

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

ANA CAROLINA RIBEIRO DE OLIVEIRA

**ANÁLISES UNI E MULTIVARIADA PARA AVALIAÇÃO EM CRUZAMENTOS
DIALÉLICOS PARCIAIS**

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

ANA CAROLINA RIBEIRO DE OLIVEIRA

**ANÁLISES UNI E MULTIVARIADA PARA AVALIAÇÃO EM
CRUZAMENTOS DIALÉLICOS PARCIAIS**

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

Orientador: Paulo Roberto Cecon

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da
Universidade Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

O48a
2020

Oliveira, Ana Carolina Ribeiro de, 1991-

Análises uni e multivariada para avaliação em cruzamentos dialélicos parciais / Ana Carolina Ribeiro de Oliveira. – Viçosa, MG, 2020.

90 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Paulo Roberto Cecon.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. *Capsicum annuum* . 2. Análise de regressão. 3. Modelos não lineares (Estatística). 4. Mapas auto-organizáveis.

5. Diversidade genética. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Estatística. Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria. II. Título.

CDD 22. ed. 635.6432

ANA CAROLINA RIBEIRO DE OLIVEIRA

**ANÁLISES UNI E MULTIVARIADA PARA AVALIAÇÃO EM
CRUZAMENTOS DIALÉLICOS PARCIAIS**

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

APROVADA: 18 de fevereiro de 2020.

Assentimento:



Ana Carolina Ribeiro de Oliveira
Autora



Paulo Roberto Cecon
Orientador

*Dedico este trabalho aos meus pais, Antenor e Lucinea,
por todo amor e incentivo.*

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, pela companhia ao longo desta jornada, guiando-me e fortalecendo-me.

Aos meus pais, Antenor e Lucinea, pelas orações, amor, incentivo, confiança e pelos sacrifícios em todos os momentos.

A minha irmã, Luana, pelo companheirismo, amor e incentivo. Sem dúvida, eu não seria a mesma sem ela.

Aos meus familiares, em especial, minhas avós, Creusa e Carolina, pelas orações, carinho e inspiração. Vocês são raios de luz na minha vida.

Ao Vinícius pelo companheirismo, amor e paciência.

Aos amigos e colegas do programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria, pelas horas de estudo e descontração.

Aos amigos do Grupo de Estudos em Estatística Aplicada e Biometria (GESTBIO), pelo convívio diário e enriquecedor no âmbito profissional e pessoal. Com votos de que sejam profissionais prósperos e realizados.

As amigas do Jajá mais que sincera, Gabriela, Gabriely, Jaquicele, Jhennifer, Leísa e Roberta, por todos os momentos de alegria, companheirismo, conversas, apoio e confiança.

As parceiras do Laboratório de Pós-Colheita do Departamento de Fitotecnia, Maria Eduarda e Ana Izabelle, pelo auxílio na condução e avaliação do experimento ao longo desses quatro anos.

Aos técnicos do Laboratório de Pós-Colheita do Departamento de Fitotecnia pelo auxílio na condução do experimento.

Ao professor Mário Puiatti, pelo suporte durante a condução do experimento em casa de vegetação.

Ao professor, orientador e incentivador, Paulo Roberto Cecon, pelos ensinamentos e confiança, durante os seis anos de parceria.

Ao coorientador, Cosme Damião Cruz, pela contribuição à pesquisa e todas sugestões e correções.

Ao coorientador, Fernando Luiz Finger, pela disponibilização de recursos para a execução do experimento e contribuição à pesquisa.

Aos membros da banca examinadora, Adésio Ferreira, Antônio Policarpo Souza Carneiro, Eveline Teixeira Caixeta Moura e Sebastião Martins Filho, pela disponibilidade e sugestões enriquecedoras.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria, pela minha formação acadêmica.

Ao secretário, Júnior José Pires, pela amizade e apoio ao longo desta jornada.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria, pela oportunidade.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

A todos que de alguma forma tornaram este trabalho e conseqüente titulação uma conquista palpável.

“Peça a Deus que abençoe os seus planos e eles darão certo.”

Provérbios 16:3

BIOGRAFIA

ANA CAROLINA RIBEIRO DE OLIVEIRA, filha de Antenor Henriques de Oliveira e Lucinea Rodrigues Ribeiro de Oliveira, nasceu em Cataguases, Minas Gerais, em 08 de maio de 1991.

Em março de 2009, ingressou no curso de Bacharelado em Agronomia na Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre - ES, graduando-se em fevereiro de 2014.

Em março do mesmo ano, iniciou o curso de Mestrado no Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa - MG, submetendo-se à defesa de dissertação em 23 de fevereiro de 2016.

Em março de 2016, iniciou o curso de Doutorado no Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa de tese em 18 de fevereiro de 2020.

RESUMO

OLIVEIRA, Ana Carolina Ribeiro de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2020. **Análises uni e multivariada para avaliação em cruzamentos dialélicos parciais**
Orientador: Paulo Roberto Cecon.

A espécie *Capsicum annuum* L. ocupa uma posição representativa no mercado brasileiro de hortaliças. Assim, com o intuito de atender às exigências do mercado, faz-se necessário o desenvolvimento de novas cultivares, e isso dependerá, da variabilidade genética presente na população em estudo. Neste sentido, o estudo da diversidade genética entre os indivíduos por meio da adoção de técnicas multivariadas, tais como: a análise de agrupamentos e os mapas auto-organizáveis de Kohonen, tornam-se importantes, sobretudo, para seleção de genitores adequados à obtenção de híbridos, com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de transgressivos. Ademais, o uso de cruzamentos dialélicos propiciam estimativas de parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação e entendimento da ação gênica envolvida na determinação dos caracteres de interesse. As metodologias de Griffing (1956) e Gardner e Eberhart (1966) fornecem informações sobre a capacidade combinatória (geral e específica) e a heterose, respectivamente. Deste modo, objetivou-se avaliar o desempenho de nove genótipos de *C. annuum* e seus 20 híbridos, obtidos via cruzamentos dialélicos parciais, por meio de caracteres do fruto. O experimento I foi conduzido em casa de vegetação sob delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições. Foram avaliados nove genótipos de *Capsicum annuum* L., sendo eles: Pimenta Vulcão, Pimenta Cayene, Pimenta Peter, Pimenta Picante para vaso, Pimenta Jamaica Yellow, Pimenta Doce Italiana, Pimentão Quadrado, Pimentão Cascadura Ikeda e Pimentão Rubi Gigante. Os caracteres avaliados foram: peso total do fruto (PTF, g), comprimento do fruto (CF, mm), largura do fruto (LF, mm), espessura do pericarpo (ESP, mm), número de sementes por fruto (NSF), massa da matéria total do fruto fresca (MTF, g) e porcentagem da massa da matéria total do fruto seca (%MTS, g). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo critério de Scott-Knott ($p < 0,05$), para a separação de médias de tratamentos em grupos distintos, por meio da minimização da variação dentro e maximização da variação entre grupos. Para o estudo da diversidade genética, foi adotado a distância de Mahalanobis; os métodos de agrupamento da ligação média entre grupos (UPGMA) e Tocher; e os mapas auto-organizáveis de Kohonen. Observou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos de *Capsicum annuum* L.; e a formação de dois e quatro grupos, pelos métodos UPGMA e Tocher, respectivamente. A organização da

similaridade, estabelecida pelo mapa auto-organizável de Kohonen, apresentou grande potencial no processo de direcionamento de genitores para formação dos dialelos, ao realçar as separações dos grupos de genótipos. O experimento II foi conduzido em casa de vegetação sob delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições. Foram avaliados nove genótipos de *Capsicum annuum* L. e suas combinações híbridas, por meio de um dialelo parcial (5x4). Pela metodologia de Griffing, adaptada por Geraldi e Miranda Filho (1988), verifica-se que os genótipos ‘Pimentão Quadrado’, ‘Pimenta Jamaica Yellow’, ‘Pimenta Picante para vaso’, ‘Pimenta Cayene’ e ‘Pimenta Peter’ apresentaram os maiores valores de capacidade geral de combinação (CGC), o que os torna potenciais pais em programas de melhoramento de novos híbridos. Os híbridos ‘Pimenta Cayene x Pimentão Cascadura Ikeda’, ‘Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Cascadura Ikeda’ e ‘Pimenta Picante para vaso x Pimentão Quadrado’ destacaram-se pelo melhor desempenho, com as melhores capacidades específicas de combinação e com pelo menos um dos pais com alta CGC, para os caracteres CF, LF e NSF, e %MTS, respectivamente. Adotando-se a metodologia de Gardner e Eberhart, adaptada por Miranda Filho e Geraldi (1984), observa-se que os genótipos ‘Pimentão Quadrado’ e ‘Pimenta Picante para vaso’ apresentaram maior potencial *per se*, considerando todos os caracteres, e entre os efeitos de heterose específica os cruzamentos ‘Pimenta Vulcão x Pimentão Quadrado’ e ‘Pimenta Cayene x Pimentão Quadrado’ têm efeitos positivos para 77% dos caracteres avaliados. Por fim, foram realizados o ajuste de modelos de regressão não linear para descrever o crescimento de pimentas (*Capsicum annuum* L.) ao longo do tempo, por meio do método dos mínimos quadrados ordinários (MQO); a identificação do modelo com melhor ajuste e a comparação do modelo obtido por MQO com o modelo via regressão quantílica não linear (RQ), nos quantis 0,25, 0,5 e 0,75. Como resultados, os modelos de regressão não linear Logístico e von Bertalanffy foram indicados para descrever o crescimento de pimentas. A RQ foi eficiente para ajustar modelos de crescimento, quando comparada à regressão não linear obtida por mínimos quadrados ordinários.

Palavras-chave: *Capsicum annuum* L. Regressão quantílica. Modelos não lineares. Mapa de Kohonen. Diversidade genética.

ABSTRACT

OLIVEIRA, Ana Carolina Ribeiro de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2020. **Univariate and multivariate analyzes for evaluation in partial diallel crosses.** Adviser: Paulo Roberto Cecon.

