 b	0,0080 a	0,105 c	0,201 b	4,11 a
Cascata 967	357,98 a	27,60 a	0,0102 b	7,77 a	0,0016 a	0,157 c	0,420 b	8,56 a
Conserva 844	252,56 b	18,65 b	0,0219 b	3,22 b	0,0034 a	0,400 c	0,175 b	6,43 a
Conserva 1129	261,61 b	17,63 b	0,0462 a	9,68 a	0,0005 a	0,321 c	0,195 b	11,08 a
Cascata 1070	237,94 b	10,49 c	0,0408 a	7,11 a	0,0027 a	0,663 a	1,723 a	11,30 a
Cascata 1055	370,36 a	21,14 b	0,0270 b	10,87 a	0,0019 a	0,468 b	1,807 a	12,47 a
Atenas	287,81 b	18,90 b	0,0266 b	9,02 a	0,0008 a	0,498 b	0,295 b	12,47 a
Conserva 1434	339,48 a	9,80 c	0,0350 a	6,62 a	0,0040 a	0,284 c	0,216 b	7,53 a
Conserva 1186	289,28 b	18,76 b	0,0122 b	1,81 b	0,0073 a	0,181 c	0,276 b	7,37 a
Cascata 587	285,49 b	19,00 b	0,0171 b	4,61 b	0,0026 a	0,366 c	1,349 a	11,79 a
Conserva 681	372,71 a	27,25 a	0,0380 a	10,83 a	0,0008 a	0,699 a	0,197 b	8,56 a
Conserva 871	366,98 a	28,15 a	0,0195 b	12,05 a	0,0008 a	0,769 a	0,176 b	7,62 a
Âmbar	441,66 a	25,37 a	0,0391 a	8,92 a	0,0009 a	0,698 a	0,276 b	11,13 a
Santa Áurea	336,99 a	19,90 b	0,0296 a	8,64 a	0,0010 a	0,598 b	0,265 b	7,62 a
CV (%)**	22,61	23,75	58,07	45,83	241,82	42,38	105,89	51,14

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si, pelo teste Scott e Knott ($p \leq 0.05$). **CV (Coeficiente de variação)

Tabela 12 – Teores de açúcares total e redutor, aminoácidos, proteínas, FAL, fenóis, antocianinas e flavonóides de pêssegos de 29 genótipos no ciclo 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Genótipos	Análises Bioquímicas 2010/2011							
	Açúcar Total mg . g ⁻¹	Açúcar redutor mg . g ⁻¹	Aminoácidos mg . g ⁻¹	Proteína mg . g ⁻¹	FAL UAbs/min/mg ptna.	Fenóis mg . g ⁻¹	Antocianinas mg . 100g ⁻¹	Flavonóides mg . 100g ⁻¹
Libra	170,77 b	6,74 a	0,0296 b	0,706 b	0,0163 a	0,158 c	0,272 b	2,46 a
Tropic Beauty	150,55 b	7,70 a	0,0156 b	1,307 b	0,0066 a	0,107 c	0,276 b	1,59 b
Bonão	143,36 b	10,51 a	0,0299 b	1,005 b	0,0076 a	0,424 b	0,145 b	2,68 a
Cascata 962	222,92 a	8,31 a	0,0101 b	1,064 b	0,0068 a	0,344 b	0,131 b	2,25 b
Conserva 1187	241,40 a	6,51 a	0,0148 b	0,364 b	0,0177 a	0,323 b	0,162 b	2,45 a
Kampai	118,55 b	9,83 a	0,0117 b	0,432 b	0,0180 a	0,350 b	0,356 b	1,92 b
Cascata 1063	163,45 b	7,45 a	0,0116 b	0,687 b	0,0086 a	0,050 c	0,190 b	1,34 b
Tropic Snow	169,59 b	13,49 a	0,0120 b	0,937 b	0,0120 a	0,223 c	0,367 b	2,21 b
Conserva 1396	264,94 a	5,36 a	0,0138 b	0,655 b	0,0118 a	0,354 b	0,791 b	1,94 b
Cascata 1303	172,31 b	5,90 a	0,0132 b	0,703 b	0,0167 a	0,130 c	0,235 b	2,32 b
Rubimel	162,02 b	9,41 a	0,0162 b	0,507 b	0,0396 a	0,156 c	0,259 b	2,45 a
Conserva 985	293,73 a	19,18 a	0,0241 b	4,051 a	0,0025 a	0,878 a	0,339 b	3,08 a
Conserva 1153	184,13 b	28,50 a	0,0155 b	0,689 b	0,0147 a	0,242 c	0,424 b	2,12 b
Cascata 967	301,44 a	15,35 a	0,0143 b	1,882 b	0,0024 a	0,163 c	2,660 a	2,71 a
Conserva 844	211,37 a	12,21 a	0,0208 b	1,436 b	0,0211 a	0,402 b	0,379 b	1,56 b
Conserva 1129	217,61 a	9,16 a	0,0441 a	1,999 b	0,0011 a	0,123 c	0,296 b	1,41 b
Cascata 1070	210,56 a	13,37 a	0,0204 b	0,635 b	0,0087 a	0,643 a	0,648 b	2,03 b
Cascata 1055	180,09 b	7,31 a	0,0160 b	1,450 b	0,0008 a	0,290 b	0,337 b	2,30 b
Atenas	260,06 a	14,77 a	0,0174 b	0,471 b	0,0108 a	0,359 b	0,244 b	2,45 a
Conserva 1434	241,61 a	8,74 a	0,0278 b	0,383 b	0,0125 a	0,326 b	0,349 b	1,83 b
Conserva 1186	195,09 b	12,35 a	0,0149 b	0,727 b	0,0025 a	0,174 c	0,408 b	2,09 b
Cascata 587	141,87 b	4,76 a	0,0204 b	3,129 a	0,0027 a	0,571 a	0,931 b	2,73 a
Conserva 681	141,24 b	9,66 a	0,0211 b	3,871 a	0,0019 a	0,739 a	0,297 b	2,82 a
Conserva 871	141,71 b	12,88 a	0,0250 b	3,662 a	0,0021 a	0,355 b	0,290 b	2,31 b
Âmbar	88,39 b	7,53 a	0,0130 b	2,999 a	0,0013 a	0,394 b	0,240 b	1,88 b
Conserva 1223	251,95 a	15,25 a	0,0555 a	0,887 b	0,0031 a	0,780 a	0,351 b	2,94 a
Conserva 1127	151,61 b	6,79 a	0,0559 a	0,797 b	0,0019 a	0,296 b	0,406 b	2,63 a
Conserva 1216	281,79 a	22,08 a	0,0400 a	0,593 b	0,0061 a	0,420 b	0,667 b	3,68 a
Cascata 1065	209,62 a	11,80 a	0,0148 b	4,436 a	0,0016 a	0,335 b	2,039 a	2,98 a
CV (%)**	32,47	74,44	89,98	53,32	142,72	49,50	133,76	30,00

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si, pelo teste Scott e Knott ($p \leq 0.05$). **CV (Coeficiente de variação)

5.3.2. Estudo da Divergência Genética

A avaliação da divergência pelo método dos componentes principais demonstrou que são necessárias as quatro primeiras variáveis (açúcar total e redutor, aminoácido e proteína) para explicar mais de 75% da variação obtida nos 26 e 29 genótipos estudados nos ciclos produtivos de 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente.

A importância de uma variável se avalia por meio da porcentagem de variância total que ela explica. De acordo com as Tabelas 13 e 14, a variável teor de açúcar total explica 32,15 % (no primeiro ciclo) e 31,32 % (no segundo ciclo) da variação total, sendo assim o componente de maior importância.

Tabela 13 - Estimativa de autovalores e da proporção da variância explicada pelos componentes principais obtidos pela análise de caracteres avaliados em 26 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR, ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Componentes	Autovalores	% Variância	% Acumulada
Açúcar Total	2.5721091	32.1513637	32.1513637
Açúcar Redutor	1.675727	20.9465871	53.0979508
Aminoácido	1.1915465	14.894331	67.9922817
Proteína	0.7952175	9.9402191	77.9325008
Fenóis	0.6519004	8.1487553	86.0812560
FAL	0.4475269	5.5940858	91.6753419
Antocianinas	0.3638968	4.5487099	96.2240518
Flavonóides	0.3020759	3.7759482	100.0

Tabela 14 -. Estimativa de autovalores e da proporção da variância explicada pelos componentes principais obtidos pela análise de caracteres avaliados em 29 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR, no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Componentes	Autovalores	% Variância	% Acumulada
Açúcar Total	2.5057611	31.322014	31.322014
Açúcar Redutor	1.5270528	19.0881594	50.4101734
Aminoácido	1.1033319	13.7916482	64.2018216
Proteína	1.0838701	13.5483764	77.7501979
Fenóis	0.6510072	8.1375902	85.8877882
FAL	0.5995376	7.4942206	93.3820087
Antocianinas	0.3150957	3.9386961	97.3207049
Flavonóides	0.2143436	2.6792951	100.0

As variáveis que contribuíram pouco para o estudo da divergência genética entre os genótipos foram FAL, antocianinas e flavonóides.

A dispersão gráfica dos escores, nesse estudo, utilizou-se dos quatro primeiros componentes principais, sendo estes, o teor de açúcar total (CP1) e redutor (CP2), aminoácido (CP3) e proteínas (CP4) [Figuras 7, 8, 9 (ciclo 2009/2010) e 10, 11, 12 (ciclo 2010/2011)]. Nos resultados do estudo da divergência genética os genótipos foram representados pelos mesmos números de identificação descritos na Tabela 15 (ciclo 2009/2010) e 16 (ciclo 2010/2011).

Quando o objetivo é explorar o máximo efeito heterótico em cruzamentos controlados entre os mais divergentes, pode-se observar nas Figuras 7, 8, 9 a formação de 8, 7 e 7 grupos distintos, respectivamente, com dados avaliados no ciclo 2009/2010. Porém, no ciclo 2010/2011 formaram-se 7, 5 e 4 grupos, analisando-se os mesmos componentes com uso de maior número de genótipos (Figuras 10, 11 e 12, respectivamente).

Na Figura 7, formaram-se grupos envolvendo no máximo cinco genótipos, sendo um grupo com os genótipos 11 (Rubimel) e 12 (Conserva 985), um segundo com o genótipo 13 (Conserva 1153), outro com os genótipos 21 (Conserva 1186), 2 (Tropic Beauty), 7 (Cascata 1063) e 15 (Conserva 844), outro com o 6 (Kampai) e 14 (Cascata 967), outro com o 8 (Tropic Snow), 26 (Santa Áurea) e 19 (Atenas), outro com o 22 (Cascata 587), 3 (Bonão), 20 (Conserva 1434), 9 (Conserva 1396) e 1 (Libra), outro com os genótipos 5 (Conserva 1187), 16 (Conserva 1129), 10 (Cascata 1303) e 17 (Cascata 1070) e, o último com o 24 (Conserva 871), 25 (Conserva 803), 23 (Conserva 681), 18 (Cascata 1055) e 14 (Cascata 967).

Na Figura 8, foi formado um grupo com 10 dos 26 genótipos analisados, sendo este constituído pelos genótipos 19 (Atenas), 20 (Conserva 1434), 9 (Conserva 1396), 1 (Libra), 26 (Santa Áurea), 24 (Conserva 871), 23 (Conserva 681), 25 (Âmbar), 5 (Conserva 1187) e 16 (Conserva 1129), Além desse, foi formado um grupo envolvendo os genótipos 17 (Cascata 1070), 10 (Cascata 1303), 18 (Cascata 1055) e 4 (Cascata 962); um terceiro por 3 (Bonão), 22 (Cascata 587), 6 (Kampai) e 8 (Tropic Snow); um quarto por 12 (Conserva 985), 21 (Conserva 1186), 7 (Cascata 1063), 15 (Conserva 844) e 14 (Cascata 967); um quinto pelo genótipo 11 (Rubimel); outro pelo genótipo 13 (Conserva 1153) e outro pelo genótipo 2 (Tropic Beauty).

Na Figura 9 formaram-se dois grupos individuais, sendo um constituído pelo genótipo 3 (Bonão) e outro pelo 12 (Conserva 985). Foram também constituídos outros 5 grupos, sendo um formado pelos genótipos 13 (Conserva 1153), 21 (Conserva 1186), 7 (Cascata 1063), 2 (Tropic Beauty), e 11(Rubimel), um segundo pelo 15 (Conserva 844), 14 (Conserva 967), e 6 (Kampai), um terceiro pelo 20 (Conserva 1434), 22 (Cascata 587), 9 (Conserva 1396), 8 (Tropic Snow), 1 (Libra) e 26 (Santa Áurea), outro pelo 19 (Atenas), 16 (Conserva 1129), 5 (Conserva 1887), 24 (Conserva 871), 23 (Conserva 681) e 25 (Âmbar).

Analisando-se os grupos formados nas Figuras 7, 8 e 9, observou-se semelhança na formação dos grupos quanto à constituição dos genótipos, verificando-se que o genótipo 13 (Conserva 1153), aparece de forma isolada em duas destas. Além disso, houve semelhança no agrupamento dos genótipos 21 (Conserva 1186), 7 (Cascata 1063) e 15 (conserva 844) (Figuras 7 e 8) e, 7 com 21 (Figuras 8 e 9), do 6 (Kampai) e 14 (Cascata 967) e, do 19 (Atenas) e 26 (Santa Áurea) (Figuras 7 e 8), do 8 (Tropic Snow) e 26 (Santa Áurea) (Figuras 7 e 9), do 22 (Cascata 587) com 3 (Bonão) e, do 9 (Conserva 1396), 1 (Libra) e 20 (Conserva 1434) (Figuras 7 e 8) e, do 9 (Conserva 1396), 1 (Libra), 20 (Conserva 1434) e 22 (Cascata 587) (Figuras 7 e 9), como também do 5 (Conserva 1187) com o 1 (Libra) (Figuras 7 e 8), do 10 (Cascata 1303) com o 17 (Cascata 1070) (Figuras 7, 8 e 9) e do 23 (Conserva 681), 24 (Conserva 871) e 25 (Âmbar) (Figuras 7, 8 e 9).