The *Capsicum annuum* L. species occupies a representative position in the Brazilian vegetable market. Thus, in order to meet market requirements, it is necessary to develop new cultivars, and this will depend on the genetic variability present in the study population. In this sense, the study of genetic diversity among individuals through the adoption of multivariate techniques, such as: cluster analysis, Kohonen's self-organizing maps, become important, above all, for the selection of suitable parents to obtain hybrids, with greater heterotic effect and that provide greater segregation in recombination, allowing the appearance of transgressors. In addition, the use of diallel crosses provides estimates of parameters useful in the selection of parents for hybridization and understanding of the gene action involved in determining the characters of interest. Griffing's (1956) and Gardner and Eberhart (1966) methodologies provide information on combining ability (general and specific) and heterosis, respectively. Thus, the objective was to evaluate the performance of nine genotypes of *C. annuum* and its 20 hybrids, obtained via partial diallel crosses, using fruit characters. Experiment I was conducted in a greenhouse under a completely randomized design, with four replications. Nine genotypes of *Capsicum annuum* L. were evaluated, they are: *Pimenta Vulcão*, *Pimenta Cayene*, *Pimenta Peter*, *Pimenta Picante para vaso*, *Pimenta Jamaica Yellow*, *Pimenta Doce Italiana*, *Pimentão Quadrado*, *Pimentão Cascadura Ikeda* and *Pimentão Rubi Gigante*. The evaluated characters were: total fruit weight (PTF, g), fruit length (CF, mm), fruit width (LF, mm), pericarp thickness (ESP, mm), number of seeds per fruit (NSF) , mass of total fresh fruit matter (MTF, g) and percentage of total dry fruit mass (%MTS, g). The data obtained were submitted to analysis of variances and the means compared by the Scott-Knott criterion ($p < 0.05$), for the separation of treatment means in different groups, by minimizing the variation within and maximizing variation between groups. For the study of genetic diversity, the Mahalanobis distance; the methods of grouping the average link between groups (UPGMA) Tocher were adopted; and Kohonen's self-organizing maps. It was observed the existence of genetic variability between the genotypes of *Capsicum annuum* L. ; and the formation of two and four groups, by the UPGMA and Tocher methods, respectively. The organization of similarity, established by Kohonen's self-organizing map, presented great potential in the process of directing parents to form dialects, by highlighting the separations of groups of genotypes. Experiment II was conducted in a greenhouse under a

completely randomized design, with four replications. Nine *Capsicum annuum* L. genotypes and their hybrid combinations were evaluated using a partial diallel (5x4). Using the Griffing methodology, adapted by Geraldi and Miranda Filho (1988), it appears that genotypes '*Pimentão Quadrado*', '*Pimenta Jamaica Yellow*', '*Pimenta Picante para vaso*', '*Pimenta Cayene*' and '*Pimenta Peter*' showed the highest values of general combining ability (CGC), which makes them potential parents for be used in breeding programs for new hybrids. The '*Pimenta Cayene x Pimentão Cascadura Ikeda*', '*Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Cascadura Ikeda*' and '*Pimenta Picante para vaso x Pimentão Quadrado*' hybrids stood out for their best performance, with the best specific combining capabilities and with at least one parent with high CGC, for the characters CF, LF and NSF, and %MTS, respectively. Adopting the Gardner and Eberhart methodology, adapted by Miranda Filho and Geraldi (1984), it is observed that genotypes '*Pimentão Quadrado*' and '*Pimenta Picante para vaso*' showed greater potential per se, considering all characters, and among the effects of specific heterosis, '*Pimenta Vulcão x Pimentão Quadrado*' crosses and '*Pimenta Cayene x Pimentão Quadrado*' have positive effects for 77% of the evaluated characters. Finally, nonlinear regression models were adjusted to describe the growth of peppers (*Capsicum annuum* L.) over time, using the method of ordinary least squares (OLS); the identification of the model with the best fit and comparison of the model obtained by OLS with the model via nonlinear quantile regression (QR), in the 0.25, 0.5 and 0.75 quantiles. As a result, the Logistic and von Bertalanffy nonlinear regression models were indicated to describe the growth of peppers. The QR was efficient to adjust growth models, when compared to the nonlinear regression obtained by ordinary least squares.

Keywords: *Capsicum annuum* L. Quantile regression. Nonlinear models. Kohonen map. Genetic diversity.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	13
REVISÃO DE LITERATURA.....	16
1 CAPSICUM SPP.	16
1.1 A cultura	16
1.2 Mercado Consumidor	18
1.3 Aspectos Socioeconômicos	19
1.4 Melhoramento genético	20
2 DIVERSIDADE GENÉTICA	21
3 MAPAS AUTO-ORGANIZÁVEIS DE KOHONEN	26
4 DIALELOS.....	27
5 REGRESSÃO NÃO LINEAR	33
6 REGRESSÃO QUANTÍLICA NÃO LINEAR.....	35
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	36
CAPÍTULO 1.....	46
Estudo de diversidade genética por métodos multivariados e redes neurais artificiais em frutos de pimenteiras.....	46
RESUMO	46
ABSTRACT	47
INTRODUÇÃO.....	48
MATERIAL E MÉTODOS.....	49
RESULTADOS E DISCUSSÃO	50
CONCLUSÃO.....	55
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	56
CAPÍTULO 2.....	59
Capacidade combinatória e heterose de genótipos de pimenteiras.....	59
RESUMO	59
ABSTRACT	60
INTRODUÇÃO.....	61
MATERIAL E MÉTODOS.....	62
RESULTADOS E DISCUSSÃO	64
CONCLUSÃO.....	74
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	74
CAPÍTULO 3.....	78
Modelos não lineares baseados em quantis aplicados no ajuste de curvas de crescimento de pimentas.....	78
RESUMO	78
ABSTRACT	78
INTRODUÇÃO.....	79
MATERIAL E MÉTODOS.....	80
RESULTADOS E DISCUSSÃO	81
CONCLUSÃO.....	87
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	87
CONCLUSÕES GERAIS	90

INTRODUÇÃO GERAL

Os representantes do gênero *Capsicum*, pimentas e pimentões, correspondem a uma das principais culturas consumidas e cultivadas no mundo, contendo aproximadamente 50.000 variedades. Economicamente, é o gênero mais importante da família Solanaceae (ANTONIO; WIEDEMANN; VEIGA JUNIOR, 2018), composto por cerca de 40 espécies (THE PLANT LIST, 2010). Nos últimos anos, a produção mundial de *Capsicum* aumentou em termos de área colhida e rendimento (JARRET et al., 2019). Atualmente, a Ásia contribui com 67,9% da produção mundial de *Capsicum* (fruto fresco), enquanto as Américas, Europa, África e Oceania contribuem com 13,7%, 8,7%, 9,4% e 0,2%, respectivamente. Em relação à produção de fruto seco, temos que, a Ásia contribui com 72,5%, seguida pela África, Europa, as Américas e Oceania (FAO, 2018).

No melhoramento genético de *Capsicum* spp., destaca-se o método de hibridação, cujos desafios envolvem a seleção de cultivares com alta produção, a proteção contra estresses bióticos e abióticos e, a melhoria da qualidade do fruto, de acordo com a finalidade da indústria ou para consumo *in natura* (RÊGO; FINGER; RÊGO, 2011). A obtenção de híbridos mostra-se a melhor estratégia para um efeito imediato sobre a produtividade e a qualidade dos frutos de *Capsicum*, além de formar uma população base para a seleção de indivíduos segregantes (SANTOS et al., 2017).

Ademais, para o estabelecimento de um programa de melhoramento, é necessário uma avaliação do potencial genético dos indivíduos e do comportamento de transmissão dos caracteres de interesse. Para isso, adotam-se estudos de diversidade genética, de capacidade geral e específica de combinação, e de heterose à nível de indivíduo, bem como os estudos de herdabilidade, de correlações e regressão para os caracteres.

Na literatura, estudos de diversidade genética em *Capsicum* spp. foram relatados por vários autores, Andrade Júnior et al. (2018), Luz et al. (2018), Pessoa et al. (2018) e Oliveira et al. (2019) entre outros. Faria et al. (2012) compararam três métodos de agrupamento para determinação do número de grupos e observaram que o método RMSSTD (*Root Mean Square Standard Deviation*) permitiu concluir sobre a existência de sete grupos, evidenciando um maior poder de discriminação, em relação ao método de otimização de Tocher (quatro grupos) e ao método de Mojena (três grupos). Faria et al. (2013) avaliaram 49 acessos de pimenta (*Capsicum chinense* Jacq.), pertencentes ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV), quanto a quatro características (capsaicina total, teor de sólidos solúveis, vitamina C, cor extraível) que conferem qualidade, e observaram a

formação de 19, 3, 3 e 5 grupos, respectivamente. Os autores concluíram que o teor de capsaicina total foi o caractere que mais influenciou na divergência. Carvalho et al. (2017) avaliaram a divergência genética de acessos de pimenta (*Capsicum* spp.) na fase vegetativa, pertencentes ao Banco de Germoplasma da Universidade Federal de Uberlândia, por meio de análise multivariada e testaram a eficiência de diferentes métodos. Foram avaliados 65 acessos pertencentes ao Banco de Germoplasma de *Capsicum* spp. da Universidade Federal de Uberlândia. Os autores concluíram que os métodos de agrupamento UPGMA, Tocher e componentes principais foram eficientes e convergentes na identificação de grupos distintos na fase vegetativa de acessos de pimenta.

Estudos dialélicos em *Capsicum* spp. foram desenvolvidos por: Nascimento et al. (2010), Nascimento et al. (2011), Medeiros et al. (2014), Nascimento et al. (2014), Nascimento et al. (2015), Ganefianti e Fahrurrozi (2018) entre outros. Rohini et al. (2017) avaliaram seis genótipos parentais e seus trinta híbridos (F₁) obtidos em um dialelo completo com recíprocos, para estimar a capacidade de combinação de cinco caracteres quantitativos e qualitativos em pimenta (*Capsicum annuum* L.). Os resultados sugeriram que a produção comercial de híbridos de pimenta picante e o isolamento de linhagens puras desses híbridos são uma maneira possível de aumentar o rendimento e a qualidade dos frutos. Silva et al. (2017) avaliaram seis acessos e seus 15 híbridos obtidos a partir de cruzamentos dialélicos (sem recíprocos), por meio de oito caracteres associados ao uso ornamental. Esses autores concluíram que os efeitos aditivos e de dominância foram importantes no controle dos caracteres estudados indicando a exploração de híbridos, assim como, o desenvolvimento de linhagens superiores a partir do avanço das gerações segregantes. Ademais, valores de heterose negativos resultaram na redução da altura, no tempo para florescimento e frutificação, diâmetro e comprimento do fruto, desejáveis para o programa de melhoramento de *Capsicum* para fins ornamentais.

Trabalhos que envolvem análises de regressão não linear em *Capsicum*, Wubs et al. (2012), Silva et al. (2015) entre outros.

Entretanto, constata-se a existência de poucos trabalhos envolvendo genótipos comerciais de *Capsicum* e suas potencialidades em produzir novas cultivares, impulsionando a implementação de estudos com vistas ao melhoramento genético destes genótipos.