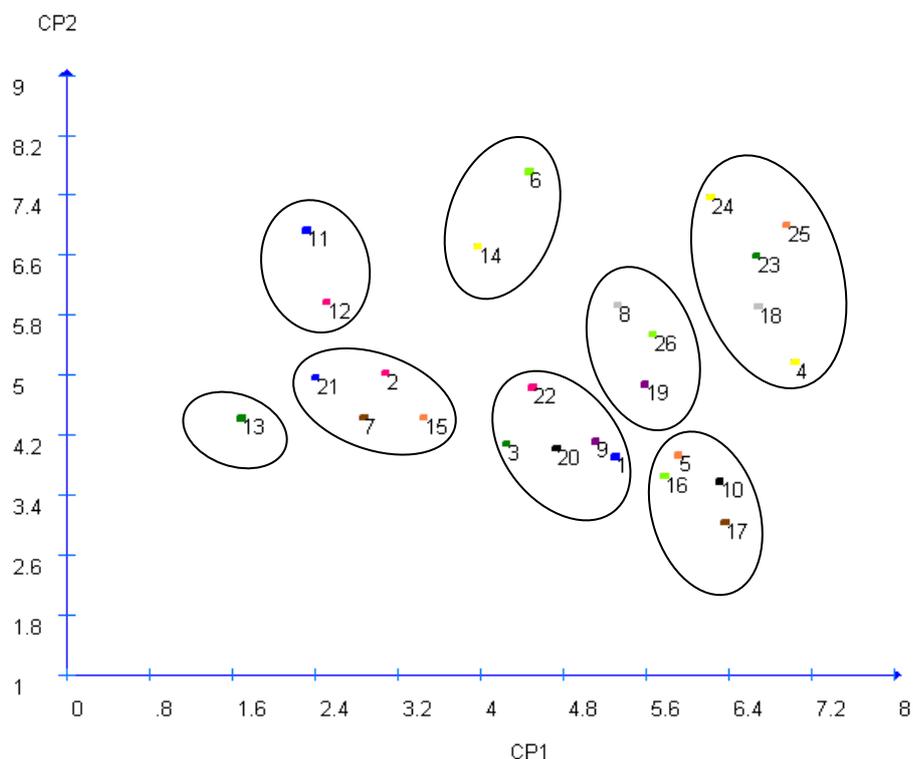


Figura 7 - Distribuição dos 26 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e açúcar redutor (CP2) no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

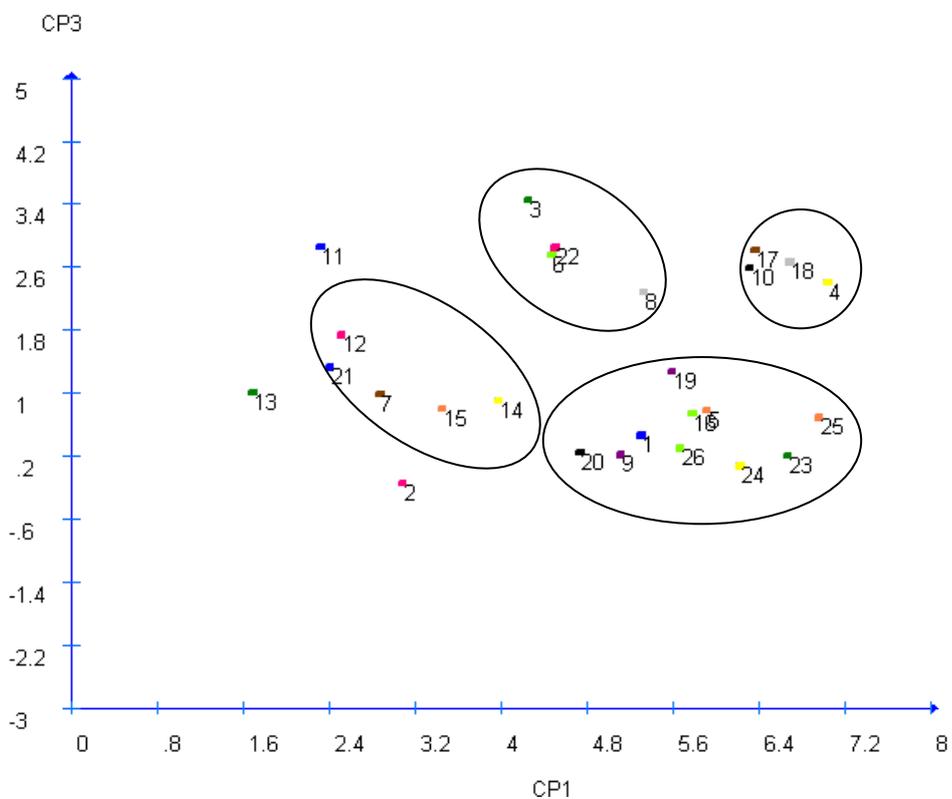


Figura 8 - Distribuição dos 26 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e aminoácido (CP3) no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

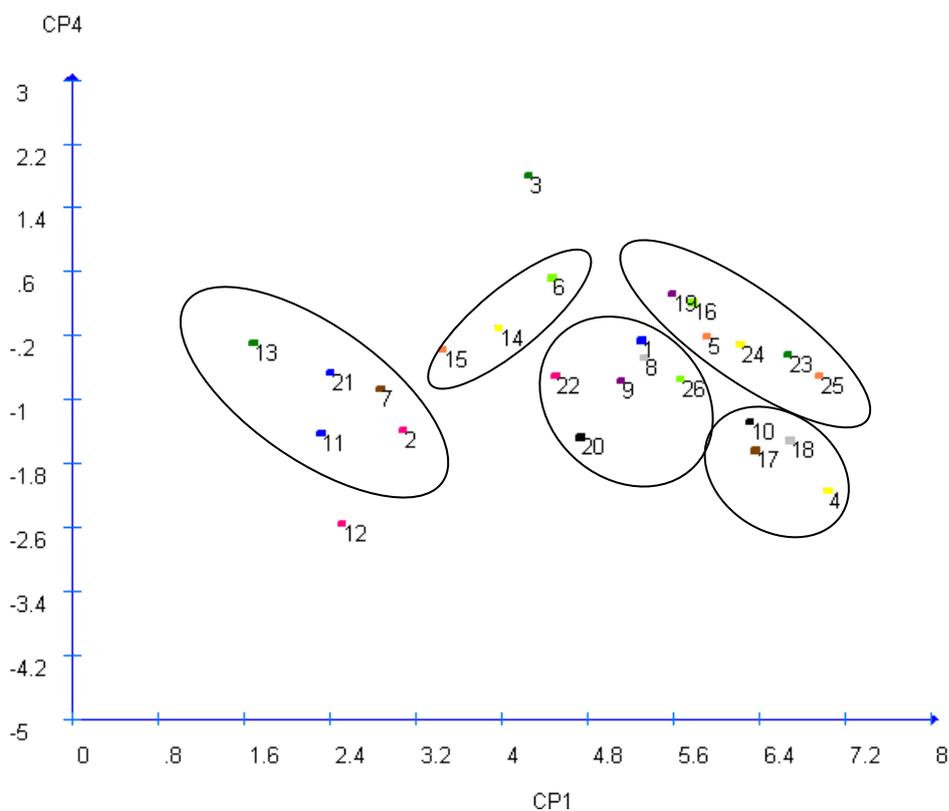


Figura 9 - Distribuição dos 26 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e proteína (CP4) no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Para o ciclo produtivo de 2010/2011, observou-se na Figura 10 que a formação do maior grupo foi constituída por 15 [20 (Conserva 1434), 7 (Cascata 2063), 2 (Tropic Beauty), 6 (Kampai), 10 (Cascata 1303), 1 (Libra), 16 (Conserva 1129), 18 (Cascata 1055), 3 (Bonão), 4 (Cascata 962), 21 (Conserva 1186), 8 (Tropic Snow), 9 (Conserva 1396), 5 (Conserva 1187) e 15 (Conserva 844)], dos 29 genótipos analisados. Os demais seis grupos foram formados por no máximo 3 genótipos, sendo um destes pelo genótipo 11 (Rubimel), outro por 13 (Conserva 1153), 19 (Atenas) e 17 (Cascata 1070), outro pelo 27 (Conserva 1223) e 25 (Âmbar), outro pelo 24 (Conserva 871), 22 (Cascata 587) e 23 (Conserva 681), outro pelo 28 (Conserva 1127), 14 (Cascata 967) e 26 (Cascata 1065) e, outro pelo 12 (Conserva 985) e 29 (Conserva 1216).

Na Figura 11, houve a formação de maior número de genótipos por grupo, com 22 [25 (Âmbar), 24 (Conserva 871), 22 (Cascata 587), 21 (Conserva 1186), 20 (Conserva 1434), 19 (Atenas), 18 (Cascata 1055), 17 (Cascata 1070), 16 (Conserva 1129), 15 (Conserva 844), 1 (Libra), 2 (Tropic Beauty), 3 (Bonão), 4 (Cascata 962), 5 (Conserva 1187), 6 (Kampai), 7 (Cascata 1063), 8 (Tropic Snow), 9 (Conserva

1386), 10 (Cascata 1303), 11 (Rubimel) e 13 (Conserva 1153)] dos 29 analisados. Os demais formaram três grupos individualizados, constituídos pelos genótipos 27 (Conserva 1223), 14 (Cascata 967) e 12 (Conserva 985), além de um quinto grupo constituído pelos genótipos 29 (Conserva 1216), 28 (Conserva 1127), 26 (Cascata 1065) e 23 (Conserva 681).

Quanto a Figura 12, percebeu-se formação semelhante ao da Figura 11, com a constituição dos mesmos genótipos no maior grupo (22 indivíduos). Porém, ressalta-se que os demais grupos, houve pequena alteração, com a formação do genótipo 14 (Cascata 967) e 29 (Conserva 1216) e, do 23 (Conserva 681), 28 (Conserva 1127), 26 (Cascata 1065) e 12 (Conserva 985). Os demais genótipos (12 e 27) mantiveram-se de forma individualizada, conforme comparado a Figura 11.

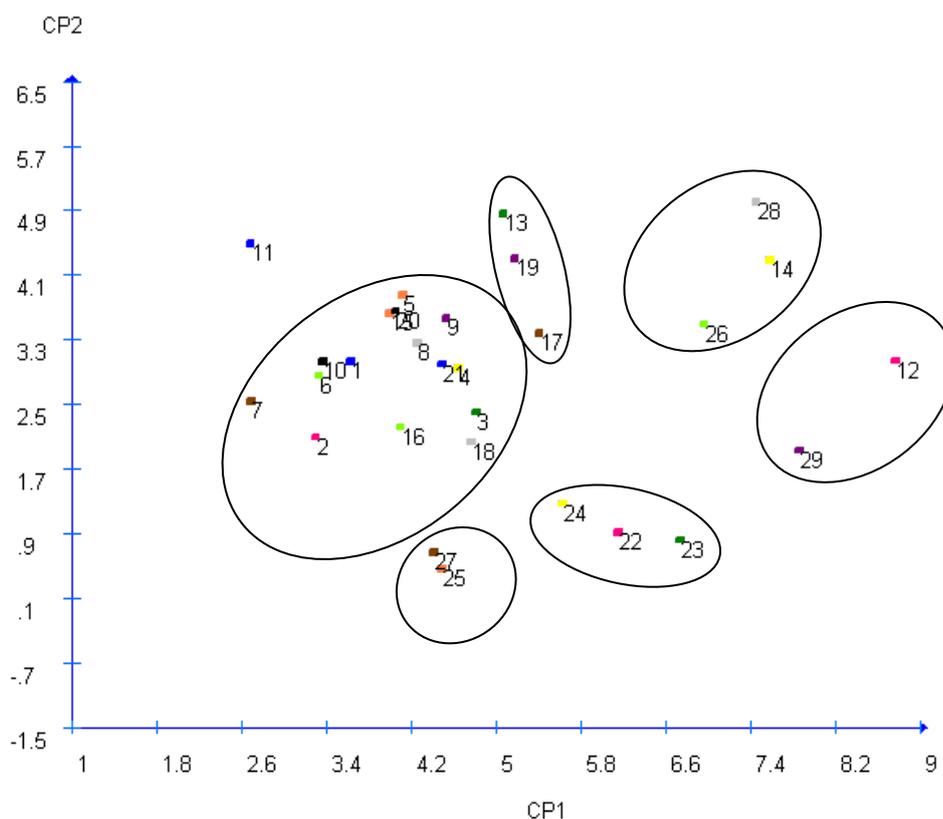


Figura 10 - Distribuição dos 29 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e açúcar redutor (CP2) no produtivo ciclo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011

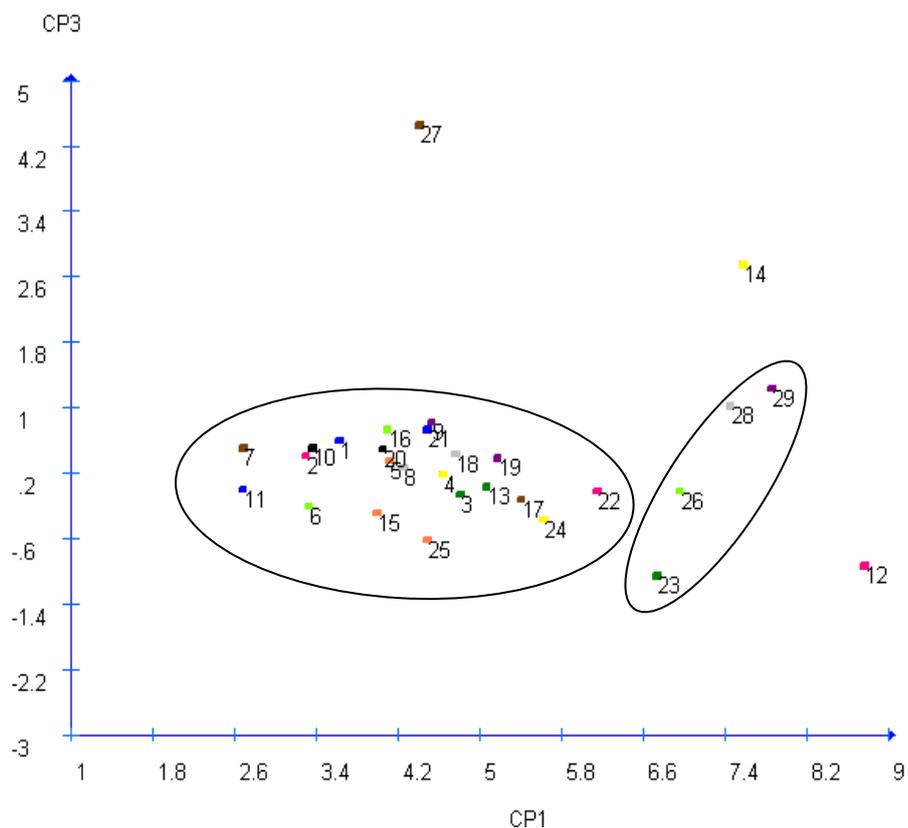


Figura 11- Distribuição dos 29 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e aminoácido (CP3) no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

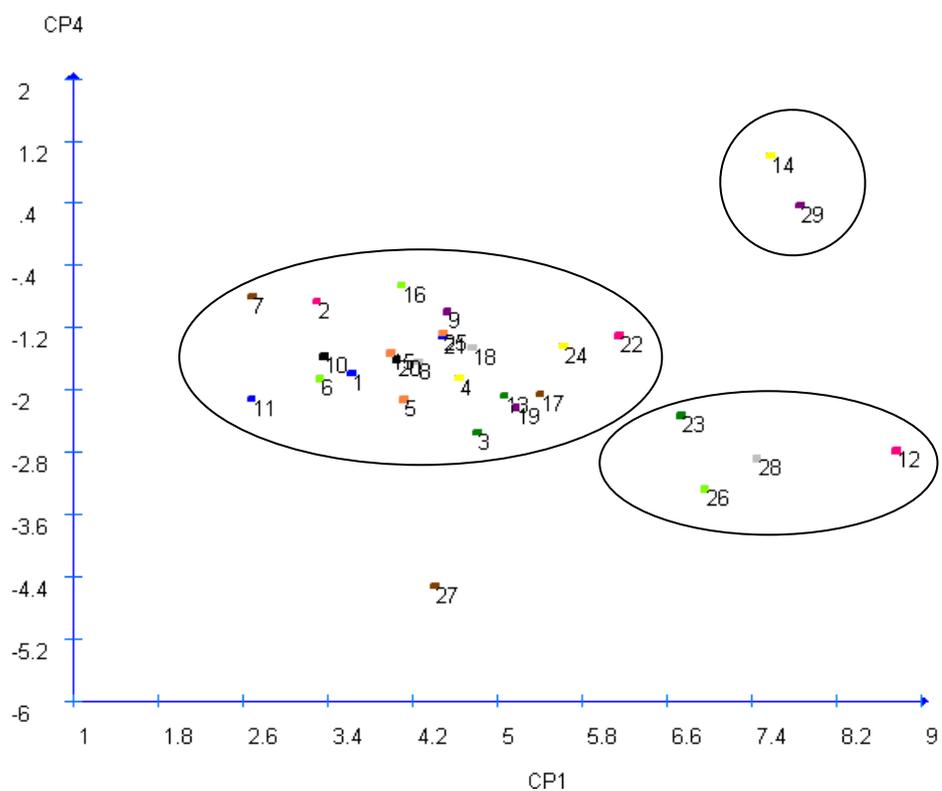


Figura 12 - Distribuição dos 29 genótipos avaliados em relação aos componentes principais açúcar total (CP1) e proteína (CP4) no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011

Ao analisar ambos os ciclos produtivos (2009/2010 e 2010/2011) para análise dos componentes principais verificou-se que os genótipos Conserva 1434, Conserva 1396 e Libra foram os únicos que foram agrupados no mesmo grupo.

A mesma semelhança entre estes genótipos (Libra, Conserva 1396 e Conserva 1434) ocorreu no agrupamento realizado pelo método de Tocher baseado na distância de Mahalanobis, nos ciclos 2009/2010 (Tabela 15) e 2010/2011 (Tabela 16) e pelo método do vizinho mais próximo baseado na distância generalizada de mahalanobis (Figuras 13 e 14). Isso pode estar relacionado à genealogia destes genótipos, que possuem como ancestral comum a cultivar 'Aldrighi'.

Analisando-se as Figuras 13 e 14 verificou-se que as mesmas permitiram a individualização de nove e quatro grupos mutuamente exclusivos, respectivamente. No primeiro ciclo, apesar da diferença no número de grupos obtidos houve certa similaridade na ordem de formação dos mesmos, tendo em ambas as Tabelas (15 e 16) o aparecimento dos genótipos 5 (Conserva 1187), 19 (Atenas), 16 (Conserva 1129), 9 (Conserva 1396), 1 (Libra), 20 (Conserva 1434) e 15 (Conserva 844) no grupo I, do 23 (Conserva 681), 24 (Conserva 871) e 25 (Âmbar) no grupo II.

Além destes, observou-se que os genótipos 2 (Tropic Beauty), 21 (Conserva 1186), 7 (Cascata 1063), 13 (Conserva 1153) e 11 (Rubimel) mantiveram-se no mesmo grupo em ambos os ciclos produtivos. Assim, as semelhanças na genealogia entre esses genótipos foram analisadas, o que permitiu observar que o 13 (Conserva 1153) e 21 (Conserva 1186) possuem em comum o genitor 'Granada', o qual tem como parental a cultivar 'Alpes', sendo esta também parental do genótipo 'Âmbar', havendo assim parentesco entre esses genótipos. Dentro desse grupo ainda observamos que os genótipos 7 (Kampai) e 11 (Rubimel) apresentam os mesmos genitores (Chimarrita x Flordaprince), explicando sua alocação no mesmo grupo. O genótipo 2 (Tropic Beauty) também presente nesse grupo é oriundo da Universidade da Flórida, porém não foi possível acessar sua genealogia, o que não se descarta a possibilidade de parentesco já que a cultivar 'Flordaprince' também é advindo da mesma instituição.

Outro grupo foi formado pelos genótipos 4 (Cascata 962), 17 (Cascata 1070), 18 (Cascata 1055) e 10 (Cascata 1303), também se repetiram em ambos os ciclos produtivos, indicando-se pequena divergência genética entre os mesmos.

Essa menor divergência entre os genótipos pode ser explicada com base na genealogia, sendo que o genótipo 18 (Cascata 1055) e 10 (Cascata 1303) possuem

em comum na sua genealogia a cultivar 'Aldrighi'. Embora até onde se conheça a árvore genealógica dos genótipos 4 (Cascata 962) e 17 (Cascata 1070) não foi observado parentesco entre esse acessos, e desses com os demais, sendo possível porém que exista, visto que foi acessado os genitores dos mesmos, não identificando-se os demais ancestrais.

Para a formação do dendrograma pelo método do vizinho mais próximo considerou-se a maior distância, 8,79 e 15,59 (obtida pela D^2) como 100% de distância, para os ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. A maior divergência observada no ciclo 2009/2010 foi entre os genótipos 1 (Libra) e 12 (Conserva 985), pertencentes aos grupos I e VII, pelo método de Tocher (Tabela 19) e/ou grupos I e XI pelo método do vizinho mais próximo (Figura 13),

Para o ciclo produtivo 2010/2011 a maior divergência foi entre os genótipos 1 (Libra) e 14 (Cascata 967), pertencentes aos grupos I e IV pelo método do vizinho mais próximo (Figura 14) e I e III pelo método de Tocher (Tabela 20). Isso demonstra maior potencial heterótico entre estes genótipos, o que é necessário para garantir ampla base genética.

O conhecimento da heterose é importante para que os melhoristas concentrem seus esforços apenas nos acessos com maiores chances de sucesso (MALUF; FERREIRA; 1983), ou seja, mais divergentes, o que poderá gerar híbridos com desempenho superior (MIRANDA; CRUZ; COSTA, 1988)

Tabela 15 -. Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, entre 26 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR, Pato Branco/ PR para características bioquímicas, no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Grupo	Indivíduos
I	Conserva 1187 (5); Atenas (19); Santa Áurea (26); Conserva 1129 (16); Conserva 1396 (9); Libra (1); Conserva 1434 (20) Conserva 844 (15);
II	Conserva 681(23); Conserva 871 (24) e Âmbar (25);
III	Tropic Beauty (2) Conserva 1186 (21); Cascata 1063 (7); Conserva 1153 (13); Cascata 967 (14) e Rubimel (11);
IV	Conserva 3962 (4); Cascata 1070 (17);
V	Cascata 1055 (18); Cascata 587 (22); e Cascata 1303 (10);
VI	Tropic Snow (8);
VII	Conserva 985 (12);
VIII	Bonão (3);
IX	Kampai (6)

Tabela 16 - Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, entre 29 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de pessegueiro da área experimental da UTFPR - Pato Branco/ PR, para característica bioquímica, no ciclo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Grupo	Indivíduos
I	Tropic Beauty (2); Cascata 1063 (7); Conserva 1186 (21); Tropic Snow (8); Cascata 1303 (10); Libra (1); Cascata 1055 (18); Conserva 3962 (4); Kampai (6); Bonão (3); Conserva 1187 (5); Atenas (19); Conserva 1434 (20); Conserva 1396 (9); Conserva 844 (15); Cascata 1070 (17); Conserva 1127 (28); Conserva 1153 (13); Rubimel (11); Conserva 1129 (16) e Conserva 1216 (29);
II	Conserva 871 (24); Âmbar (25); Cascata 587 (22); Conserva 681(23); Conserva 985 (12) e Cascata 1065 (26);
III	Cascata 967 (14);
IV	Conserva 1223 (27);

Através da Figura 13, foi possível observar a formação de 11 grupos distintos, tendo os primeiros 7 grupos a individualização dos genótipos 12 (Conserva 985), 3 (Bonão), 17 (Cascata 1070), 4 (Cascata 962), 6 (Kampai), 10 (Cascata 1303) e 18 (Cascata 1055) cada um. O grupo VIII foi formado pelos genótipos 11 (Rubimel), 14 (Cascata 967) e 8 (Tropic Snow), o grupo IX a individualização do genótipo 22 (Cascata 587), o X com a formação dos genótipos 13 (Conserva 1153), 15 (Conserva 844), 7 (Cascata 1063), 21 (Conserva 1186) e 2 (Tropic Beauty) e o XI com 25 (Âmbar), 24 (Conserva 871), 23 (Conserva 681), 1 (Libra), 20 (Conserva 1434), 9 (Conserva 1396), 26 (Santa Áurea), 16 (Conserva 1129), 19 (Atenas) e 5 (Conserva 1187).

Por outro lado, pela Figura 14 referente ao ciclo 2010/2011 visualiza-se a formação de menor número de grupos, constituindo-se o Grupo I com o genótipo 14 (Cascata 967), Grupo II com o 26 (Cascata 1065), Grupo III com o 12 (Conserva 985), 23 (Conserva 681), 22 (Conserva 587), 25 (Âmbar) e 24 (Conserva 871) e o Grupo IV o maior entre eles, com os genótipos 27 (Conserva 1223), 16 (Conserva 1129), 29 (Conserva 1216), 17 (Cascata 1070), 28 (Conserva 1127), 15 (Conserva 844), 11 (Rubimel), 13 (Conserva 1153), 3 (Bonão), 6 (Kampai), 18 (Cascata 1055), 4 (Cascata 962), 19 (Atenas), 5 (Conserva 1187), 21 (Conserva 1186), 8 (Tropic Snow), 10 (Cascata 1303), 1 (Libra), 20 (Conserva 1434), 9 (Conserva 1396), 7 (Cascata 1063) e 2 (Tropic Beauty).

Os genótipos 23, 24 e 25 foram agrupados juntos nos dois ciclos produtivos, sendo o mesmo com os genótipos 1 (Libra), 2 (Tropic Beauty), 5 (Conserva 1187), 7 (Casata 1063), 13 (Conserva 1153), 15 (Conserva 844), 16 (Conserva 1129), 19 (Atenas) e 20 (Conserva1434).

O agrupamento dos genótipos 23 (Conserva 681), 24 (Conserva 871) e 25 (Âmbar) pode ser explicado pela presença da cultivar 'Aldrighi' na genealogia de todos os genótipos desse grupo.

Dos demais genótipos que foram agrupados juntos em ambos os ciclos, ressalta-se que os genótipos 19 (Atenas) e 20 (Conserva 1434) possuem em comum o genitor materno 'Jade', sendo que essa possui como parental a cultivar 'Aldrighi', assim como os genótipos 1 (Libra), 5 (Conserva 1187), 13 (Conserva 1153) e 16 (Conserva 1129), havendo assim certo grau de parentesco entre os genótipos citados com o 19 (Atenas) e 20 (Conserva 1434). Dos genótipos que ainda permaneceram juntos a esses, tem-se o 15 (Conserva 844) que não possui sua genealogia identificada, o 2 (Tropic Snow) que é oriundo da Universidade da Flórida, e assim não se conhece sua genealogia e, o genótipo 7 (Kampai) do qual acessou-se apenas parte da sua genealogia (genitores), não podendo-se afirmar, nem descartar algum grau de parentesco com o demais.