Diante do exposto, o objetivo geral deste trabalho foi avaliar o desempenho de nove genótipos de *Capsicum annuum* L. e suas 20 combinações híbridas, obtidas via cruzamentos dialélicos parciais (5x4). Os objetivos específicos foram: estimar a divergência genética visando seleção de genitores para cruzamentos dialélicos de genótipos comerciais de *Capsicum annuum* L.; estimar a capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de

combinação (CEC) e os componentes de heterose e, ajustar modelos de regressão não linear para modelar o crescimento em comprimento do fruto (CF) e largura do fruto (LF) de genótipos de pimenta (*C. annuum* L.).

Desta forma, este trabalho está dividido em quatro partes: Revisão de Literatura, Capítulo 1, Capítulo 2 e Capítulo 3.

No primeiro capítulo, avaliou-se o potencial de genótipos de *Capsicum annuum* L. para fins de melhoramento genético, por meio da existência de variabilidade para cada caractere em estudo, bem como a diversidade genética multivariada como critério de predição do potencial de populações híbridas e segregantes.

No segundo capítulo, adotou-se o modelo de Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho, para obter as estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). Além da adaptação da metodologia desenvolvida por Gardner e Eberhart (1966), proposta por Miranda Filho e Geraldi (1984), para avaliar os componentes de heterose; em um dialelo parcial 5x4 envolvendo nove genótipos comerciais de *Capsicum annuum* L. e suas combinações híbridas.

No terceiro capítulo, os objetivos foram ajustar modelos de regressão não linear para descrever o crescimento de pimentas (*C. annuum* L.) ao longo do tempo, por meio do método dos mínimos quadrados ordinários (MQO); identificar o modelo com melhor ajuste, e posteriormente, compará-lo ao obtido via regressão quantílica não linear (RQ), nos quantis 0,25, 0,5 e 0,75.

REVISÃO DE LITERATURA

1 *Capsicum* spp.

1.1 A cultura

A palavra *Capsicum* deriva do grego *Kapso* (picar) ou *Kapsakes* (cápsulas) e a palavra pimenta derivada do latim *pimenta*, plural de *pimentum*, corante (NUEZ; ORTEGA; COSTA, 1996).

O gênero *Capsicum*, pertencente à família Solanaceae, compreende cerca de 40 espécies (THE PLANT LIST, 2010). Dessas, cinco são consideradas domesticadas: *Capsicum annuum* L., *C. chinense* Jacq., *C. frutescens* L., *C. baccatum* L. e *C. pubescens* Ruíz & Pav (ESHBAUGH, 1993, BOSLAND; VOTAVA, 2012).

O centro de origem do gênero *Capsicum* corresponde ao hemisfério ocidental, sendo seus representantes utilizados na alimentação desde 7500 a.C. De modo específico, são considerados nativos da América do Sul. Acredita-se que Colombo tenha introduzido o gênero *Capsicum* na Europa, que se dispersou para a África e a Ásia (SRIVASTAVA; MANGAL, 2019).

Especificamente, o centro de origem da espécie *Capsicum annuum* é o México (KANASHIRO et al., 2016). Com base nas linhas de evidências: genética, paleo-biolinguística, ecológica e arqueológica, Kraft et al. (2014) relataram que a domesticação da espécie *C. annuum* ocorreu pela primeira vez no centro-leste do México, perto da Caverna Coxcatlán e Cavernas Ocampo. Essa espécie é a mais cultivada e com maior variabilidade genética em relação às demais espécies domesticadas. Apresenta duas formas botânicas: *C. annuum* var. *annuum*, que inclui pimentas e pimentões, e *C. annuum* var. *glabriusculum*, representada por pimentas ornamentais (REIFSCHNEIDER, 2000, PARAN; KNAAP, 2007).

O centro de origem de *Capsicum chinense* é a América tropical, sendo a espécie mais comum encontrada na Amazônia. A origem de *C. frutescens* ocorreu nas Américas tropical e sub-tropical, enquanto de *C. baccatum* na América do Sul e de *C. pubescens* a partir dos Andes (REIFSCHNEIDER, 2000).

As plantas de *Capsicum* apresentam ciclo de vida do tipo perene, em ambientes naturais (BOSLAND, 1996), entretanto, em escala comercial, o ciclo de vida compreende cerca de doze meses, ou seja, do tipo anual (RÊGO; FINGER; RÊGO, 2011). A colheita é realizada entre 90-120 dias após a plantio.

O porte é do tipo arbustivo, sendo a altura e a forma de crescimento destas plantas influenciadas pelas condições de cultivo. O sistema radicular é pivotante, com ramificações laterais, podendo atingir profundidades de 70-120 cm (LOPES et al., 2007) e o caule do tipo lenhoso à semilenhoso. As folhas apresentam características variadas, em geral a coloração abrange diferentes tonalidades de verde (PICKERSGRILL, 2007); quanto ao formato, pode-se variar de ovalado, lanceolado a deltóide (LOPES et al., 2007).

As flores possuem o aparelho reprodutor masculino (androceu) e o feminino (gineceu), sendo, portanto, denominadas hermafroditas, com o sistema reprodutivo do tipo autofecundação. As plantas não exibem depressão por endogamia, ou seja, diminuição da habilidade de sobrevivência e reprodução após ciclos sucessivos de autofecundação, e as espécies exibem protoginia – o gineceu atinge a maturidade antes do androceu, podendo ser submetidas à fecundação cruzada (RÊGO; FINGER; RÊGO, 2011).

Na espécie *C. annuum* var *annuum* visualiza-se apenas uma flor por nó, e na antese os pedicelos podem ser eretos, pendentes ou inclinados. De modo geral, a corola possui coloração branca e as anteras são azuladas (LOPES et al., 2007).

Os frutos possuem múltiplas formas, colorações, tamanhos e pungência, geralmente pendentes, com polpa firme, sementes de cor clara e, cujos cálices são pouco dentados e não possuem constrição anelar na junção do pedicelo (LOPES et al., 2007, CARVALHO; BIANCHETTI, 2008). Em geral, os frutos são do tipo baga, de estrutura oca e forma lembrando uma cápsula (LOPES et al., 2007).

As pimentas, em sua maioria, possuem sabor pungente devido à presença de substâncias denominadas capsaicinóides (REIFSCHNEIDER, 2000). Dentre os catorze capsaicinóides, a capsaicina é predominante nos frutos (70%), sendo a principal responsável pelo ardor característico do fruto, seguida pela dihidrocapsaicina (20%), a segunda maior responsável pela ardência. Esses dois alcaloides juntos representam aproximadamente 90% do total de capsaicinóides do fruto (ZEWDIE; BOSLAND, 2001).

A capsaicina está presente na superfície da placenta (tecido localizado na parte interna do fruto), sendo liberada quando o fruto sofre algum dano. Embora as sementes não sejam fonte de capsaicinóides, devido à proximidade com a placenta absorvem estes compostos e também conferem sensação de ardência (REIFSCHNEIDER, 2000, RIBEIRO et al., 2008, CARVALHO; BIANCHETTI, 2008).

Segundo Nwokem et al. (2010), a pungência é uma característica de qualidade para ambos mercados (*in natura* e de processados), caracterizado como o principal princípio ativo que representa as propriedades organolépticas e farmacêuticas. Para avaliação da pungência,

vários métodos foram propostos tais como, o teste organoléptico de Scoville, por colorimetria e cromatografia de camada fina, papel, gás-líquido e líquido-líquido.

1.2 Mercado Consumidor

No Brasil, a maior parte da comercialização de pimentas é realizada entre o produtor e o mercado varejista, logo, não se conhece com precisão a dimensão desse mercado. No comércio *in natura* há uma rede de distribuição que envolve os Centros de Abastecimento (CEASA), o varejo e as indústrias. Nesse processo, é comum a presença de intermediadores. No mercado de pimentas processadas, encontra-se desde empresas familiares, ou de pequeno porte, até grandes empresas exportadoras. As pimentas são comercializadas na forma de conservas, molhos, doces, geleias, páprica, pasta e conservas ornamentais (RÊGO; RÊGO; FINGER, 2016).

Rêgo, Finger e Rêgo (2011) mencionaram as principais características de qualidade de frutos e da planta, visando os diferentes tipos de consumo. Para o consumo do fruto fresco são analisadas as seguintes características: cor, pungência, forma, tamanho, número de frutos, sabor, espessura do exocarpo, razão endocarpo/sementes, vitaminas A e C e produtividade. Para o consumo do fruto processado analisa-se cor, pungência, sabor, espessura do pericarpo, teor de sólidos solúveis, razão endocarpo/sementes e produtividade. E para o consumo do fruto seco (inteiro ou moído), avalia-se as características de cor, pungência, sabor, peso seco, razão endocarpo/sementes, baixo teor de fibra, teor de sólidos solúveis e produtividade.

O mercado para as pimentas é segmentado e diversificado, em razão da grande variedade de produtos e subprodutos, usos e formas de consumo (*in natura*, processada e ornamentais). Além disso, é bastante dinâmico devido à exploração de novos tipos de pimentas e ao desenvolvimento de produtos com grande valor agregado (NEITZKE et al., 2015). Os produtos à base de pimentas incluem molhos, conservas, pápricas, pimenta calabresa, frutos desidratados, geleias, pasta de pimenta, além de a pimenta ser um ingrediente presente em diversos produtos alimentícios e ingrediente ativo na formulação de produtos farmacêuticos e cosméticos. Os frutos de *Capsicum* são fontes importantes de antioxidantes, vitamina C, carotenoides e vitamina E, além de estimulantes alimentares e auxiliares de digestão (RÊGO; FINGER; RÊGO, 2011).

1.3 Aspectos Socioeconômicos

A produção mundial de *Capsicum* em 2018 foi de 4.164.594 toneladas (secos) e 36.771.482 toneladas (frutos frescos), sendo os maiores produtores do continente asiático (Tabela 1) (FAO, 2018).

Dentre as espécies domesticadas, a *C. annum* L. se destaca em importância econômica e área cultivada (KANASHIRO et al., 2016).

Tabela 1. Área plantada (ha), produtividade (kg.ha⁻¹) e produção (t) de frutos secos e frescos de *Capsicum* no mundo, em 2018 (FAO, 2018)

Continente	Fruto	Área plantada (ha)	Produtividade (kg.ha ⁻¹)	Produção (t)
África	Seco	356.355	25.872	921.963
	Fresco	311.757	111.564	3.478.095
América	Seco	40.151	26.641	106.965
	Fresco	243.025	206.950	5.029.394
Ásia	Seco	1.310.183	23.046	3.019.423
	Fresco	1.326.527	188.397	24.991.347
Europa	Seco	69.643	16.691	116.238
	Fresco	106.904	301.149	3.219.399
Oceania	Seco	2	20.252	4
	Fresco	2.210	240.921	53.247
Total	Seco	1.776.334	23.445	4.164.594
	Fresco	1.990.423	184.742	36.771.482

O mercado de pimentas envolve o segmento de comercialização *in natura*, no atacado e varejo, sob influência dos hábitos alimentares regionais. E também, o segmento de processados ou industrializados para a fabricação de uma gama de produtos do tipo alimentício, farmacêutico, cosmético e ornamental (CASALI; COUTO, 1984; RIBEIRO et al., 2008).

No Brasil, o cultivo de pimenta é relevante do ponto de vista da rentabilidade, principalmente quando o produtor agrega valor ao produto, e também, do ponto de vista social, ao empregar expressiva mão-de-obra. Além de reduzir o êxodo rural, fomentar a contratação sazonal de mão-de-obra durante os períodos de colheita e gerar emprego com o estabelecimento de indústrias de processamento (RÊGO; FINGER; RÊGO, 2011; RÊGO; RÊGO; FINGER, 2016).

1.4 Melhoramento genético

O melhoramento de *Capsicum* tem sido desenvolvido com ênfase na espécie *C. annuum* L., com pouca pesquisa sendo conduzida em outras espécies (RODRIGUES et al., 2012). Em geral, o foco dos programas de melhoramento para as cultivares de pimenta e pimentão (*Capsicum annuum* L.) engloba os caracteres referentes à produtividade, a resistência a doenças, a qualidade e ao teor de capsaicina dos frutos (MINAMIYAMA; TSURO; HIRAI, 2006; RODRIGUES et al., 2012).

A escolha do método de melhoramento de uma espécie dependerá do modo de reprodução. Em plantas autógamas, como as pimenteiras, o método de hibridação é utilizado para a obtenção de novas fontes de variabilidade. O sucesso de um programa de melhoramento por hibridação envolve basicamente três processos: a escolha do genitor, do germoplasma disponível e do conhecimento do controle genético dos caracteres de interesse (RÊGO; RÊGO; FINGER, 2016).

No Brasil, o cultivo de plantas híbridas compreende cerca de 40% da área cultivada com hortaliças. Para o gênero *Capsicum*, os híbridos de pimenta e pimentão já ultrapassaram 50% e 25%, respectivamente, de todas as sementes comercializadas (CABRAL et al., 2017). O uso de híbridos é resultado da preferência dos produtores devido à produtividade, qualidade e uniformidade da produção de frutos, bem como resistência a doenças presentes em híbridos comerciais, derivados de um efeito heterótico favorável na expressão desses caracteres (NASCIMENTO et al., 2004; CHARLO et al., 2011).

Vários estudos foram desenvolvidos nos últimos anos com o objetivo de fomentar o melhoramento genético de *Capsicum*, entre eles, Reifschneider, Lopes e Ribeiro (2016) analisaram a origem, o desenvolvimento e os principais resultados do programa de melhoramento de *Capsicum* da Embrapa Hortaliças, e concluíram que os desafios enfrentados e lições aprendidas servirão como pontos de reflexão para outros programas similares. Domenico et al. (2012) avaliaram a existência de variabilidade em pimenta de cheiro para características agronômicas e conteúdo de capsaicina, em nove acessos de *Capsicum chinense* do Banco Ativo de Germoplasma de pimentas do Instituto Agrônomo (IAC). Os autores observaram alta variabilidade em pimenta de cheiro para características agronômicas e conteúdo de capsaicina; o acesso IAC 1552 apresentou o maior conteúdo de capsaicina, resultado inédito para uma pimenta de cheiro brasileira. Além disso, sugeriram que estudos numa mesma coleção de pimenta de cheiro sejam conduzidos em diferentes locais e condições edafoclimáticas a fim de avaliar o efeito do ambiente. Silva Neto et al. (2014) avaliaram 54 plantas de uma geração F₂ de pimenteiras ornamentais (*Capsicum annuum* L.), por meio de

caracteres morfoagronômicos. Os autores identificaram a existência de variabilidade entre as plantas estudadas, sendo possível praticar seleção dentro da família. Campos et al. (2016) avaliaram a variabilidade genética em 21 acessos de *Capsicum* spp, por meio de marcadores moleculares, caracteres morfológicos e agronômicos. Esses autores relataram que a análise conjunta dos dados foi mais eficiente na determinação das relações genéticas entre os acessos. Além disso, observaram a ausência de duplicatas nas coleções de trabalhos da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), resultado que permite a utilização em programas de melhoramento de *Capsicum*. Araújo et al. (2018) avaliaram a diversidade genética de 20 variedades crioulas de pimenta Murupi e identificaram o potencial dessas para melhoramento via seleção ou cruzamentos. Esses autores sugerem que as variedades podem ser agrupadas em pelo menos seis grupos. Portanto, esforços adicionais deveram ser direcionados à sua conservação e reprodução. Além disso, destacaram que, o método de hibridação pode ser o melhor e mais rápido para o melhoramento destas variedades.

2 Diversidade Genética

Diversidade genética pode ser definida como a variação de sequências genômicas nos indivíduos de uma mesma espécie. A presença de variação genética nos indivíduos fornece um conjunto de marcadores próprios para o estudo genético de organismos (HARLT; CLARK, 2010). Segundo Rao e Hodgkin (2002) a diversidade genética representa a variação herdável dentro e entre populações de organismos. Esse conjunto de variações genéticas dentro de uma população de acasalamento é a base para a seleção e também para o melhoramento genético.

A quantificação da diversidade genética entre um grupo de genitores é fundamental no processo de melhoramento genético, pois fornece informações úteis para a caracterização, a conservação e a utilização dos recursos genéticos disponíveis; identificando combinações híbridas de maior heterozigose e de maior efeito heterótico e, conseqüentemente, recuperando os genótipos superiores na gerações segregantes, possibilitando o aparecimento de transgressivos (RAO et al., 1981).

Este critério de seleção de genitores para cruzamentos tem sido ressaltado por diversos autores, tais como, Albrecht et al. (2012), Olvera et al. (2012), Ibiza et al. (2012), Signorini et al. (2013), Zhang et al. (2016), Baba et al. (2016), Cardoso et al. (2018), Solomon et al. (2019) entre outros.

Para avaliação da diversidade genética utilizam-se métodos de natureza quantitativa e de natureza preditiva. Dentre os métodos de natureza quantitativa, citam-se as análises dialélicas, em que são avaliadas p genitores e todas (ou amostras de) suas combinações híbridas,

dependendo dos métodos experimentais e do êxito dos cruzamentos. Em relação aos métodos de natureza preditiva temos, as análises que tomam por base as diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificando-as por meio de alguma medida de dissimilaridade (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Técnicas multivariadas têm sido uma ferramenta de grande utilidade em estudos genéticos, por considerar simultaneamente um conjunto de caracteres de interesse. A análise de agrupamento, também denominada de análise de *cluster* ou de conglomerados, é uma técnica estatística multivariada que busca simplificar a estrutura de variabilidade dos dados. O objetivo é formar grupos de maneira a maximizar a similaridade entre os indivíduos de um grupo e maximizar a dissimilaridade entre indivíduos de grupos diferentes (FERREIRA, 2011; MINGOTI, 2013).

Para a análise de agrupamento, define-se a medida de distância (similaridade ou dissimilaridade) a ser adotada na formação da matriz de distâncias entre os pares de indivíduos e, posteriormente, essa medida é utilizada nos métodos de agrupamento.

Para caracteres quantitativos, as medidas mais utilizadas são: a distância euclidiana, a distância euclidiana média, o quadrado da distância euclidiana, a distância ponderada e a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). Essa última é preferível às demais por considerar as variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres mensurados, ou seja, levar em consideração a correlação entre os caracteres.

Para caracteres qualitativos, padrão binário ou multicategórico, são adotados os seguintes índices: coeficiente de coincidência simples, coeficiente de Jaccard e outros coeficientes e, coincidência simples e dissimilaridade de Cole-Rodgers, respectivamente (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Na abordagem de técnicas que produzem dendrogramas, primeiro calcula-se as medidas de dissimilaridade entre todos os pares possíveis de genótipos e, em seguida, formam-se os grupos por processos denominados aglomerativos ou divisivos. Nos métodos aglomerativos, consideram-se n indivíduos, que serão agrupados de forma sucessiva, com base em sua proximidade, em g grupos. No processo divisivo, o procedimento é oposto, ou seja, inicialmente todos os genótipos estão no mesmo grupo, que se divide em um ou mais grupos (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Dentre os aglomerativos, o método da ligação média entre grupos, também denominado método dos grupos de pares não ponderados com média aritmética (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*, UPGMA), destaca-se por evitar caracterizar as

distâncias por valores extremos entre os indivíduos avaliados pois, considera as médias aritméticas das medidas de dissimilaridade (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

No método UPGMA, adota-se as médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, na definição das distâncias entre um indivíduo e um grupo ou entre dois indivíduos. A construção do dendrograma é estabelecida pelos genótipos de menor dissimilaridade, sendo a distância entre um genótipo k e um grupo, formado pelos genótipos i e j , dada pela seguinte equação (1):

$$d_{(ij)k} = \text{média}(d_{ik} + d_{jk}) = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2} \quad (1)$$

em que: $d_{(ij)k}$ corresponde à média do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos (i e k) e (j e k).

A determinação do número de grupos é realizada com base na escolha do critério de ponto de corte, o critério proposto por Mojena (1977) busca otimizar a qualidade do ajuste do agrupamento aos dados. Esse critério baseia-se no tamanho relativo dos níveis de fusão (distâncias) no dendrograma (FERREIRA, 2011).