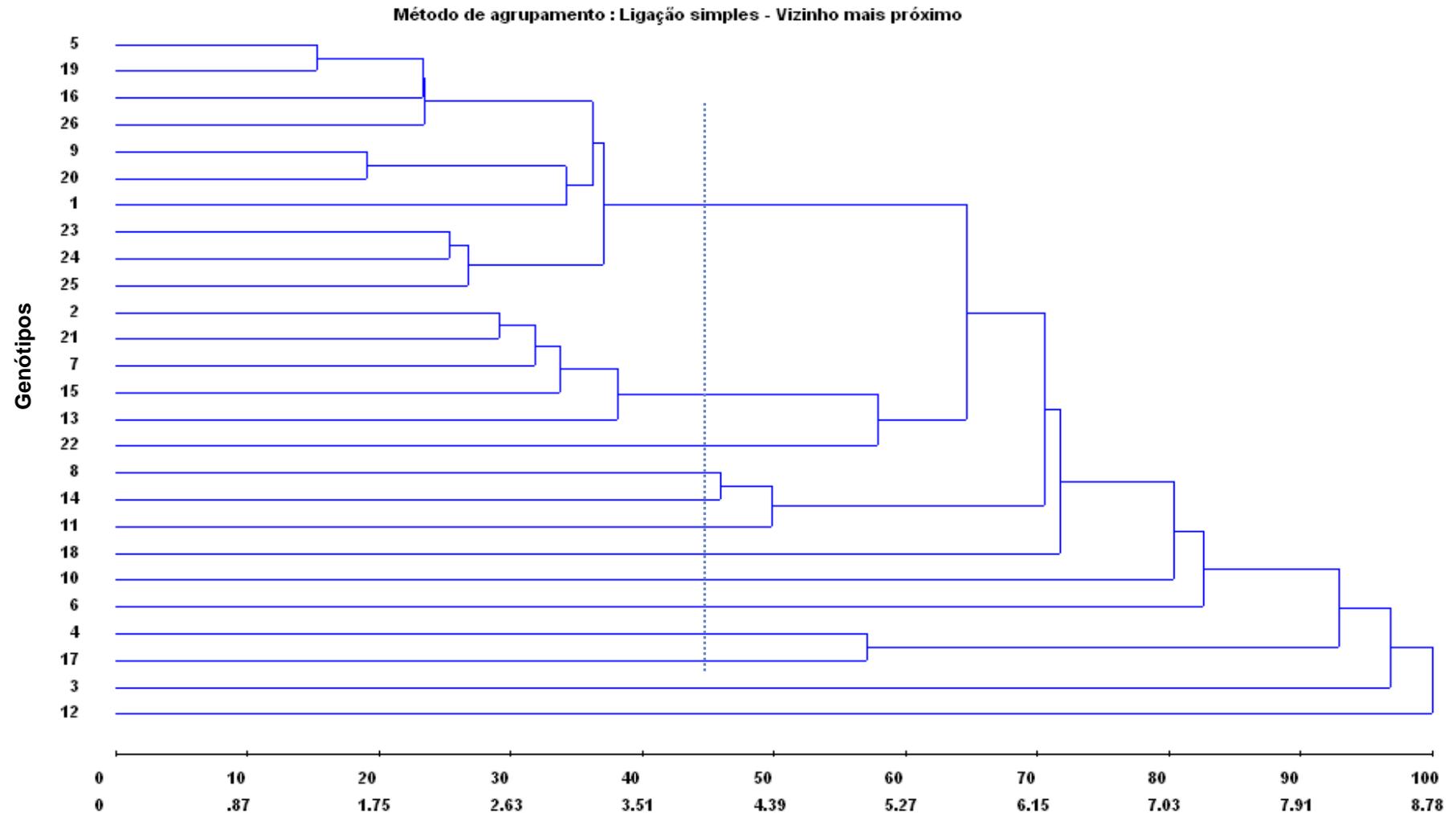


Figura 13 - Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 26 genótipos de pessegueiro (ciclo 2009/2010), obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base nas características bioquímicas, utilizando-se a distância generalizada de mahalanobis. No eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 26 genótipos. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Legenda dos genótipos: 1- Libra; 2- Tropic Beauty; 3- Bonão; 4- Cascata 962; 5- Conserva 1187; 6- Kampai; 7- Cascata 1063; 8- Tropic Snow; 9- Conserva 1396; 10- Cascata 1063; 11- Rubimel; 12- Conserva 985; 13- Conserva 1153; 14- Cascata 967; 15- Conserva 844; 16- Conserva 1129; 17- Cascata 1070; 18- Cascata 1055; 19- Atenas; 20- Conserva 1434; 21- Conserva 1186; 22- Cascata 587; 23- Conserva 681; 24- Conserva 871; 25- Âmbar; 26- Santa Áurea;

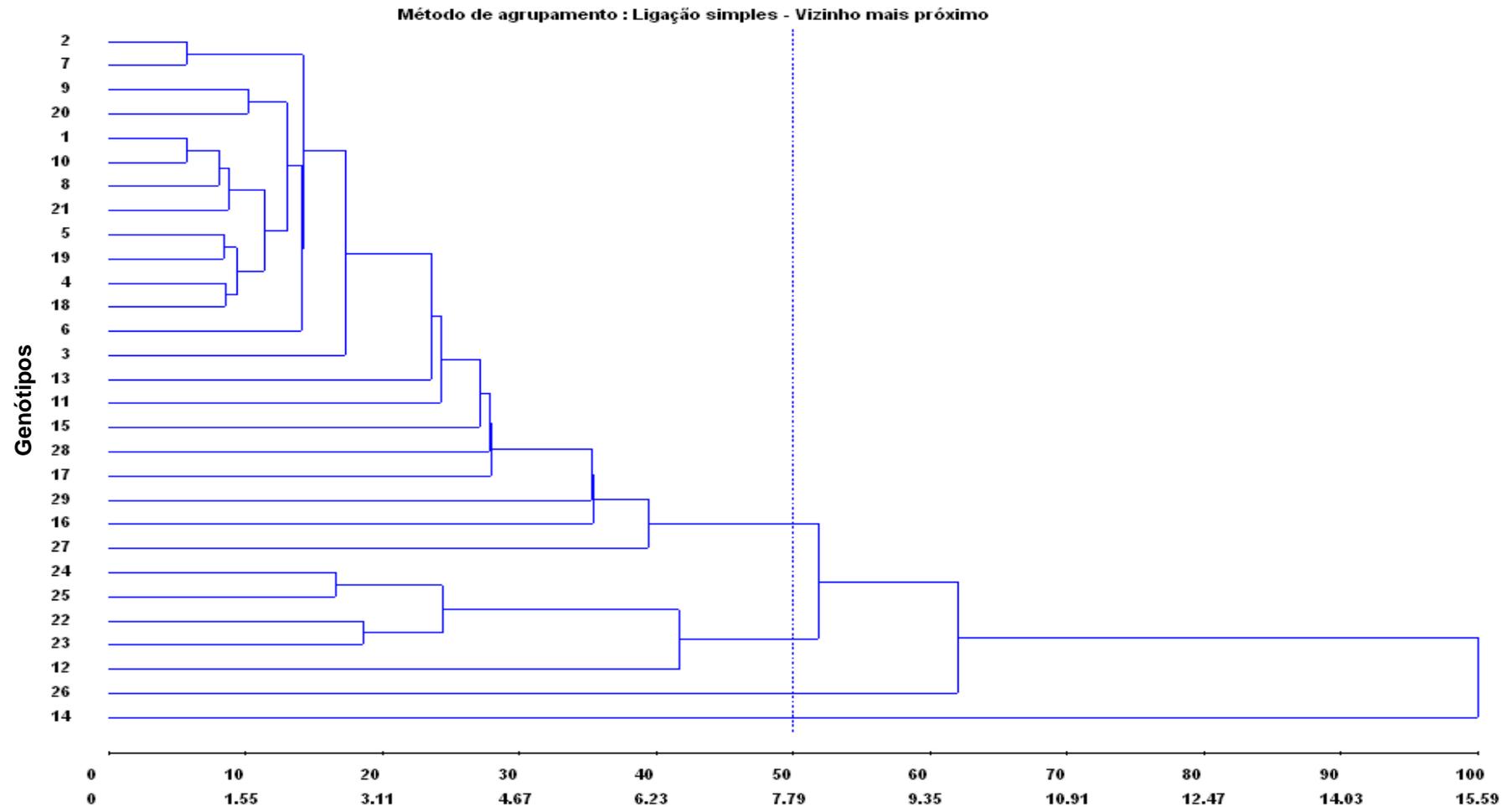


Figura 14 - Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos de pessegueiro (ciclo 2010/2011) obtido pelo método 'vizinho mais próximo' com base nas características bioquímicas, utilizando-se a distância generalizada de mahalanobis. no eixo X foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 29 genótipos. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Legenda dos genótipos: 1- Libra; 2- Tropic Beauty; 3- Bonão; 4- Cascata 962; 5- Conserva 1187; 6- Kampai; 7- Cascata 1063; 8- Tropic Snow; 9- Conserva 1396; 10- Cascata 1063; 11- Rubimel; 12- Conserva 985; 13- Conserva 1153; 14- Cascata 967; 15- Conserva 844; 16- Conserva 1129; 17- Cascata 1070; 18- Cascata 1055; 19- Atenas; 20- Conserva 1434; 21- Conserva 1186; 22- Cascata 587; 23- Conserva 681; 24- Conserva 871; 25- Âmbar; 26- Cascata 1065; 27- Conserva 1223; 28- Conserva 1127; 29- Conserva 1226;

5.3.3 Análise dos Resultados e Identificação das Populações Superiores

No passado, frutos de pessegueiro eram aceitos pelo mercado consumidor pelas suas características visuais e organolépticas, sendo que hoje há a tendência pelas características funcionais que os mesmos apresentam, o que torna a avaliação dos caracteres bioquímicos importantes para o programa de melhoramento genético desta fruteira.

Baseando-se nos critérios adotados, foram selecionados no ciclo produtivo 2009/2010 cinco genótipos, por apresentarem as melhores características bioquímicas, sendo eles 'Kampai', 'Cascata 1055', 'Conserva 871', 'Rubimel' e 'Âmbar'. No segundo ciclo produtivo (2010/2011) foram selecionados seis genótipos através das características bioquímicas desejáveis, os quais foram 'Conserva 985', 'Cascata 967', 'Cascata 1065', 'Conserva 1216', 'Conserva 1223' e 'Conserva 844'.

No entanto, como não houve convergência na escolha dos genótipos selecionados em ambos os ciclos foi adotado como método de seleção a média dos ciclos, buscando-se selecionar genótipos com menor oscilação para as características bioquímicas. Assim, os cinco genótipos superiores para as características bioquímicas, com base nas avaliações dos dois ciclos produtivos, foram 'Cascata 967', 'Conserva 985', 'Kampai', 'Tropic Snow', e 'Cascata 1055'.

Porém, é importante que os genótipos 'Cascata 1065', 'Conserva 1216', 'Conserva 1223' sejam avaliados em mais um ciclo produtivo para verificar se as características bioquímicas superiores apresentadas em um único ciclo se mantêm durante os próximos, ou se foram condicionadas pelo ambiente no ciclo produtivo analisado.

5.4 CONCLUSÕES

Quanto as características bioquímicas, levando em conta, dois ciclos produtivos, foram considerados superiores na média dos dois ciclos, os genótipos 'Casata 967', 'Conserva 985', 'Kampai', 'Tropic Snow', e 'Casata 1055'.

5.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRIOS, G. N. Plant diseases caused by fungi. In: AGRIOS, G. N. **Plant Pathology**. New York: Academic Press, 1998, p.336-339.

ANGELIS, R. C. Novos conceitos em nutrição: reflexões a respeito do elo dieta e saúde. **Arq. Gastroenterol.**, v.38, n.4, p. 269-271, 2001.

ANJO, D. F. C. Alimentos funcionais em angiologia e cirurgia vascular. **Jornal Vascular Brasileiro**, v. 3, n. 2. p. 145-154, 2004.

BIELESKI, R. L; TURNER, N. A. Separation and estimation of amino acids in crude plant extracts by thin-layer electrophoresis and chromatography. **Analytical Biochemistry**, Orlando, v.17, p.278-293, 1966.

BRACKMANN, A.; STEFFENS, C. A.; GIEHL, R. F. H. Armazenamento de pêssego 'Chimarrita' em atmosfera controlada e sob absorção de etileno. **Ciência Rural**, v. 33, n. 3, p. 431-435, 2003.

BRADFORD, M. M.; A rapid and sensitive method for the quantification of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. **Analytical Biochemistry**, Orlando, v. 72, p. 248-254, 1976.

BYRDE, R. J. W.; WILLETS, H. J. **The brown rot fungi of fruit**. Pergamon Press. New York, 1977. 171 p.

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

COSTA, M. N.; PEREIRA, W. E.; BRUNO, R.L.A.; FREIRE, E.C.; NÓBREGA, M.B.M.; MILANI, M.; OLIVEIRA, A.P. Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 11, p. 1617-1622, 2006.

CRISOSTO C. H.; CRISOSTO G. M. Relationship between ripe soluble solids concentration (RSSC) and consumer acceptance of high and low acid melting flesh peach and nectarine (*Prunus persica* (L.) Batsch) cultivars. **Postharv Biol Technol** v. 38, p. 239-246, 2005.

CRUZ, Cosme D. Programa Genes: Biometria. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006

CRUZ, Cosme D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. p.223-375.

DUBOIS, M.; GILLES, K.A.; HAMILTON, J.K.; REBERS, P.A.; SMITH, F. Colorimetric method for determination of sugars and related substances. **Analytical Biochemistry**, Orlando, v.28, p.350-356, 1956.

FAO 2008. 'World production data for peaches and nectarines'. [Online]. Food and Agricultural Organization of the United Nations. Available: <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx> (acesso em 2011)

GERMAN B.; DILLARD C. J. Phytochemicals: nutraceutical and human health. Reviews. **J Sci Food Agric**, v. 80, p. 1744-1756, 2000.

GIL, M. I.; TOMÁS-BARBERÁN, F. A.; HESS-PIERCE, B.; KADER, A. A. Antioxidant Capacities, Phenolic Compounds, Carotenoids, and Vitamin C Contents of Nectarine, Peach, and Plum Cultivars from California. **J. Agric. Food Chem**, v. 50, 4976-4982, 2002.

GRADZIEL, T. M.; THORPE, M. A.; BOSTOCK, R. M.; WILCOX, S.; MONETL, R. Breeding for brown rot (*Monilinia fructicola*) resistance in clingstone peach with emphasis on the role of fruit phenolics. **Acta Horticulturae**, v. 01, n. 465, p. 161-170, 1998.

HYODO, H.; KURODA, H. & YANG, S.F. Induction of phenylalanine ammonia-lyase and increase in phenolics in lettuce leaves in relation to the development of russet spotting caused by ethylene. **Plant Physiology**. v.62, p.31-35, 1978.

IBRAF. **Produção Brasileira de Frutas por Estado, 2007**. Instituto Brasileiro de Frutas. <http://www.ibraf.org.br/estatisticas/ProducaoBrasileiradeFrutasporEstado2007.pdf> (acesso em 2011)

JENNINGS, A. C. The determination of dihydroxy phenolic compounds in extracts of plant tissues. **Analytical Biochemistry**, Orlando, v.118, p.396-398, 1991.

LEES, D. H., FRANCIS, F. J. Standardization of pigment analyses in cranberries. **HortScience**, Alexandria, v.7, n.1, p.83-84, 1972.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.1, n.2, p.31-34. 1983.

MILLER, G. L. Use of dinitrosalicylic and reagent for determination of reducing sugar. **Analytical Chemistry**, Orlando, v.31, p.426-428, 1959.

MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D.; COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum* L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, n.9, p.929-939. 1988.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas, SP: UNICAMP. v.1, p.215-274, 1987.

RODRIGUES, A. A. C.; NETO, B. E.; COELHO, R. S. B. Indução de resistência a *Fusarium oxisporum* f. sp. *Tracheiphilum* em Caupi: Eficiência de indutores abióticos e atividade enzimática elicitada. **Fitopatologia Brasileira**. v. 31, n.5, p.492-499, 2006.

SENTANIN, M. A; AMAYA, D. B. R. Teores de carotenóides em mamão e pêssego determinados por cromatografia líquida de alta eficiência. **Ciênc. Tecnol. Aliment.**, v. 27, n.1, p. 13-19. 2007.

6 ESTUDO DAS POSSÍVEIS CORRELAÇÕES ENTRE A RESISTÊNCIA À PODRIDÃO PARDA EM FLORES E FRUTOS DE PESSEGUEIRO E ENTRE A RESISTÊNCIA DE FRUTOS A PODRIDÃO PARDA COM CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS E BIOQUÍMICAS DOS MESMOS

RESUMO

A podridão parda provoca elevadas perdas à produção de pêssegos em muitos países do mundo. Os danos podem ser percebidos desde a floração até a pós colheita, reduzindo-se assim a produção e prejudicando a qualidade dos pêssegos. Alguns estudos indicam que a tolerância a doença tem relação com algumas características bioquímicas dos frutos. Dessa forma, são necessários estudos que busquem correlacionar as variáveis de qualidade dos frutos com a reação dos mesmos a podridão parda. O objetivo deste trabalho foi realizar o estudo das possíveis correlações; i) entre as respostas de flores e frutos de diferentes genótipos de pessegueiro submetidos a testes de reação a podridão parda; ii) entre os caracteres físico-químicos e bioquímicos com as respostas dos frutos, submetidos à podridão parda, de diferentes genótipos de pessegueiro. Os trabalhos foram conduzidos na Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), *Campi* Pato Branco e Dois Vizinhos (PR). Foram realizados estudos de correlação entre os resultados de reação a podridão parda em flores e frutos de 5 e 13 genótipos de pessegueiro, nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. Os frutos de 26 e 29 genótipos foram avaliados quanto à correlação entre a reação a podridão parda e características físico-químicas e bioquímicas, no primeiro e no segundo ciclo, respectivamente. Não houve correlação entre o percentual de incidência de podridão parda nas flores e o percentual de incidência e a severidade da doença nos frutos. Houve correlação entre o teor de SST, pH, açúcares redutores e totais, teor de aminoácido e a enzima FAL para respostas dos frutos quanto à podridão parda.

Palavras-chave: *Prunus persica*, pêssego, melhoramento.

**CORRELATION STUDIES BETWEEN BROWN ROT FLOWER AND FRUIT
PEACH TREE RESISTANCE AND BETWEEN FRUIT BROWN ROT RESISTANCE
AND PHYSICAL-CHEMICAL AND BIOCHEMICAL CHARACTERISTICS**

ABSTRACT

The brown rot causes significant losses in many peach producers countries worldwide. The damage can be seen since blooming until after harvest, and can reduce the yield and the fruit quality. Some studies indicate that tolerance to this disease tolerance is related to some biochemical fruit characteristics. Thus, it is necessary to study the correlation between fruit quality characteristics and the brown rot reaction. The aim of this work was the study possible correlations; i) between the blossom blight and brown rot of different peach genotypes; ii) between the physico-chemical and biochemical fruit characteristics with the brown rot of peach genotypes. The work was carried out at Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), *Campi Pato Branco* and *Dois Vizinhos* (PR). Correlation studies between the results of brown rot reaction in fruit and flowers of five and 13 peach genotypes in the cycles 2009/2010 and 2010/2011, respectively, were performed. The fruits from 26 and 29 genotypes were evaluated for the correlation between reaction to brown rot and physico-chemical and biochemical characteristic's, in the first and second cycles, respectively. There was not a correlation between the bloom blight incidence and brown rot incidence and severity. There were positive correlations between TSS, pH, reducing sugars and total amino acid content and, negative FAL enzyme correlation with brown rot reaction.

Key words: *Prunus persica*, peach, breeding.

6.1 INTRODUÇÃO

A cultura do pessegueiro, *Prunus persica* (L) Batsch, é considerada típica de clima temperado, mas devido ao intenso trabalho de melhoramento genético, a mesma vem sendo cultivada em regiões de clima tropical úmido, decorrentes da criação de cultivares adaptadas às diversas condições climáticas obtidas dentro dos programas de melhoramento genético (WAGNER JÚNIOR, 2007).

Todavia, a expansão da cultura para regiões de clima subtropical úmido, acarretou no aumento da incidência e do grau de severidade de algumas doenças (WAGNER JÚNIOR, et. al., 2008), como a podridão parda. Essa doença é causada pelo fungo *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey, (MAY-DE MIO; GARRIDO; UENO, 2004), o qual provoca elevadas perdas, principalmente, na pós-colheita em muitos países do mundo (JEMERIC et al., 2010).

No entanto, seus danos podem ser percebidos desde a floração com a queima de flores, nos ramos, com o surgimento de cancrios e nos frutos, com o apodrecimento dos mesmos (MAY-DE MIO; GARRIDO; UENO; 2004; WAGNER JÚNIOR et al., 2005a; WAGNER JÚNIOR et al., 2005b), reduzindo-se assim a produção e prejudicando a qualidade dos pêssegos (WAGNER JÚNIOR et al., 2008), o que acarreta grandes prejuízos ao produtor.

Devido ao clima tropical úmido, as regiões produtoras de pêssego do Sul do Brasil têm precipitações pluviométricas acima de 1500 mm ano⁻¹, criando-se juntamente com a temperatura, ambiente favorável ao aparecimento da podridão parda (FACHINELLO et al., 2003), dificultando ainda mais, seu controle nos pomares, uma vez que ainda não existem genótipos resistentes à mesma.

Porém, suspeita-se que em pêssegos os maiores níveis de resistência identificados quanto a podridão parda parecem estar associados com maiores acúmulos de compostos fenólicos na polpa e epiderme (BYRDE; WILLETS, 1977; GRADZIEL et al., 1998). Entretanto, faltam estudos conclusivos de correlação que permitam comprovar essa teoria.

O que existe quanto à podridão parda para correlação foi o estudo desenvolvido por WAGNER JÚNIOR et al. (2003) em que não houve correlação entre a reação da doença entre flores e frutos de pessegueiro.

Contudo, seria importante analisar outros genótipos ainda não estudados, que permitissem comprovar se há ou não possível correlação entre a resistência de

flores e frutos e, de estudos que buscassem caracterizar qual característica físico-química e bioquímica favorece ou não para contaminação da podridão parda em frutos, podendo auxiliar na identificação de mecanismos envolvidos na resposta de tolerância ou resistência dos mesmos. Uma vez conhecidos os mecanismos capazes de auxiliar na defesa à doença, ou capazes de propiciar o ataque do patógeno, melhores estratégias poderão ser estudadas como alternativas para o controle ou até mesmo erradicação da doença.

A correlação é importante dentro dos programas de melhoramento, uma vez que permite avaliar a magnitude e a direção de associações entre caracteres, sendo de grande utilidade por permitir a viabilidade do emprego da seleção indireta, que, em alguns casos, podem levar a progressos mais rápidos e altamente expressivos (SANTOS; VENCOSKY, 1986; CRUZ; REGAZZI, CARNEIRO, 2004).

O objetivo deste trabalho foi realizar o estudo das possíveis correlações; i) entre as respostas de flores e frutos de diferentes genótipos de pessegueiro submetidos a testes de reação à podridão parda; ii) entre os caracteres físico-químicos e bioquímicos com as respostas dos frutos submetidos à podridão parda, de diferentes genótipos de pessegueiro.

6.2 MATERIAL E MÉTODOS

Os trabalhos foram conduzidos na Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), *Campi Pato Branco* e *Dois Vizinhos* (PR), nos ciclos produtivos de 2009/2010 e 2010/2011.

Foram realizados estudos de correlação entre os resultados de reação a podridão parda em flores e frutos de 5 e 13 genótipos de pessegueiro, nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. Os frutos de 26 e 29 genótipos foram avaliados quanto à correlação entre a reação a podridão parda e características físico-químicas e bioquímicas, no primeiro e no segundo ciclo, respectivamente.

O material analisado pertence a coleção de pessegueiro implantado na área experimental da UTFPR, no município de Pato Branco, PR (latitude 26° 10' 39" S, longitude 56° 41' 21" W, e altitude média de 750 m). As plantas de cada genótipo estavam sendo conduzidas em sistema de vaso, com espaçamento 5 x 4 m entre plantas e linhas, respectivamente. As práticas de manejo foram realizadas conforme recomendações gerais para a cultura, com aplicação de fungicida (azoxistrobina) na segunda semana de outubro no ciclo 2010/2011.

Para análises de flores e frutos quanto à reação a podridão parda foram utilizados isolados do fungo *M. fructicola* obtido a partir de flores e frutos infectados da coleção de pessegueiro da UTFPR e de pomares comerciais da região, procurando-se obter mais de uma estirpe do mesmo. Após a coleta, este material foi levado para o laboratório, sendo os esporos misturados e transferidos para placas de Petri®, contendo meio BDA (Batata Dextrose Ágar), com auxílio de estilete e incubadas em câmara B.O.D a 25±2°C, por 5-7 dias no escuro. A contaminação com outros fungos foi eliminada através de sucessivas repicagens até a obtenção de cultura pura.

Para a obtenção da suspensão conidial foram adicionados 10 mL de água destilada nas placas de Petri® contendo as culturas, agitando-se levemente as placas. Através de sucessivas diluições a concentração da suspensão de *M. fructicola* foi ajustada para $1,0 \times 10^5$ esporos.mL⁻¹ (BASSI; RIZZO; CANTONI, 1998), contados em câmara de Neubauer (WAGNER JÚNIOR, 2003; WAGNER JÚNIOR et al., 2005a), sendo esta concentração aplicada em flores e frutos.

Para inoculação nas flores, utilizou-se a metodologia de ramos destacados, sendo estes coletados e levados para o laboratório, sendo eliminadas as flores velhas e danificadas. Os botões florais e as flores recém abertas foram inoculados, individualmente, com 0,15 mL de suspensão conidial de *M. fructicola*, com o auxílio de borrifador plástico com capacidade de 1 litro. Posteriormente a inoculação, os ramos foram conservados em água destilada (CITADIN; RASEIRA; QUEZADA 1998) em copos descartáveis de 180 mL, sendo em seguida, protegidos com sacos plásticos transparentes (34,5 x 49,0 cm) furados e umedecidos com água destilada, criando-se ambiente úmido.

As flores foram examinadas 72 horas após a inoculação, sendo avaliada visualmente a percentagem de flores infectadas, que apresentaram pétalas com mancha necrótica (WAGNER JÚNIOR, 2003; WAGNER JÚNIOR et al., 2005a).

Para análise dos frutos, estes foram selecionados e colhidos, aleatoriamente, nos quatro quadrantes. Foram colhidos frutos que apresentassem máximo desenvolvimento e coloração de fundo da epiderme, passando de verde para verde-amarelada ou branco-creme (CANTILLANO; SACHS, 1984). No laboratório foi realizada a segunda seleção dos frutos, observando-se à ausência de danos mecânicos e/ou infecção aparente. Os frutos, selecionados foram desinfestados imergindo-os por 1 minuto em solução de hipoclorito de sódio 0,25 % e, após 10 minutos, lavados três vezes em água destilada e esterilizada.

A inoculação foi realizada sobre a epiderme dos frutos com aspensão de uma suspensão conidial de aproximadamente 0,15 mL de *M. fructicola*. O procedimento foi realizado com borrifador, sobre área com 2,5 cm de diâmetro na superfície da fruta. Após a inoculação, os frutos foram acondicionados sobre anéis de PVC dentro de caixas plásticas (24,0 x 23,0 x 10,0 cm) umedecidas e fechadas (com pequenos orifícios nas laterais) e forradas com papel toalha umedecido. Todo o processo de inoculação foi realizado em câmara de fluxo laminar. As caixas foram mantidas em ambiente natural.