O número de grupos é determinado pelo primeiro estágio no dendrograma no qual: $\alpha_j > \theta_k$, sendo θ_k obtido conforme a equação (2) abaixo:

$$\theta_k = \bar{\alpha} + kS_\alpha \quad (2)$$

em que: θ_k é o valor referencial de corte; j corresponde às etapas do processo de agrupamento ($j = 1, 2, \dots, n-1$, sendo n o número de genótipos); α_j os níveis de fusão; k é uma constante e, conforme Milligan e Cooper (1985) deve assumir valor 1,25, baseado em simulação; $\bar{\alpha}$ e S_α a média e o desvio padrão, respectivamente, dos valores de α , obtidos conforme as expressões (2.1) e (2.2) abaixo:

$$\bar{\alpha} = \frac{1}{n-1} \sum_{j=1}^n \alpha_j \quad (2.1)$$

$$S_\alpha = \sqrt{\frac{\sum_{j=1}^n \alpha_j^2 - \frac{1}{n-1} (\sum_{j=1}^n \alpha_j)^2}{n-2}} \quad (2.2)$$

Dentre os métodos de otimização, o de Tocher corresponde a um processo simultâneo, no qual após a formação do grupo inicial avalia-se a possibilidade de inclusão de novos

indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

As distâncias intragrupos (3) e as distâncias intergrupos (4) são obtidas conforme as expressões abaixo (CRUZ, 2006):

$$\bar{d}_i = \frac{2 \sum_{j>j'}^n \sum_{j'}^n d_{jj'}}{n(n-1)} \quad (3)$$

em que:

j e j' : correspondem ao indivíduo do grupo i e i' , respectivamente;

n : número de indivíduos dentro do grupo i .

$$\bar{d}_{ii'} = \frac{\sum_{j=1}^{n_1} \sum_{j'=1}^{n_2} d_{jj'}}{n_1 n_2} \quad (4)$$

em que: n_1 e n_2 correspondem ao número de indivíduos dentro dos grupos i e i' , respectivamente (CRUZ, 2006).

Assim, a inclusão ou não, do genótipo k no grupo é validada pela seguinte comparação:

Se $\frac{d_{(\text{grupo})k}}{n} \leq \theta$, o indivíduo k é incluído no grupo;

Se $\frac{d_{(\text{grupo})k}}{n} > \theta$, o indivíduo k não é incluído no grupo.

em que:

$d_{(\text{grupo})k}$: é a distância média entre o indivíduo k e um determinado grupo;

n : é o número de indivíduos que constitui o grupo original;

θ : é o critério de agrupamento ou nível máximo permitido, que corresponde a maior dentre as menores distâncias envolvendo cada acesso.

Sendo a distância entre o indivíduo k e o grupo formado pelos indivíduos ij dada por:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk} \quad (5)$$

No método Tocher modificado, a formação do grupo inicial dar-se-á da mesma forma que o obtido no método anterior. Entretanto, a decisão de incluir um indivíduo no grupo é tomada pela comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo (θ_1) da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada indivíduo.

Na formação do próximo grupo, o procedimento é similar, diferindo apenas o valor máximo (θ_2) da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada indivíduo, excluindo as informações daqueles anteriormente agrupados, e

assim sucessivamente. Em suma, no método de Tocher modificado o processo de agrupamento é sequencial, não existindo influência dos indivíduos já agrupados, ou seja, o critério de inclusão varia à cada passo, mostrando-se mais eficaz (VASCONCELOS et al., 2007).

Na literatura, vimos que Naegele, Mitchell e Hausbeck (2016) estudaram a diversidade genética entre 61 acessos de *Capsicum chinense* baseados em caracterização morfológica dos frutos e obtiveram a formação de três grupos utilizando como medida de dissimilaridade a distância euclidiana e o método de agrupamento Ward. Assim como, Cardoso et al. (2018) que observaram uma larga variabilidade morfológica entre 116 acessos de *C. baccatum*, obtendo cinco e três clusters pelos métodos Ward (distância de Gower) e UPGMA (distância de Jaccard), respectivamente.

O coeficiente de correlação cofenética (r_{cof}) é um critério de validação que, mede o grau de ajuste entre a matriz de dissimilaridade (D) e a matriz cofenética (C), ou seja, a preservação das distâncias resultante do agrupamento em relação às distâncias originais. A matriz cofenética corresponde a matriz resultante da simplificação proporcionada pelo respectivo método de agrupamento (SNEATH; SOKAL, 1973).

O objetivo é calcular a correlação entre os elementos acima da diagonal das matrizes de dissimilaridade (D) e da matriz cofenética (C), a partir da seguinte expressão (6):

$$r_{\text{cof}} = \frac{C\hat{v}(D,C)}{\sqrt{\hat{V}(D)\hat{V}(C)}} \quad (6)$$

sendo,

$$C\hat{v}(D,C) = \frac{\sum_{i=1}^n d_i c_i - \frac{\sum_{i=1}^n d_i \sum_{i=1}^n c_i}{n}}{n-1} \quad (6.1)$$

$$\hat{V}(D) = \frac{\sum_{i=1}^n d_i^2 - \frac{(\sum_{i=1}^n d_i)^2}{n}}{n-1} \quad (6.2)$$

$$\hat{V}(C) = \frac{\sum_{i=1}^n c_i^2 - \frac{(\sum_{i=1}^n c_i)^2}{n}}{n-1} \quad (6.3)$$

em que:

r_{cof} : coeficiente de correlação cofenética; c_i : matriz cofenética; d_i : matriz de dissimilaridade; n : dimensão da matriz.

Para os métodos de otimização, a matriz cofenética pode ser obtida por meio da metodologia de Silva e Dias (2013). Quanto mais próximo de 1 for o coeficiente de correlação cofenética, menor será a distorção ocasionada pelo agrupamento dos indivíduos face à utilização de determinado método.

3 Mapas Auto-organizáveis de Kohonen

As redes neurais artificiais (RNAs) consistem em uma abordagem para solucionar problemas associados a área da inteligência artificial, fundamentando-se em um sistema que tem elementos que simulam o cérebro humano. O princípio básico de uma RNA é que, ao fornecer exemplos da relação entre variáveis de entrada e saída, esta pode ser induzida a aprender como relacionar as variáveis (BRAGA et al., 2011).

Os mapas auto-organizáveis (*Self-Organizing*) são definidos como um tipo de RNA bidimensional que detecta e organiza as similaridades entre os padrões de entrada, sendo úteis na solução de problemas de reconhecimento de padrões, de agrupamento e de organização de dados. Baseiam-se no córtex cerebral, em que neurônios ativos apresentam conexões mais fortes com aqueles mais próximos, preservando noções de vizinhança. Além disso, detectam similaridades entre os padrões de entrada por meio de um aprendizado não supervisionado competitivo (CRUZ; NASCIMENTO, 2018; SANTOS et al., 2019).

A *Self-Organizing Maps* (SOM), proposta por Teuvo Kohonen (KOHONEN, 1981), destaca-se pela grande difusão. Topologicamente, as redes SOM utilizam como função de ativação uma função distância.

O processo de aprendizado de uma rede SOM consiste em três etapas, a primeira envolve a definição do mapa topológico e a atribuição de pesos sinápticos. Na segunda etapa inicia-se um processo de competição no qual cada amostra de dados é direcionada ao neurônio que melhor o representa, ou seja, o neurônio vencedor. Em seguida, inicia-se a cooperação, na qual o neurônio vencedor determina a aproximação dos outros neurônios na ordem da proximidade. Por fim, os neurônios que estabelecem sua vizinhança vão para a fase de adaptação, com ajustes em seus pesos sinápticos. Após todas as iterações, o mapa é organizado em uma estrutura topológica que reflete a proximidade dos elementos em estudo. A última etapa envolve a quantificação de um critério de convergência (CRUZ; NASCIMENTO, 2018).

Especificamente no melhoramento de plantas, a utilização de RNA é feita concomitantemente ou de forma substitutiva às metodologias tradicionais. Peternelli et al. (2017) compararam a modelagem por redes neurais artificiais com a análise discriminante linear de Fisher (LDA), após simular e padronizar as variáveis de entrada, como alternativas para

seleção entre famílias de cana-de-açúcar. De acordo com os autores, a modelagem com RNA e LDA mostraram-se eficazes na seleção entre famílias de cana-de-açúcar. Entretanto, o uso de RNAs mostra-se vantajoso, pois apenas uma pequena parte dos genótipos precisaria ser ponderada, otimizando o processo de seleção.

Ferreira et al. (2018) avaliaram a diversidade genética de 12 linhas elites de milho doce, utilizando 20 marcadores microssatélites. Para determinar a diferenciação genética entre linhas, adotaram uma rede neural artificial com o algoritmo de mapa auto-organizável (SOM). Esse algoritmo identificou três grupos geneticamente diferenciados e produziu resultados relativamente mais precisos que o UPGMA, de acordo com os índices de Davies-Bouldin e RMSSTD (desvio padrão do quadrado médio da raiz). Os autores concluíram que a alta diferenciação genética, obtida pelo procedimento de RNAs, permitiria a seleção de genótipos promissores e divergentes de milho doce.

4 Dialelos

A variabilidade genética é de fundamental interesse para o melhorista, pois sem ela não há progresso no melhoramento de plantas. É ela que viabiliza o emprego de técnicas que possibilitam a identificação de genótipos superiores. Conforme já mencionado, a hibridação é uma das maneiras mais eficientes de explorar a variabilidade genética existente em muitas espécies (NASCIMENTO et al., 2004).

Na condução de um programa de melhoramento por hibridação, um dos pontos mais importantes é a definição de quais genitores deverão ser cruzados. A análise dialélica é uma metodologia que permite a seleção da melhor combinação de parentais, por meio da avaliação do comportamento das progênes oriundas dos cruzamentos. Além disso, os cruzamentos dialélicos fornecem estimativas de parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação e no entendimento da ação gênica envolvida na determinação dos caracteres de interesse (PESSOA et al., 2018).

O termo dialelo refere-se a um delineamento genético utilizado para expressar um conjunto de $\frac{p(p-1)}{2}$ híbridos, resultante do acasalamento entre p genitores e/ou outras gerações relacionadas (F_2 e retrocruzamentos). Esse delineamento permite quantificar a variabilidade genética do caractere e avaliar o valor genético dos genitores, a capacidade específica e a heterose das combinações híbridas, por meio de várias metodologias e adaptações (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A composição do esquema dialélico é resultado do tipo de delineamento genético, tais como, dialelos balanceados, parciais, circulantes, incompletos ou desbalanceados. Os dialelos balanceados incluem os híbridos F_1 's entre todos os pares de combinações dos genitores, podendo incluir os genitores, os híbridos recíprocos e, algumas vezes, outras gerações relacionadas (F_2 's, retrocruzamentos, etc.).

Nos dialelos parciais, somente uma amostra do conjunto de todos os possíveis cruzamentos entre os genitores é avaliada, propiciando uma redução do número de híbridos a serem avaliados. Avaliam-se apenas gerações F_1 's ou gerações dos genitores e F_1 's, sendo que a vantagem da inclusão dos genitores no dialelo é possibilitar o estudo da capacidade combinatória e também do efeito heterótico manifestado nos híbridos.

Nos dialelos circulantes, os genitores são representados por um mesmo número de cruzamentos, porém inferior a $p-1$, como ocorre nos balanceados; sendo possível obter informações sobre os genitores com um número menor de cruzamentos, porém, há perda de informação referente a combinações híbridas ausentes. Nos dialelos incompletos, os genitores são representados por um número variável de cruzamentos, devido a perdas de tratamentos durante a condução dos ensaios ou ausência desses por problemas diversos, tais como, insuficiência de sementes, incompatibilidade de cruzamentos e outros (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os dialelos desbalanceados são dialelos em que todas as combinações híbridas e as demais gerações estão representadas, mas em frequência variável, em virtude do número desigual de repetições por tratamento.