Os frutos foram observados 72 e 120 horas após a inoculação, sendo avaliada a incidência da doença e individualmente a severidade de infecção do fruto atacado, sendo que esta foi baseada na escala de 0 a 4, onde 0 foi considerado o fruto sem infecção, 1 fruto com lesão $> 0\% \leq 25\%$ da superfície do mesmo, 2 sendo $> 25\% \leq 50\%$ da superfície do fruto com lesão da doença), 3 com área $> 50\% \leq 75\%$

da superfície do fruto com lesão da doença) e 4 considerando-se > 75% da superfície do fruto com lesão da doença.

Dos genótipos analisados caracterizaram-se os frutos quanto a firmeza de casca e de polpa (N), diâmetro sutural (mm) peso (g), teor de sólidos solúveis totais (°Brix), pH, acidez total titulável (grama de ácido málico por 100 mL de suco).

A firmeza foi determinada em faces opostas na região equatorial de cada fruto, sendo a firmeza de casca realizada sem a remoção da epiderme do fruto e a firmeza de polpa com a remoção da mesma, utilizando-se em ambos o penetrômetro de bancada, com ponteira de 8 mm de diâmetro, colocado em suporte metálico adaptado. Os resultados foram expressos em Newton (N). Essas avaliações foram realizadas em quatro repetições de 10 frutos cada uma.

A avaliação do diâmetro sutural (distância máxima transversal do fruto, medida perpendicularmente a zona da sutura) foi determinada com o auxílio de paquímetro digital, sendo analisados 20 frutos por repetição, considerando-se o total de quatro repetições. Para a obtenção do peso médio dos frutos foi obtida amostra de 30 frutos colhidos aleatoriamente, sendo estes pesados e posteriormente obtendo-se a média dos mesmos. Os resultados foram expressos em g/frutos.

Para análise da acidez titulável e pH foram utilizadas amostras de cinco frutos aleatórios, utilizando-se a polpa e epiderme destes. As amostras foram trituradas e 10 mL do suco foram acrescentados em 90 mL de água destilada. A partir desta solução foi avaliado o pH com auxílio de peagâmetro. Posteriormente, para determinação da acidez, a solução foi titulada com NaOH 0,1N até atingir valor de pH 8,1. Para expressar a acidez em g de ácido málico por 100 mL de suco foi realizado o seguinte cálculo (AOAC, 1997):

$$\text{g de ácido málico/100 mL} = \frac{6,7 \times N \text{ NaOH} \times V \text{ NaOH}}{V \text{ amostra}}$$

Sendo N: Normalidade e V: Volume.

O teor de sólidos solúveis totais dos frutos foi analisado a partir do suco retirado de 5 frutos, por meio de refratômetro digital, sendo os valores expressos em °Brix.

Foram realizadas também análises bioquímicas dos frutos de cada genótipo [proteínas totais, aminoácidos, fenóis totais, açúcares totais e redutores e enzima

fenilalanina amônia-liase (FAL), antocianinas e flavonóides] de tecidos da epiderme e polpa de frutos de cada genótipo, constituindo-se no total de 4 amostras por genótipo. As análises bioquímicas foram realizadas no Laboratório de Fisiologia Vegetal e Bioquímica da UTFPR - *Campus Dois Vizinhos*. Imediatamente após as coletas as amostras foram armazenadas em freezer a -20°C até as avaliações

Os açúcares totais foram determinados através do método do Fenol Sulfúrico descrito por Dubois et. al, (1956). A quantificação de proteínas totais foi realizada segundo a metodologia de Bradford (1976). Os açúcares redutores dos frutos foram determinados pelo método do dinitrosalicilato (DNS) (MILLER, 1959). Os compostos fenólicos totais dos frutos foram determinados seguindo-se o método adaptado de Bieleski e Turner (1966) para a extração e Jennings (1991) para a quantificação. As quantidades de enzima FAL das amostras foram conhecidas através da metodologia descrita por Rodrigues, Neto e Coelho (2006). As antocianinas e flavonóides tiveram suas concentrações conhecidas através da metodologia descrita por Lees e Francis (1972).

Para a determinação de aminoácidos as amostras de tecido vegetal dos frutos foram maceradas em almofariz contendo 5 mL de ácido sulfosalicílico, seguindo centrifugação por 15 minutos a 3600 g, utilizando-se 2 mL do extrato, adicionando-se 2 mL de ácido acético + 2 mL de ninidrina acética, deixando-se em banho-maria por 1 hora a 100°C . Em seguida as amostras foram resfriadas em gelo. A leitura das amostras foi realizada em espectrofotômetro a 520 nm. As concentrações de aminoácidos foram estimadas através de curva padrão de prolina.

Com os dados obtidos foram realizados estudos do coeficiente de correlação de Pearson envolvendo a incidência de flores infectadas com *M. fructicola* com a incidência e severidade de infecção dos frutos. Além disso, efetuou-se testes de correlação entre incidência e severidade dos frutos à podridão parda com as variáveis físico-química e bioquímica analisados dos mesmos. As correlações foram realizadas no aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2006).

6.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Pelos resultados obtidos não houve correlação significativa entre a incidência de podridão parda em flores de pessegueiro com a incidência e severidade de podridão parda em frutos analisados nas 72 e 120 horas, nos dois ciclos produtivos (Tabelas 17 e 18).

Resultados semelhantes foram obtidos por Wagner Júnior et al. (2005), analisando-se a mesma correlação entre as variáveis citadas, porém utilizando-se outros genótipos de pessegueiro. Com isso, verifica-se que genótipos com maior tolerância à podridão parda em flores podem ou não apresentar a mesma em frutos.

Segundo Cantoni, Bassi e Tacconi (1996), nem sempre existe correlação entre a suscetibilidade de diferentes órgãos dentro do mesmo genótipo. Assim, para definir-se qual seleção utilizar no programa de melhoramento deve-se observar primeiramente qual objetivo do mesmo para que seja efetuada a inoculação no órgão vegetal de interesse.

Por outro lado, o melhorista pode optar por realizar hibridações entre genótipos com flores e frutos resistentes e/ou tolerantes à podridão parda, visando assim incorporá-las em um único indivíduo.

Tabela 17 - Correlação de Pearson entre as variáveis epidemiológicas de flores e frutos de 5 genótipos de pessegueiro, ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Flores 2009	Frutos 2009			
	Incidência 72 h	Severidade 72 h	Incidência 120 h	Severidade 120 h
Incidência	-38,43 ^{ns}	-38,34 ^{ns}	-34,08 ^{ns}	-33,07 ^{ns}

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente pelo teste t.

Tabela 18 - Correlação de Pearson entre as variáveis epidemiológicas de flores e frutos de 13 genótipos de pessegueiro, ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Flores 2010	Frutos 2010			
	Incidência 72 h	Severidade 72 h	Incidência 120 h	Severidade 120 h
Incidência	-2,39 ^{ns}	9,14 ^{ns}	-14,57 ^{ns}	-10,67 ^{ns}

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente pelo teste t.

Para os resultados da caracterização físico-química dos genótipos não houve correlação significativa para quase todas as variáveis envolvidas com a incidência e severidade de podridão parda em frutos, nos ciclos produtivos 2009/2010 e

2010/2011 (Tabela 19), exceção apenas para SST e pH da polpa, no último ciclo produtivo. Houve correlação significativa positiva para SST com a incidência (45,20%) e severidade (47,01%) da doença nos frutos às 120 horas de análise e, para pH da polpa com a severidade da mesma (40,40%), no mesmo período.

Apesar da baixa correlação observada, deve-se atentar para o fato de que frutos com maior teor de sólidos solúveis e maior pH da polpa são mais suscetíveis à podridão parda. Isto pode estar relacionado com as preferências dos fungos, uma vez que, os sólidos solúveis totais incluem açúcares redutores e outras moléculas facilmente consumidas pelos mesmos (WALKER; WHITE, 2005).

No entanto, apesar destas variáveis apresentarem correlação significativa com a podridão parda, elas são desejáveis para o mercado, uma vez que agradam o consumidor, o que deve ser considerado dentro de qualquer programa de melhoramento. Além disso, o conhecimento de correlação apresentado poderá auxiliar os produtores na tomada de decisão para um maior cuidado no pomar, se produzirem frutos com maior teor de sólidos solúveis, principalmente próxima colheita.

Tabela 19 - Correlação de Pearson entre as variáveis epidemiológicas dos frutos e caracteres físico-químicos de 26 e 29 genótipos de pessegueiro avaliados nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Caracteres Físico-químicos	Frutos ciclo produtivo 2009/2010		Frutos ciclo produtivo 2010/2011	
	Incidência 120 h	Severidade 120 h	Incidência 120 h	Severidade 120 h
Firmeza de Casca	-18,10 ^{ns}	-8,84 ^{ns}	31,77 ^{ns}	29,81 ^{ns}
Firmeza de Polpa	-6,56 ^{ns}	-0,87 ^{ns}	14,18 ^{ns}	18,45 ^{ns}
Diâmetro	-13,65 ^{ns}	-18,55 ^{ns}	9,78 ^{ns}	15,22 ^{ns}
Peso	-4,90 ^{ns}	-14,54 ^{ns}	-5,54 ^{ns}	-2,33 ^{ns}
SST	-4,45 ^{ns}	1,66 ^{ns}	45,20*	47,01**
pH da Polpa	-19,30 ^{ns}	-20,52 ^{ns}	33,09 ^{ns}	40,40*
Acidez Titulável	13,48 ^{ns}	6,76 ^{ns}	28,32 ^{ns}	25,32 ^{ns}

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente pelo teste t.

Quanto às características bioquímicas dos frutos de pessegueiro, observou-se em ambos os ciclos produtivos (2009/2010 e 2010/2011) que houve correlação significativa negativa entre a incidência e severidade da podridão parda nos frutos, nas 120 horas (Tabela 21) e, no segundo ciclo nas 72 horas (Tabela 20) com a enzima FAL (Tabelas 20), indicando-se que quanto maior a atividade da mesma nos frutos, menores problemas de podridão parda ocorreram.

A existência de correlação negativa entre as variáveis epidemiológicas da doença e a enzima FAL comprovam o papel da mesma na defesa da planta.

A FAL é uma das enzimas mais estudadas do metabolismo secundário, isso devido a sua importância na via de síntese de compostos de defesa. Assim a formação de fitoalexinas fenilpropanóides (composto de defesa antimicrobiano) após o ataque fúngico depende da ação da FAL (HELDT, 2005). Essa enzima é responsável pelo desligamento do grupamento amônia do aminoácido fenilalanina, dando origem assim ao ácido *trans*-cinâmico e amônia. Essa reação ocorre na via do ácido chiquímico que é responsável pela formação da maioria dos compostos fenólicos nas plantas (GERSHENZON, 2006)

Além da FAL, também houve correlação significativa, porém positiva, para incidência e severidade de podridão parda nos frutos nas 72 e 120 horas com o teor de açúcares redutores, no ciclo produtivo de 2010/2011 (Tabelas 20 e 21). O teor de açúcares totais também se correlacionou positivamente de forma significativa com a incidência da podridão parda nos frutos às 120 horas, no ciclo 2010/2011 (Tabela 21).

A hipótese que explica essa correlação está relacionada a mesma utilizada para aquela obtida com o SST, comprovando ainda mais que frutos com maior teor de açúcar devem receber maior cuidado no pomar. Isso porque, os açúcares são amplamente utilizados para o crescimento dos fungos, no qual podem variar de hexoses simples, como glicose para polissacarídeos, sacarose e amido (WALKER; WHITE, 2005).

Tabela 20 - Correlação de Pearson entre as variáveis epidemiológicas a 72 horas dos frutos e caracteres bioquímicos de 26 e 29 genótipos de pessegueiro avaliados nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Caracteres Bioquímicos	Frutos ciclo produtivo 2009/2010		Frutos ciclo produtivo 2010/2011	
	Incidência 72 h	Severidade 72 h	Incidência 72 h	Severidade 72 h
Açúcares Totais	4,61 ^{ns}	1,06 ^{ns}	28,86 ^{ns}	26,38 ^{ns}
Açúcares Redutores	6,63 ^{ns}	9,13 ^{ns}	48,27**	58,68**
Proteínas Totais	28,72 ^{ns}	28,39 ^{ns}	15,93 ^{ns}	11,43 ^{ns}
Aminoácidos	15,36 ^{ns}	13,17 ^{ns}	42,81*	38,43*
Enzima FAL	-29,00 ^{ns}	-25,75 ^{ns}	-43,72*	-36,47*
Fenóis Totais	32,40 ^{ns}	25,98 ^{ns}	14,41 ^{ns}	9,98 ^{ns}
Flavonóides	0,72 ^{ns}	-1,78 ^{ns}	22,20 ^{ns}	18,77 ^{ns}
Antocianinas	-11,43 ^{ns}	-18,17 ^{ns}	22,86 ^{ns}	16,84 ^{ns}

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente

Para o teor de aminoácidos nos frutos houve correlação significativa e positiva com a severidade e incidência da podridão parda nos mesmos, quando analisados às 72 horas, durante o ciclo produtivo 2010/2011 (Tabela 20). Essa correlação positiva indicou que, quanto maior o teor de aminoácidos nos frutos mais suscetíveis os mesmos foram a podridão parda.

Tabela 21 - Correlação de Pearson entre as variáveis epidemiológicas a 120 horas dos frutos e caracteres bioquímicos de 26 e 29 genótipos de pessegueiro avaliados nos ciclos 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Caracteres Bioquímicos	Frutos ciclo produtivo 2009/2010		Frutos ciclo produtivo 2010/2011	
	Incidência 120 h	Severidade 120 h	Incidência 120 h	Severidade 120 h
Açúcares Totais	-9,03 ^{ns}	-11,58 ^{ns}	36,65*	34,28 ^{ns}
Açúcares Redutores	-19,06 ^{ns}	-8,36 ^{ns}	37,17*	43,66*
Proteínas Totais	25,03 ^{ns}	22,28 ^{ns}	14,17 ^{ns}	0,49 ^{ns}
Aminoácidos	30,69 ^{ns}	28,23 ^{ns}	34,70 ^{ns}	35,50 ^{ns}
Enzima FAL	-47,75*	-40,59*	-43,36*	-37,26*
Fenóis Totais	21,61 ^{ns}	24,87 ^{ns}	27,23 ^{ns}	7,68 ^{ns}
Flavonóides	-1,09 ^{ns}	5,42 ^{ns}	13,49 ^{ns}	11,89 ^{ns}
Antocianinas	-11,64 ^{ns}	-12,68 ^{ns}	20,65 ^{ns}	21,50 ^{ns}

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente

As demais variáveis bioquímicas dos frutos (proteínas totais, fenóis totais, flavonóides e antocianinas) não apresentaram correlação significativa para incidência e severidade da podridão parda nos mesmos as 72 e 120 horas, durante os ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011 (Tabelas 20 e 21).