Dentre as metodologias adotadas para análise dialélica, destacam-se a de Griffing (1956), Gardner e Eberhart (1966) e Hayman (1954), além de adaptações dessas metodologias conforme o esquema dialélico adotado.

Na metodologia de Griffing (1956), os termos capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) referem-se à concentração de genes predominantemente aditivos e não aditivos em seus efeitos, respectivamente. Além disso, o exame da CGC de cada genitor auxilia no desenvolvimento de genótipos superiores, enquanto a CEC estima a performance de híbridos. Busca-se combinações híbridas com estimativa de capacidade específica de combinação mais favorável, que envolvam pelo menos um dos genitores com alta capacidade geral de combinação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). De acordo com Vencovsky (1970), capacidade geral de combinação (CGC), refere-se ao comportamento médio de uma série de híbridos, ou seja, é o comportamento médio de um genitor em uma série de cruzamentos, e é associada à ação aditiva dos genes. E a capacidade

específica de combinação (CEC) refere-se ao comportamento de uma linhagem quando cruzada com outra e é associada aos efeitos da dominância, também é utilizada como um indicador da variabilidade presente entre cruzamentos.

A metodologia de Gardner e Eberhart (1966) se aplica a dialelos de genitores em equilíbrio de Hardy-Weinberg e fornece informações sobre o potencial *per se* desses genitores e da heterose manifestada em seus híbridos, sendo esta desdobrada em: média, de variedade e específica. Vencovsky (1970) destacou que a heterose média é função linear da dominância e das variâncias das frequências gênicas entre os genitores, podendo ser aumentada se houver aumento da variância das frequências gênicas, no mínimo em parte dos locos dominantes. Se o genitor revela valores positivos para heterose, indica que há dispersão das frequências gênicas em relação à frequência gênica média. Entretanto, genitores que apresentam valores negativos para heterose, indicam que estes apresentam menor diversidade em relação aos demais genitores.

A metodologia proposta por Hayman (1954) baseia-se no conhecimento da natureza ambiental e genética de estatísticas (médias, variâncias e covariâncias etc.), obtidas a partir de uma tabela dialélica (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Com a metodologia são dadas informações sobre importantes parâmetros, tais como, o grau médio de dominância da característica, distribuição de alelos entre genitores, limite teórico de seleção, relação entre alelos favoráveis e dominância, proporção entre genes dominantes e recessivos e coeficientes de determinação genotípica (SILVA et al., 2010; CRUZ et al., 2012). No entanto, essa metodologia apresenta algumas restrições para o modelo genético-estatístico, são elas: i) ausência de epistasia; ii) ausência de efeito materno; iii) ausência de alelismo múltiplo; iv) genes distribuídos independentemente entre os genitores; v) segregação diploide; e, vi) homozigose por parte dos genitores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

No caso de dialelos parciais, adota-se a metodologia de Geraldi e Miranda Filho (1988), adaptada do modelo de Griffing (1956), sendo o modelo estatístico (7) dado a seguir:

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij} \quad (7)$$

em que:

Y_{ij} : média do cruzamento ou do genitor envolvendo o *i*-ésimo genitor do grupo I e o *j*-ésimo genitor do grupo II;

Y_{i0} : média do *i*-ésimo genitor do grupo I (*i* = 0, 1, ..., *p*);

Y_{0j} : média do *j*-ésimo genitor do grupo II (*j* = 0, 1, ..., *q*);

μ : média geral do dialelo;

d_1, d_2 : contrastes envolvendo médias dos grupos I e II e a média geral;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo genitor do grupo I;

g_j : efeito da capacidade geral de combinação do j -ésimo genitor do grupo II;

s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

O esquema de análise de variância é visto na Tabela 2.

Tabela 2. Esquema da análise de variância de um dialelo parcial com desdobramento da soma de quadrados de cruzamentos em somas de quadrados associadas aos efeitos da capacidade combinatória

FV	GL
Tratamentos	(pq + p + q - 1)
CGC (GI)	p - 1
CGC (GII)	q - 1
CEC	Pq
GI vs GII	1
Resíduo	pq(r - 1)+p(r - 1)+q(r-1)

As estimativas de capacidade geral de combinação (\hat{g}_i e \hat{g}_j) e capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) foram calculadas conforme as expressões abaixo,

$$\hat{g}_i = \frac{1}{q+4} \left[Y_{i.} + 2Y_{i0} - \frac{1}{p} (Y_H + 2Y_{(I)}) \right] \quad (7.1)$$

$$\hat{g}_j = \frac{1}{p+4} \left[Y_{.j} + 2Y_{0j} - \frac{1}{q} (Y_H + 2Y_{(II)}) \right] \quad (7.2)$$

$$\hat{s}_{ij} = Y_{ij} - \left[\hat{\mu} + \hat{g}_i + \hat{g}_j + \frac{1}{2} (\hat{d}_1 + \hat{d}_2) \right] \quad (7.3)$$

em que, Y_H : total pq combinações híbridas; $Y_{(I)}$: total das p médias dos genitores do grupo I; $Y_{(II)}$: total das q médias dos genitores do grupo II; $Y_{i.}$: total das q combinações híbridas do i -ésimo genitor do grupo I; $Y_{.j}$: total das p combinações híbridas do j -ésimo genitor do grupo II.

As estimativas da média (μ) e dos contrastes (d_1 e d_2) foram obtidas conforme as seguintes expressões:

$$\hat{\mu} = \frac{Y_H}{pq + p + q} \quad (7.4)$$

$$\hat{d}_1 = \frac{p+2}{p(p+q+4)} [Y_{(I)} - Y_{(II)} - (p-q)\hat{\mu}] \quad (7.5)$$

$$\hat{d}_2 = \frac{q+2}{q(p+q+4)} [Y_{(II)} - Y_{(I)} + (p-q)\hat{\mu}] \quad (7.6)$$

Para o estudo da heterose, temos a adaptação do modelo de Gardner e Eberhart (1966) proposta por Miranda Filho e Geraldi (1984), cujo o modelo estatístico (8) é dado por:

$$Y_{ij} = u + \alpha d + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \theta(\bar{h} + h_i + h_j + s_{ij}) + \bar{\epsilon}_{ij} \quad (8)$$

em que:

Y_{ij} : média do cruzamento envolvendo o i-ésimo genitor do grupo I e o j-ésimo genitor do grupo

II;

u: constante associada ao modelo;

d: medida da diferença entre médias dos dois grupos;

v_i : efeito do i-ésimo genitor do grupo I;

v_j : efeito do j-ésimo genitor do grupo II;

\bar{h} : efeito da heterose média;

h_i : efeito da heterose atribuída ao i-ésimo genitor do grupo I;

h_j : efeito da heterose atribuída ao j-ésimo genitor do grupo II;

s_{ij} : efeito da heterose específica resultante do cruzamento entre genitores de ordem i e j, dos grupos I e II, respectivamente; e

$\bar{\epsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

No modelo estatístico acima, haverá as seguintes alterações para os parâmetros α e θ : a) Se o tratamento refere-se à combinação híbrida, então $\alpha = 0$ e $\theta = 1$; b) Se o tratamento refere-se ao genitor do grupo I, então $\alpha = 1$ e $\theta = 0$; c) Se o tratamento refere-se ao genitor do grupo II, então $\alpha = -1$ e $\theta = 0$.

O esquema da análise de variância é apresentado abaixo (Tabela 3).

Tabela 3. Esquema da análise de variância de um dialelo parcial com desdobramento da soma de quadrados da heterose

FV	GL
Tratamentos	(pq + p + q - 1)
Genitores (G)	(p + q - 1)
Grupo I (GI)	p - 1
Grupo II (GII)	q - 1
GI vs GII	1
Heterose (H)	(pq)
H. média	1
H. Grupo I	p - 1
H. Grupo II	q - 1
H. Específica	(p - 1)(q - 1)
Resíduo	(pq + p + q)(r - 1)

As estimativas dos parâmetros foram obtidas por meio das seguintes equações (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012):

$$\hat{u} = \frac{qY_{(1)} + pY_{(II)}}{2pq} \quad (8.1)$$

$$\hat{d} = \frac{qY_{(1)} - pY_{(II)}}{2pq} \quad (8.2)$$

$$\bar{h} = \frac{Y_H - \frac{qY_{(1)} + pY_{(II)}}{2pq}}{pq} \quad (8.3)$$

$$\hat{v}_i = Y_{i0} - \frac{Y_{(1)}}{p} \quad (8.4)$$

$$\hat{v}_j = Y_{0j} - \frac{Y_{(II)}}{p} \quad (8.5)$$

$$\hat{h}_i = \frac{Y_{i.}}{q} - \frac{Y_H}{pq} + \frac{1}{2} \left[\frac{Y_{(1)}}{p} - Y_{i0} \right] \quad (8.6)$$

$$\hat{h}_j = \frac{Y_{.j}}{p} - \frac{Y_H}{pq} + \frac{1}{2} \left[\frac{Y_{(II)}}{q} - Y_{0j} \right] \quad (8.7)$$

$$\hat{s}_{ij} = Y_{ij} + \frac{Y_H}{pq} - \frac{Y_{i.}}{q} - \frac{Y_{.j}}{p} \quad (8.8)$$

em que, Y_H : total pq combinações híbridas; $Y_{(1)}$: total das p médias dos genitores do grupo I; $Y_{(2)}$: total das q médias dos genitores do grupo II; Y_i : total das q combinações híbridas do i-ésimo genitor do grupo I; Y_j : total das p combinações híbridas do j-ésimo genitor do grupo II.

5 Regressão Não Linear

Modelos de regressão buscam relacionar uma variável resposta ou dependente, denotada por Y , com uma ou mais variáveis X 's, no caso multivariado, geralmente denominada de variáveis explicativas, regressoras ou independentes (SEBER; WILD, 1988).

Na regressão não linear, a não linearidade está relacionada à existência de pelo menos uma das derivadas parciais dependente de algum parâmetro do modelo. Em geral, estes modelos são preferíveis por sintetizar um grande número de medidas em apenas alguns parâmetros com significado biológico, facilitando, assim, a interpretação e o entendimento do fenômeno (BROWN; FITZHUGH JUNIOR; CARTWRIGHT, 1976).