6.4 CONCLUSÕES

- Não houve correlação entre o percentual de incidência de podridão parda nas flores e o percentual de incidência e a severidade da doença nos frutos.

- Houve correlação positiva entre o teor de SST, pH, açúcares redutores e totais, teor de aminoácido e negativa com a enzima FAL para reação dos frutos quanto à podridão parda.

6.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AOAC. **Official methods of analysis of the Association of the Official Analytical Chemists International**. 16th ed..Washington: Patricia Cunniff, 1997. cap. 37.

BASSI, D; RIZZO, M.; CANTONI, Lucia. Assaying brown rot [*Monilinia laxa* Aderh. Et Ruhl. (Honey)] susceptibility in peach cultivars and progeny. **Acta Horticulturae**. v. 465, p.715-721, 1998.

BIELESKI, R. L; TURNER, N. A. Separation and estimation of amino acids in crude plant extracts by thin-layer electrophoresis and chromatography. **Analytical Biochemistry**, Orlando, v.17, p.278-293, 1966.

BRADFORD, M. M.; A rapid and sensitive method for the quantification of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. **Analytical Biochemistry**, Orlando, v.72, p.248-254, 1976.

BYRDE, R. J. W.; WILLETS, H. J. **The brown rot fungi of fruit**. Pergamon Press. New York, 1977. 171 p.

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

CANTONI, L.; BASSI, D.; TACCONI, M. La moniliosi nelle drupacee: aspetti della biologia e tecniche di selezione per la resistenza. **Rivista de Frutticoltura**, n. 5, p. 59-65, 1996.

CITADIN, I.; RASEIRA, M.C.B. & QUEZADA, A.C. Substrato para conservação de ramos destacados de pessegueiro, *Prunus persica* L. (Batsh). **Agropecuária de Clima Temperado**, Pelotas, v.1, n.1, p.55-59, 1998.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 375p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Biometria**. Editora UFV. Viçosa, MG. 382p. 2006

DUBOIS, M.; GILLES, K.A.; HAMILTON, J.K.; REBERS, P.A.; SMITH, F. Colorimetric method for determination of sugars and related substances. **Analytical Biochemistry**, Orlando, v.28, p.350-356, 1956.

FACHINELLO, J.; TIBOLA, C. S.; VICENZI, M.; PARISOTTO, E.; PICOLOTTO, L.; MATTOS, M. L. T.. Produção integrada de pêssegos: três anos de experiência na região de Pelotas - RS. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.25, n.2, p. 256-258. 2003.

GERSHENZON, J. Metabólitos Secundários e defesa vegetal. In: TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**, Porto Alegre: Artmed, 2004. 717p.

GRADZIEL, T. M.; THORPE, M. A.; BOSTOCK, R. M.; WILCOX, S.; MONETL, R. Breeding for brown rot (*Monilinia fructicola*) resistance in clingstone peach with emphasis on the role of fruit phenolics. **Acta Horticulturae**, v. 01, n. 465, p. 161-170, 1998.

HELDT, W. H. **Plant Biochemistry**, São Diego: Elsevier Academic Press, 2005, 630p.

JEMERIC, T.; IVIC, D.; FRUK, G.; MATIJAS, H. S.; CVJETKOVIC, B.; BUPIC, M.; PAVKOVIC, B. Reduction of postharvest decay of peach and nectarine caused by *Monilinia laxa* using hot water dipping. **Food Bioprocess Technology**, v.4 n.1, p.149-154, 2010.

JENNINGS, A.C. The determination of dihydroxy phenolic compounds in extracts of plant tissues. **Analytical Biochemistry**, Orlando, v.118, p.396-398, 1991.

LEES, D.H., FRANCIS, F. J. Standardization of pigment analyses in cranberries. **HortScience**, Alexandria, v.7, n.1, p.83-84, 1972.

MAY DE MIO, L.L.; GARRIDO, L.; UENO, B. Doenças de fruteiras de caroço. In: MONTEIRO, L.B.; MAY DE MIO, L.L.; SERRAT, B.M.; MOTTA, A.C.; CUQUEL, F.L. ed. **Fruteiras de caroço: uma visão ecológica**, UFPR, Curitiba: 2004. p.169-221

MILLER, G.L. Use of dinitrosalicylic acid reagent for determination of reducing sugar. **Analytical Chemistry**, Orlando, v.31, p.426-428, 1959.

RODRIGUES, A. A. C.; NETO, B. E.; COELHO, R. S. B. Indução de resistência a *Fusarium oxysporum* f. sp. *Tracheiphilum* em Caupi: Eficiência de indutores abióticos e atividade enzimática elicitada. **Fitopatologia Brasileira**. v.31, n.5, p.492-499, 2006.

SANTOS, J.; VENCOSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agrônômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*, L.). **Ciência e Prática**, Lavras, v. 10, n. 3, p. 265-272, 1986.

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C. B.; PIEROBOM, C. R.; FORTES, J. F.; SILVA, J. B. Peach flower reaction to inoculation with *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey. **Journal of the Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.141-147, 2005a.

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C. B.; PIEROBOM, C. R.; FORTES, J. F.; SILVA, J. B. Non-Correlation of Flower and Fruit Resistance to Brown Rot (*Monilinia fructicola* (Wint.) Honey) Among 27 Peach Cultivars and Selections. **Journal of the American Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.148-152, 2005b.

WAGNER JÚNIOR, A. **Avaliação de germoplasma de pessegueiro, quanto à reação à *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey**. 2003. 74 p. Dissertação (Mestrado). Pelotas: Universidade Federal de Pelotas. Pelotas, RS, 2003.

WAGNER JÚNIOR, A. **Seleção de pessegueiro adaptado ao clima subtropical**. 2007. 108 f. Tese (Doutorado). Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG, 2007.

WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M. C. B.; PIEROBOM, C. R.; SILVA, J. B.; FRANZON, R. C. Avaliação de diferentes genótipos de pessegueiro quanto à reação a *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey em frutos. **Revista Ceres**, Viçosa. v.55, n.2, p.83-88, 2008.

WALKER, G. M.; WHITE, N. A. Introduction to Fungal Physiology. In: KAVANAGH, K. **Fungi: Biology and Applications**, Chichester: John Wiley & Sons Ltd, 2005, 280p.

7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A podridão parda apesar de ser uma das doenças mais importantes da cultura do pessegueiro, ainda não apresenta genótipos resistentes, tanto em flores quanto em frutos, porém, no presente trabalho foi possível identificar genótipos potencialmente tolerantes à mesma nestes órgãos vegetais, demonstrando assim progressos para obtenção de um genótipo resistente.

Os futuros estudos devem continuar buscando fontes de resistência, utilizando aqueles menos suscetíveis como parentais em hidridações controladas, devendo estas serem previamente planejadas pelo melhorista de forma separada para flores e frutos, uma vez que os resultados do presente estudo demonstraram não haver correlação para reação da *M. fructicola* nestes órgãos da planta.

Os estudos relacionados com as características bioquímicas dos frutos devem continuar uma vez que se mostraram promissores para uso como método de pré-seleção, principalmente quando relacionado a enzima FAL, ativadora das rotas metabólicas de defesa dos vegetais.

ÍNDICE DE APÊNDICES E ANEXOS

- APÊNDICE 01** - Genealogia dos genótipos de pessegueiro avaliados quanto à reação à podridão parda das flores e dos frutos nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011. ... 121
- APÊNDICE 02** - Análise de variância da incidência de podridão parda em flores de pessegueiro de 9 genótipos, inoculadas com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011 122
- APÊNDICE 03** - Análise de variância da incidência de podridão parda em flores de pessegueiro de 16 genótipos, inoculadas com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011..... 122
- APÊNDICE 04** - Análise de variância da incidência de podridão parda em frutos de 26 genótipos pessegueiro á 72 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011..... 122
- APÊNDICE 05** - Análise de variância da incidência de podridão parda em frutos de 26 genótipos pessegueiro á 72 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011..... 123
- APÊNDICE 06** - Análise de variância da incidência de podridão parda em frutos de 26 genótipos pessegueiro á 120 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011..... 123
- APÊNDICE 07** - Análise de variância da severidade de podridão parda em frutos de 26 genótipos pessegueiro á 72 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011..... 123
- APÊNDICE 08** - Análise de variância da severidade de podridão parda em frutos de 26 genótipos de pessegueiro á 120 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011..... 123
- APÊNDICE 09** - Análise de variância da incidência de podridão parda em frutos de 29 genótipos de pessegueiro á 72 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011..... 123
- APÊNDICE 10** - Análise de variância da incidência de podridão parda em frutos de 29 genótipos pessegueiro á 120 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011..... 124
- APÊNDICE 11** - Análise de variância da severidade de podridão parda em frutos de 29 genótipos de pessegueiro á 72 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011..... 124

- APÊNDICE 12** - Análise de variância da severidade de podridão parda em frutos de 29 genótipos de pessegueiro á 120 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 124
- APÊNDICE 13** - Análise de variância do teor de açúcares totais dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 124
- APÊNDICE 14** - Análise de variância do teor de açúcares redutores dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 124
- APÊNDICE 15** - Análise de variância do teor de proteínas totais dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 125
- APÊNDICE 16** - Análise de variância do teor de aminoácidos dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 125
- APÊNDICE 17** - Análise de variância do teor de fenóis totais dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 125
- APÊNDICE 18** - Análise de variância da atividade da enzima FAL dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 125
- APÊNDICE 19** - Análise de variância do teor de flavonóides dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 125
- APÊNDICE 20** - Análise de variância do teor de antocianinas dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 126
- APÊNDICE 21** - Análise de variância do teor de açúcares totais dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 126
- APÊNDICE 22** - Análise de variância do teor de açúcares redutores dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 126
- APÊNDICE 23** - Análise de variância do teor de proteínas totais dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 126
- APÊNDICE 24** - Análise de variância do teor de aminoácidos dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 126
- APÊNDICE 25** - Análise de variância do teor de fenóis totais dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011 127

APÊNDICE 26 - Análise de variância da atividade da enzima FAL dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011	127
APÊNDICE 27 - Análise de variância do teor de flavonóides dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011	127
APÊNDICE 28 - Análise de variância do teor de antocianinas dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011	127
APÊNDICE 29 - Disposição das caixas com os frutos de pêssego em avaliação quanto à reação a podridão parda. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011	128
ANEXO 01 - Ciclo de vida do fungo <i>M. fructicola</i> em pessegueiro. UTFPR, <i>Campus</i> Pato Branco, 2011	130

APÊNDICES

APÊNDICE 01 - Genealogia dos genótipos de pessegueiro avaliados quanto à reação á podridão parda das flores e dos frutos nos ciclos produtivos 2009/2010 e 2010/2011. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Genótipo	P1	P2
Libra	Conserva 594 (<i>Capdeboscq</i> (Lake City x Intermediário) PL) x (<i>Madrugador</i> (Aldrighi x Taquari Precoce)) PL	Pepita=Precocinho PL =((<i>Diamante</i> (Convênio x Pelotas 77) PL)PL
Tropic Beauty	Fla 3-2	Flordaprince
Bonão	Conserva 594 (<i>Capdeboscq</i> (Lake City x Intermediário) PL) x (<i>Madrugador</i> (Aldrighi x Taquari Precoce)) PL	Pepita=Precocinho PL =((<i>Diamante</i> (Convênio x Pelotas 77) PL)PL
Cascata 962	Cascata 597 (<i>Cascata 546</i> x <i>C2 R22 T17</i>) PL	-
Conserva 1187	Conserva 594 (<i>Capdeboscq</i> (Lake City x Intermediário) PL) x (<i>Madrugador</i> (Aldrighi x Taquari Precoce)) PL	Granada (<i>Conserva 471</i> (Alpes x <i>Conserva 102</i>)PL))PL
Kampai	Chimarrita (<i>Babcock</i> x <i>Flordalbella</i>)	Flordaprince (Hawiiian X Oknawa)
Cascata 1063	Ametista (<i>Alpes</i> (Aldrighi X <i>Tapes</i>) x <i>RR 37.201</i>) PL	A 170
Tropic Snow	(<i>Sanny</i> x <i>Flordawon</i>)	Maravilha
Conserva 1396	Conserva 895 (<i>Precocinho</i> x <i>BR6</i>)	Turmalina (<i>Conserva 334</i> X <i>Conserva 594</i> (<i>Capdeboscq</i> x <i>Madrugador</i>)PL)
Cascata 1303	Cascata 951 (<i>Sinuelo</i> x <i>Conserva 673</i> = <i>Granito</i> PL)	Maciel (<i>Conserva 171</i> (Aldrighi X <i>Pelotas</i>) X <i>Conserva 344</i>)
Rubimel	Chimarrita (<i>Babcock</i> x <i>Flordalbella</i>)	Flordaprince
Conserva 985	Eldorado (<i>Gaudério</i> ((<i>Delicioso</i> x <i>Interlúdio</i>) PL) x <i>Serrano</i> ((<i>City Row 29</i>) PL de <i>New Jersey</i>))	Conserva 611 (<i>Conserva 253</i> (<i>Morro redondo</i> x <i>Tarumã</i>) x <i>NJC 88</i>)
Conserva 1153	Conserva 677 (<i>Brilhante</i> (Convênio x <i>Pelotas 76</i>) x <i>NJC 97</i>) PL	Granada (<i>Conserva 471</i> (Alpes X <i>Conserva 102</i>) PL) PL
Cascata 967	Sinuelo	Fla 3-2
Conserva 844	Não identificado	
Conserva 1129	Conserva 536 (<i>Cerrito</i> (Lake City x Intermediário) PL x <i>RR 53272</i>)	Diamante (<i>Convênio</i> (<i>Amsdem</i> x <i>Abóbora</i>) PL) x (<i>Pelotas 77</i> (<i>Cardeal</i> e <i>Aldrighi</i>) PL) PL
Cascata 1070	BR3 = Pala PL= (<i>Coral</i> x <i>Panamint</i>)	A 333
Cascata 1055	Chinoca (<i>Coral</i> (<i>Delicioso</i> X <i>Interlúdio</i>) PL X <i>Gang Shen Shang</i>)	Granada (<i>Conserva 471</i> (Alpes X <i>Conserva 102</i>) PL) PL
Atenas	Jade ou Conserva 533 (<i>Alpes</i> (Aldrighi X <i>Tapes</i>)X <i>RR53 272</i>)PL	-
Conserva 1434	Jade ou Conserva 533 (<i>Alpes</i> (Aldrighi X <i>Tapes</i>)X <i>RR53 272</i>)PL	A170
Conserva 1186	Granada (<i>Conserva 471</i> (Alpes x <i>Conserva 102</i>) PL))PL	Conserva 708 (<i>Conserva 334</i> x <i>Conserva 606</i> (<i>Moro Redondo</i> x <i>Madrugador</i>)PL)
Cascata 587	Sulina (<i>Princesa</i> X <i>Premier</i>)	C1R4 T135
Conserva 681	Conserva 472 (<i>Alpes</i> (Aldrighi X <i>Tapes</i>)X <i>Ouro</i>) PL	-
Conserva 871	Lord (<i>Abóbora</i> x <i>Taquari Precoce</i>) PL	Diamante (<i>Convênio</i> (<i>Amsdem</i> x <i>Abóbora</i>) PL) x (<i>Pelotas 77</i> (<i>Cardeal</i> e <i>Aldrighi</i>) PL) PL