Em modelos de regressão não linear, os estimadores de mínimos quadrados dos parâmetros não possuem as desejáveis propriedades dos modelos de regressão linear, ou seja, não-tendenciosidade, variância mínima e estimadores normalmente distribuídos (RATKOWSKY, 1983). Entretanto, essas são válidas assintoticamente, isto é, quando o tamanho da amostra é suficientemente grande.

Embora, as estimativas dos parâmetros pelo método dos mínimos quadrados possam ser utilizadas em modelos não lineares, a minimização da soma de quadrado residual produz equações normais, que são não lineares nos parâmetros. Dessa forma, torna-se impossível resolver as equações não lineares analiticamente e a solução, na maioria dos casos, é adotar um método iterativo de resolução de equações normais não lineares.

Dentre os diversos modelos estatísticos utilizados na avaliação do crescimento vegetal, os modelos não lineares geralmente fornecem melhor ajuste que os modelos lineares, tendo ainda a vantagem de fornecer estimativas de parâmetros com interpretação biológica (MAZZINI et al., 2005; MENDES et al., 2008; FERNANDES et al., 2014).

De acordo com Smyth (2002), um modelo de regressão não linear pode ser definido como:

$$Y_i = f(x_i, \theta) + \varepsilon_i \quad (9)$$

em que: Y_i corresponde aos valores observados de cada variável resposta ($i = 1, \dots, n$); f é uma função conhecida do vetor das variáveis explicativas, sendo $x_i' = [x_{i1} \ \dots \ x_{nk}]$; $\theta' = [\theta_1 \ \dots \ \theta_p]$ é o vetor de parâmetros (p) desconhecidos; ε_i são variáveis aleatórias não

observáveis que usualmente são assumidas não correlacionadas com média zero e variância constante σ^2 .

Segundo Reis (2012), dentre os modelos de regressão presentes na literatura, os mais utilizados para a descrição de crescimento de plantas são: Brody (BRODY, 1945), Gompertz (eq. 10) (GOMPERTZ, 1825), Logístico (eq. 11) (RATKOWSKY, 1983), Mitscherlich, Richards, von Bertalanffy (eq. 12) (VON BERTALANFFY, 1957) e Weibull (RATKOWSKY, 1983).

$$y_i = \beta_1 e^{(-\beta_2 e^{(-\beta_3 x_i)})} + \varepsilon_i \quad (10)$$

$$y_i = \frac{\beta_1}{1 + \beta_2 e^{(-\beta_3 x_i)}} + \varepsilon_i \quad (11)$$

$$y_i = \beta_1 (1 - \beta_2 e^{(-\beta_3 x_i)})^3 + \varepsilon_i \quad (12)$$

em que: y_i : variável dependente; β_1 : parâmetro que representa o peso assintótico; β_2 : parâmetro de locação, sem interpretação biológica; β_3 : parâmetro da taxa de maturidade ou velocidade do crescimento; x_i : variável independente; ε_i : erro aleatório, supondo erros independentes com média zero e variância constante, $\varepsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$.

Para a escolha do melhor modelo de regressão são utilizados medidores da qualidade do ajuste. Na literatura há diversas propostas para os mesmos tais como, o coeficiente de determinação (R^2) (eq. 13), o quadrado médio do resíduo (QMR) (eq. 14), o critério de informação de Akaike (AIC) (eq. 15) e outros. Entretanto, o modelo desejável é o mais parcimonioso, ou seja, aquele que envolve o mínimo de parâmetros possíveis a serem estimados e que explique bem o comportamento da variável resposta (SOUSA, 2012).

$$R^2 = 1 - \frac{SQR}{SQT} \quad (13)$$

em que: SQR é a soma de quadrados do resíduo, SQT a soma de quadrados total;

$$QMR = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{(n - p)} \quad (14)$$

em que: n é o número de observações utilizadas para ajustar a curva, p é o número de parâmetros na função, \hat{y}_i representa os valores estimados.

$$AIC = -2 \ln(L) + 2p \quad (15)$$

em que: p é o número de parâmetros na função, L é o valor do logaritmo da função de verossimilhança considerando-se as estimativas dos parâmetros.

Para o gênero *Capsicum*, diversos trabalhos foram realizados com o uso de modelos de regressão não lineares. Tijskens et al. (2016) modelaram e predizeram o tamanho e o volume de pimentas, e concluíram que a aplicação do modelo de crescimento adaptado de von Bertalanffy com base no diâmetro ou comprimento é mais indicado para descrever alterações no tamanho dos frutos. Jane et al. (2019) compararam o ajuste dos modelos linear Polinomial e não lineares Logístico e Gompertz na descrição do crescimento de pimenteiras, e concluíram que o modelo Logístico foi o mais adequado conforme os avaliadores de ajuste, pois apresentou maior valor de coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj}), menor Desvio Padrão Residual (DPR) e Critério de Informação de Akaike corrigido (AICc).

6 Regressão Quantílica Não Linear

O modelo de regressão tradicional ajustado pelo método dos mínimos quadrados ordinários (MQO), resume toda informação das variáveis independentes observadas às suas médias, ou seja, utilizam médias condicionais ($E[Y|X]$) para obter a relação funcional entre as variáveis.

A regressão quantílica, proposta por Koenker e Basset (1978), é uma alternativa para descrever a relação entre variáveis preditoras em diferentes níveis da distribuição da variável resposta. Este método utiliza quantis condicionais ($Q[Y|X]$), ajustando a relação entre variável independente e quantis (percentis) da variável dependente, o que torna possível a obtenção de mais informações de localização, tais como na cauda inferior ou superior, e fornece modelos mais robustos em relação à presença de outliers e falta de homogeneidade (KOENKER, 2005; HAO; NAIMAN, 2007).

Koenker e Park (1996) propuseram um algoritmo de pontos interiores que tem a finalidade de computar estimativas de regressão quantílica para casos em que a função resposta é não linear nos parâmetros. Neste algoritmo, o sistema de equações equivale ao problema de mínimos quadrados comuns ponderados, mas com uma dependência recursiva entre os pesos, resíduos e coeficientes. O critério de parada é definido quando uma nova iteração não melhora a função objetivo em mais que uma tolerância especificada, sendo o valor igual a 10^{-7} .

Os modelos são especificados de modo semelhante ao MQO, entretanto há uma ponderação τ associada a cada parâmetro, sendo τ o valor do quantil adotado. Por exemplo, o modelo Logístico (eq. 16):

$$y_i = \frac{\beta_1(\tau)}{1 + \beta_2(\tau)e^{(-\beta_3(\tau)x_i)}} + \varepsilon_i(\tau) \quad (16)$$

Modelos de regressão quantílica não linear foram utilizados no estudo de curvas de crescimento de plantas. Puiatti et al. (2018) ajustaram um modelo de regressão quantílica não linear (RQ) para o estudo do acúmulo de matéria seca em plantas de alho (*Allium sativum* L.) ao longo do tempo, estimando seus parâmetros em três diferentes quantis (0,25, 0,5 e 0,75) e classificando cada acesso. Além disso, foi ajustado um modelo com o método dos mínimos quadrados comuns, a fim de compará-lo ao modelo de RQ. O modelo de regressão não linear ajustado foi o Logístico, e foram utilizados 30 acessos de alho. Os autores relataram a eficiência do uso do modelo de RQ para distinguir os acessos de alho.

Santos, Thiersch e Moreira (2018) compararam as curvas de crescimento para classificação de sítio em povoamentos de *Eucalyptus* sp., obtidas pelos métodos de regressão não linear quantílica (RQ) e de diferença algébrica. Os autores concluíram que as curvas de crescimento ajustadas pelo método de RQ foram superiores às curvas geradas pelo método de diferença algébrica.

Puiatti et al. (2020) ajustaram modelos de regressão quantílica não linear (RQ) para o estudo do acúmulo de matéria seca total em nove acessos de alho ao longo do tempo, e compararam com modelos ajustados pelo método dos mínimos quadrados. Os autores concluíram que, a RQ foi eficiente no ajuste de modelos para descrição do acúmulo de matéria seca ao longo do tempo. Além disso, as estimativas de parâmetros foram mais uniformes e robustas na presença de dados assimétricos, variâncias heterogêneas e de valores discrepantes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBRECHT, E.; ZHANG, D.; SAFTNER, R. A.; STOMMEL, R. J. Genetic diversity and population structure of *Capsicum baccatum* genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 59, n. 2, p. 517-538, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10722-011-9700-y>. Acesso em: 20 mar. 2019.

ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; MIRANDA, T. G.; VALADARES, N. R.; PEREIRA, S. L.; AZEVEDO, A. M. Biometric evaluation of morpho-agronomic traits in pepper lines and hybrids. *Horticultura Brasileira*, v. 36, n. 3, p. 357-361, 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620180312>. Acesso em: 20 mar. 2019.

ANTONIO, A. S.; WIEDEMANN, L. S. M.; VEIGA JUNIOR, V. F. The genus *Capsicum*: a phytochemical review of bioactive secondary metabolites. *Royal Society of Chemistry Advances*, v. 8, n. 45, p. 25767-25784, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1039/C8RA02067A>. Acesso em 15 jan. 2020.

ARAÚJO, C. M. M.; SILVA FILHO, D. F.; TICONA-BENAVENTE, C. A.; BATISTA, M. R. A. Morphoagronomic characteristics display high genetic diversity in Murupi chili pepper

landraces. *Horticultura Brasileira*, v. 36, n. 1, p. 083-087, 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-053620180114>. Acesso em: 20 mar. 2019.

BABA, V. Y.; ROCHA, K. R.; GOMES, G. P.; RUAS, C. F.; RUAS, P. M.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A. Genetic diversity of *Capsicum chinense* accessions based on fruit morphological characterization and AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 63, n. 8, p. 1371-1381, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10722-015-0325-4>. Acesso em: 20 mar. 2019.

BOSLAND, P. W. *Capsicum*: innovative use of an ancient crop. In: Janick, J. (ed.) *Progress in New Crops*. ASHS Press, Arlington. p. 479-487, 1996.

BOSLAND, P. W.; VOTAVA, E. J. *Peppers: vegetable and spice Capsicums*, 2. ed. CAB International, Oxfordshire, U. K., 2012. 248 p.

BRAGA, A. P.; CARVALHO, A. C. P. L. F.; LUDEMIR, T. B. *Redes neurais artificiais: teoria e aplicações*. 2 ed. Rio de Janeiro: LTC, 2011. 248 p.

BRODY, S. *Bioenergetics and growth*. New York: Rheinhold, 1945. 645p.

BROWN, J. E.; FITZHUGH JUNIOR, H. A.; CARTWRIGHT, T. C. A comparison of nonlinear models for describing weight-age relationships in cattle. *Journal of Animal Science*, v. 42, n. 4, p. 810-818, 1976.