Âmbar	Esmeralda (MS) Alpes (Aldrighi X Tapes) x RR 37.201)	Conserva 555
Santa Áurea	Cerrito (Lake City x Intermediário) PL	NJC 88
Conserva 1223	Conserva 678 (Conserva 334 X Conserva 606 (Moro Redondo X Madrugador)) PL	A 249
Conserva 1127	Maciel (Conserva 171 (Aldrighi X Pelotas) X Conserva 344)	A 320
Conserva 1216	Conserva 708 (Conserva 334 x Conserva 606 (Moro Redondo x Madrugador)PL)	Granada (Conserva 471 (Alpes X Conserva 102) PL) PL
Cascata 1065	Cascata 864 PL (Chiripá X Chimarrita (Babcock x Flordalbella))	-
Conserva 977	Não identificado	-
Conserva 655	Conserva 497 (Cerrito (Lake City x Intermediário) PL X Pioneiro (Aldrighi x Taquari Precoce)) PL	Diamante (Convênio (Amsdem x Abóbora) PL) x Pelotas 77 (Cardeal e Aldrighi) PL) PL
Conserva 688	Aldrighi	RR 37 201
Olímpia	Bolinha	7-28

APÊNDICE 02 - Análise de variância da incidência de podridão parda em flores de pessegueiro de 9 genótipos, inoculadas com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	8	3412.72	426.59**
Resíduo	27	2573.68	95.32
Total	35	5986.40	

Coeficiente de Variação (%): 14.00

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 03 - Análise de variância da incidência de podridão parda em flores de pessegueiro de 16 genótipos, inoculadas com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	15	3978.23	265.22**
Resíduo	48	2271.54	47.32
Total	63	6249.77	

Coeficiente de Variação (%): 14,54

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 04 - Análise de variância da incidência de podridão parda em flores de 4 genótipos pessegueiro submetidos a duas técnicas de avaliação da reação de flores a inoculação com *M. fructicola*. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Técnicas	1	1864.06	1864.06**
Genótipos	3	1166.14	388.73*
Técnica X Genótipo	3	956.69	318.90*
Resíduo	24	2406.28	
Total	31	6393.17	

Coeficiente de Variação (%): 16.97

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 05 - Análise de variância da incidência de podridão parda em frutos de 26 genótipos pessegueiro á 72 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	49828.22	1993,13**
Resíduo	52	7948.181	152.85
Total	77	57776.40	
Coeficiente de Variação (%): 48,28			

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 06 - Análise de variância da incidência de podridão parda em frutos de 26 genótipos pessegueiro á 120 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	44133.19	1765.33**
Resíduo	52	8484.12	163.16
Total	77	52617.31	
Coeficiente de Variação (%): 23.47			

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 07 - Análise de variância da severidade de podridão parda em frutos de 26 genótipos pessegueiro á 72 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	25.90	1.04**
Resíduo	52	2.82	0.05
Total	77	28.72	
Coeficiente de Variação (%): 57.93			

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 08 - Análise de variância da severidade de podridão parda em frutos de 26 genótipos de pessegueiro á 120 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2009/2010. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	82.70	3.31**
Resíduo	52	14.55	0.28
Total	77	97.25	
Coeficiente de Variação (%): 37.43			

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 09 - Análise de variância da incidência de podridão parda em frutos de 29 genótipos de pessegueiro á 72 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, Campus Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	86045.50	3073.05**
Resíduo	58	10514.84	181.29
Total	86	96560.33	
Coeficiente de Variação (%): 34.23			

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 10 - Análise de variância da incidência de podridão parda em frutos de 29 genótipos pessegueiro á 120 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	68582.61	2449.38**
Resíduo	58	10438.98	179,98
Total	86	70021.59	
Coeficiente de Variação (%): 22.89			

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 11 - Análise de variância da severidade de podridão parda em frutos de 29 genótipos de pessegueiro á 72 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	28.699	1.025**
Resíduo	58	3.669	0,0633
Total	86	32.368	
Coeficiente de Variação (%): 41.30			

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 12 - Análise de variância da severidade de podridão parda em frutos de 29 genótipos de pessegueiro á 120 horas após a inoculação com *M. fructicola* no ciclo produtivo 2010/2011. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	132.474	4.731**
Resíduo	58	10.491	0.181
Total	86	142.965	
Coeficiente de Variação (%): 26.31			

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 13 - Análise de variância do teor de açúcares totais dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	293052.34	11722.09**
Resíduo	78	389624.18	4995.18
Total	103	682676.52	
Coeficiente de Variação (%): 22.61			

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 14 - Análise de variância do teor de açúcares redutores dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	3808.87	152.35**
Resíduo	78	1806.86	23.16
Total	103	5815.73	
Coeficiente de Variação (%): 23.75			

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 15 - Análise de variância do teor de proteínas totais dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	973.61	38.94**
Resíduo	78	771.52	9.89
Total	103	1745.14	

Coeficiente de Variação (%): 45.83

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 16 - Análise de variância do teor de aminoácidos dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	0.015	0.00059**
Resíduo	78	0.020	0.00026
Total	103	0.035	

Coeficiente de Variação (%): 58.06

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 17 - Análise de variância do teor de fenóis totais dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	4.56	0.18**
Resíduo	78	2.27	0.29
Total	103	6.83	

Coeficiente de Variação (%): 42.39

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 18 - Análise de variância da atividade da enzima FAL dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	0.0033	0.00013 ^{ns}
Resíduo	78	0.0087	0.00011
Total	103	0.0120	

Coeficiente de Variação (%): 241.82

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 19 - Análise de variância do teor de flavonóides dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	1225.44	49.02*
Resíduo	78	1900.36	24.36
Total	103	3125.81	

Coeficiente de Variação (%): 51.14

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 20 - Análise de variância do teor de antocianinas dos frutos de 26 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	25	32.69	1,31**
Resíduo	78	29.49	0.38
Total	103	62.18	

Coeficiente de Variação (%): 105.89

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 21 - Análise de variância do teor de açúcares totais dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	323324.32	11547.30**
Resíduo	86	351513.22	4087.36
Total	114	674837.54	

Coeficiente de Variação (%): 32.47

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 22 - Análise de variância do teor de açúcares redutores dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	3144.46	112.30*
Resíduo	86	5939.30	69.06
Total	114	9083.76	

Coeficiente de Variação (%): 74.44

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 23 - Análise de variância do teor de proteínas totais dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	171.91	6.14**
Resíduo	86	51.41	0.60
Total	114	223.32	

Coeficiente de Variação (%): 53.32

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 24 - Análise de variância do teor de aminoácidos dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	0.0172	0.00061*
Resíduo	86	0.0276	0.00032
Total	114	0.0480	

Coeficiente de Variação (%): 80.98

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 25 - Análise de variância do teor de fenóis totais dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	4.76	0.17**
Resíduo	86	2.55	0.03
Total	114	7.31	

Coeficiente de Variação (%): 49.50

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 26 - Análise de variância da atividade da enzima FAL dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011..

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	0.008	0.00029*
Resíduo	86	0.014	0.00017
Total	114	0.022	

Coeficiente de Variação (%): 142.72

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 27 - Análise de variância do teor de flavonóides dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	31.61	1.129**
Resíduo	86	41.63	0.484
Total	114	73.24	

Coeficiente de Variação (%): 29.99

ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 28 - Análise de variância do teor de antocianinas dos frutos de 29 genótipos de pessegueiros avaliados no ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, *Campus* Pato Branco, 2011.

Causas de Variação	Graus de Liberdade	Soma do Quadrado	Quadrado Médio
Tratamentos	28	33.896	1.211**
Resíduo	86	38.721	0.450
Total	114	72.717	

Coeficiente de Variação (%): 133.75

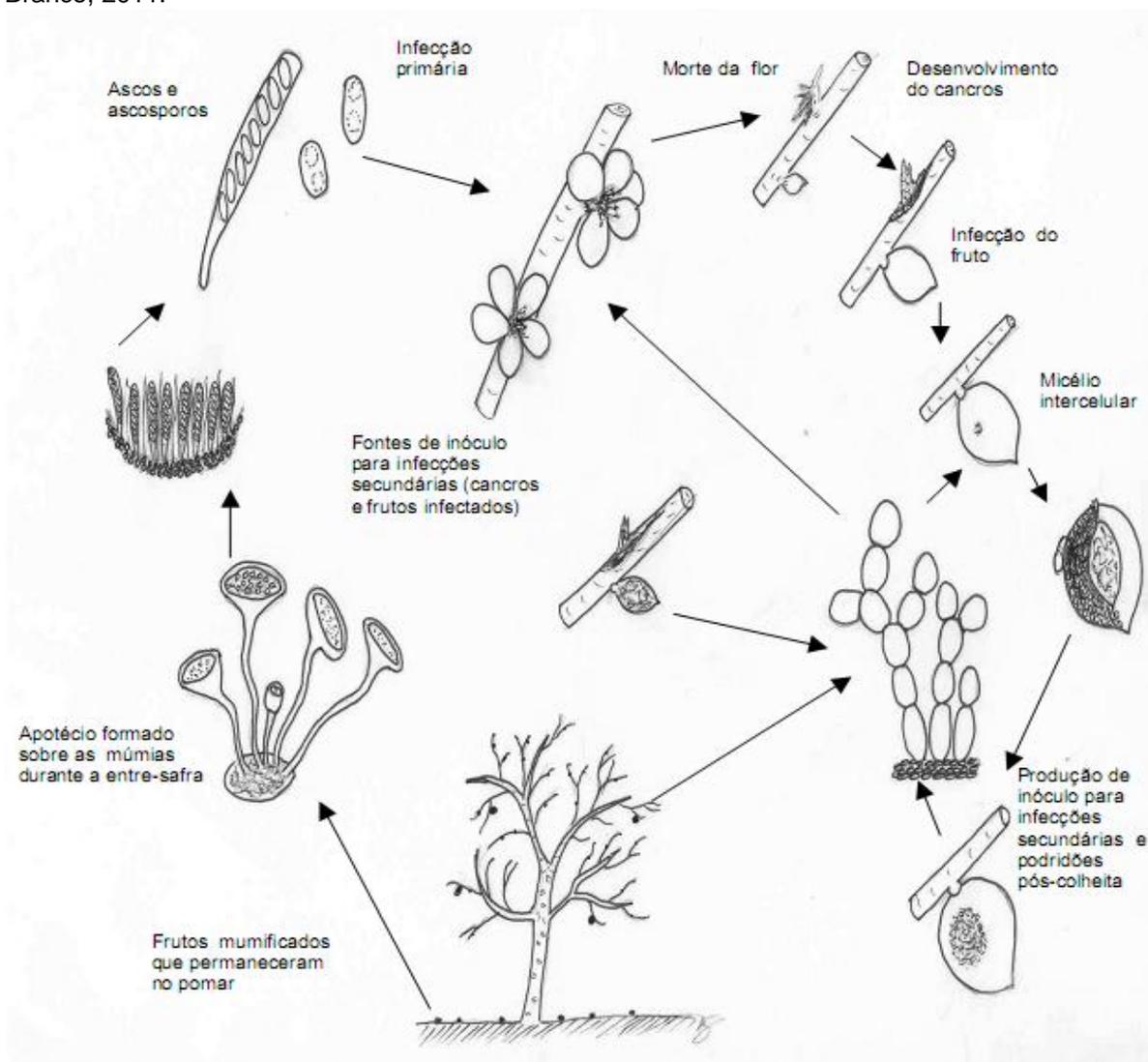
ns, *, **. Não significativo, significativo a $p \leq 0,05$, e significativo a $p \leq 0,01$, respectivamente.

APÊNDICE 29- Disposição das caixas com os frutos de pêsego em avaliação quanto à reação a podridão parda. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.



ANEXOS

ANEXO 01 - Ciclo de vida do fungo *M. fructicola* em pessegueiro. UTFPR, *Campus Pato Branco*, 2011.



Fonte: MAY-DE MIO et al., 2004