CABRAL, N. S. S.; MEDEIROS, A. M.; NEVES, L. G.; SUDRÉ, C. P.; PIMENTA, S.; COELHO, V. J.; SERAFIM, M. E.; RODRIGUES, R. Genotype x environment interaction on experimental hybrids of chili pepper. *Genetics and Molecular Research*, v. 16, n. 2, gmr16029551, 2017. Disponível em: <http://doi.org/10.4238/gmr16029551>. Acesso em: 20 mar. 2019.

CAMPOS, B. M.; VIANA, A. P.; QUINTAL, S. S. R.; BARBOSA, C. D.; DAHER, R. F. Heterotic group formation in *Psidium guajava* L. by artificial neural network and discriminant analysis. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 38, n. 1, p. 151-157, 2016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/0100-2945-258/14>. Acesso em: 15 jun. 2019.

CARDOSO, R.; RUAS, C. F.; GIACOMIN, R. M.; RUAS, P. M.; RUAS, E. A.; BARBIERI, R. L.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A. Genetic variability in Brazilian *Capsicum baccatum* germplasm collection assessed by morphological fruit traits and AFLP markers. *PLoS ONE*, v. 13, n. 5, e0196468, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0196468>. Acesso em: 10 abr. 2019.

CARVALHO, F. J.; MACIEL, G. M.; OLIVEIRA, C. S.; NOGUEIRA, A. P. O.; GLASENAPP, J.; SIQUIEROLI, A. C. Comparison of clustering methods to study genetic divergence in pepper accesses at vegetative stage. *Revista Brasileira de Plantas Mediciniais*, v. 19, n. 2, p. 236-243, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1983-084X/0040>. Acesso em: 10 abr. 2019.

CARVALHO, S. I.; BIANCHETTI, L. B. Botânica e recursos genéticos. In: RIBEIRO, C. S. da C.; LOPES, C.A.; CARVALHO, S. I. C.; HENZ, G. P.; REIFSCHNEIDER, F. J. B. *Pimentas Capsicum*. Brasília: Embrapa Hortaliças. p. 39-54, 2008.

CASALI, V. W. D.; COUTO, F. A. A. Origem e botânica de *Capsicum*. *Informe Agropecuário*, v. 10, n. 113, p. 08-10, 1984.

CHARLO, H. C. O.; OLIVEIRA, S. F.; CASTOLDI, R.; VARGAS, P. F.; BRAZ, L. T.; BARBOSA, J. C. Growth analysis of sweet pepper cultivated in coconut fiber in a greenhouse. *Horticultura Brasileira*, v. 29, n. 3, p. 316-323, 2011. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362011000300010>. Acesso em: 10 abr. 2019.

CRUZ, C. D. *Programa genes: análise multivariada e simulação*. Viçosa: Ed. UFV, 2006. 175 p.

CRUZ, C. D.; NASCIMENTO, M. *Inteligência Computacional Aplicada ao Melhoramento Genético*. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2018. 414 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4. ed. Viçosa: Ed. UFV, v. 2, 2012. 514 p.

CRUZ; C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. *Biometria aplicada aos estudos de diversidade genética*. 1. ed. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620 p.

DOMENICO, C. I.; COUTINHO, J. P.; GODOY, H. T.; MELO, A. M. T. Caracterização agrônômica e pungência em pimenta de cheiro. *Horticultura Brasileira*, v. 30, n. 3, p. 466-472, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000300018>. Acesso em: 10 abr. 2019.

ESHBAUGH, W. H. *Peppers: history and exploitation of a serendipitous new crop*. In: JANICK, J.; SIMON, J. E. (eds.), *New crops*, p. 132-139, 1993.

FAO. 2018. FAOSTAT. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx#ancor>. Acesso em: 10 mar. 2020.

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; FINGER, F. L.; SILVA, A. R.; SILVA, F. F.; CRUZ, C. D.; SAVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v. 30, n. 3, p. 428-432, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000300012>. Acesso em: 10 abr. 2019.

FARIA, P. N.; LAIA, G. A.; CARDOSO, K. A.; FINGER, F. L.; CECON, P. C. Estudo da variabilidade genética de amostras de pimenta (*Capsicum chinense* Jacq.) existentes num banco de germoplasma: um caso de estudo. *Revista de Ciências Agrárias*, v. 36, n. 1, p. 17-22, 2013.

FERNANDES, T. J.; PEREIRA, A. A.; MUNIZ, J. A.; SAVIAN, T. V. Seleção de modelos não lineares para a descrição das curvas de crescimento do fruto do cafeeiro. *Coffee Science*, v. 9, n. 2, p. 207-215, 2014. Disponível em: <http://www.sbicafe.ufv.br:80/handle/123456789/8029>. Acesso em: 15 abr. 2019.

FERREIRA, D. F. *Estatística multivariada*. 2. ed. rev. ampl. Lavras: Ed. UFLA, 2011. 676 p.

FERREIRA, F.; SCAPIM, C. A.; MALDONADO, C.; MORA, F. SSR-based genetic analysis of sweet corn inbred lines using artificial neural networks. *Crop Breeding and Applied*

Biotechnology, v. 18, n. 3, p. 309-313, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n3n45>. Acesso em: 05 abr. 2020.

GANEFIANTI, D. W.; FAHRURROZI, F. Heterosis and combining ability in complete diallel cross of seven chili pepper genotypes grown in ultisol. *AGRIVITA Journal of Agricultural Science*, v. 40, n. 2, p. 360-370, 2018. Disponível em: <http://doi.org/10.17503/agrivita.v40i2.991>. Acesso em: 10 abr. 2019.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. *Biometrics*, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966. Disponível em: <http://doi.org/10.2307/2528181>. Acesso em: 10 fev. 2019.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética*, v. 11, n. 2, p. 419-430, 1988.

GOMPERTZ, B. On the nature of the function expressive of the law of human mortality, and on a new method of determining the value of life contingencies. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London*, v. 115, n. 1825, p. 513-585, 1825. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/107756>. Acesso em: 03 mar. 2019.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Science*, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.

HAO, L.; NAIMAN, D.Q. *Quantile Regression*. Sage publications, 2007. 126p.

HARTL, D. L.; CLARK, A. G. *Principles of population genetics*. 4. ed. Porto Alegre: Artmed, 2010. 660 p.

HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, v. 39, n. 6, p. 789-809, 1954.

IBIZA, V. P., BLANCA, J., CAÑIZARES, J; NUEZ, F. Taxonomy and genetic diversity of domesticated *Capsicum* species in the Andean region. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 59, p. 1077-1088, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10722-011-9744-z>. Acesso em 17 abr. 2019.

JANE, S. A.; FERNANDES, F. A.; SILVA, E. M.; MUNIZ, J. A.; FERNANDES, T. J. Comparison of polynomial and nonlinear models on description of pepper growth. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 14, n. 4, e7180, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i4a7180>. Acesso em: 28 jan. 2020.

JARRET, R. L.; BARBOZA, G. E.; BATISTA, F.R. C.; BERKE, T. CHOU, YU-YU; HULSE-KEMP, A.; OCHOA-ALEJO, N.; TRIPODI, P.; VERES, A.; GARCIA, C. C.; CSILLERY, G.; HUANG, YUNG-KUANG; KISS, E.; KOVACS, Z.; KONDRAK, M.; ARCE-RODRIGUEZ, M. L.; SCALDAFERRO, M. A.; SZOKE, A. Capsicum - an abbreviated compendium. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, v. 144, n. 1, p. 3-22, 2019. Disponível em: <http://doi.org/10.21273/JASHS04446-18>. Acesso em: 20 jun. 2019

KANASHIRO, C. H.; MEZA, N. G.; JUÁREZ; L. A. M. Wild pepper *Capsicum annum* L. var. *glabrusculum*: taxonomy, plant morphology, distribution, genetic diversity, genome sequencing and phytochemical compounds. *Crop Science*, v. 56, n. 1, p. 1-11, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.11.0789>. Acesso em: 08 abr. 2019.

KOENKER, R. *Quantile Regression*. Cambridge University Press, v. 1, 2005. 349p.

KOENKER, R.; BASSETT, G. Regression quantiles. *Econometrica*, v. 46, n. 1, p. 33-50, 1978.

KOENKER, R.; PARK, B.J. An interior point algorithm for nonlinear quantile regression. *Journal of Econometrics*, v. 71, p. 265-283, 1996. Disponível em: [http://dx.doi.org/10.1016/0304-4076\(96\)84507-6](http://dx.doi.org/10.1016/0304-4076(96)84507-6). Acesso em: 23 abr. 2019.

KOHONEN, T. *Construction of similarity diagrams for phonemes by a self-organizing algorithm*. Report TKK-F-A463. University of Technology, 1981.

KRAFT, K. H.; BROWN, C. H.; NABHAN, G. P.; LUEDELING, E.; RUIZ, J. J. L.; D'EECKENBRUGGE, G. C.; HIJMANS, R. J., GEPTS, P. Multiple lines of evidence for the origin of domesticated chili pepper, *Capsicum annum*, in Mexico. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 111, n. 17, p. 6165-6170, 2014. Disponível em: <http://doi.org/10.1073/pnas.1308933111>. Acesso em: 20 mar. 2019.

LOPES, C. A.; RIBEIRO, C. S. C.; CRUZ, D. M. R.; FRANÇA, F. H.; REIFSCHNEIDER, F. J. B.; HENZ, G. P.; SILVA, H. R.; PESSOA, H. S.; BIANCHETTI, L. B.; JUNQUEIRA, N. V.; MAKISHIMA, N.; FONTES, R. R.; CARVALHO, S. I. C.; MAROUELLI, W. A.; PEREIRA, W. *Sistema de produção de pimentas (Capsicum spp.)*. Embrapa hortaliças, Sistema de produção, 2 ISSN 1678-880x Versão Eletrônica Novembro/2007. Disponível em: https://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Pimenta/Pimenta_capsicum_spp/index.html. Acesso em: 20 mar. 2018.

LUZ, P. B.; SANTOS, A. A. B.; AMBROSIO, V. C.; NEVES, L. G.; TAVARES, A. R. Selection of indexes to evaluate the genetic variability aiming ornamental use of peppers accessions. *Ornamental Horticulturae*, v. 24, n. 1, p. 7-11, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.14295/oh.v24i1.1109>. Acesso em: 17 abr. 2019.

MAZZINI, A. R. A.; MUNIZ, J. A.; SILVA, F. F.; AQUINO, L. H. Curva de crescimento de novilhos Hereford: heterocedasticidade e resíduos autoregressivos. *Ciência Rural*, v. 35, n. 2, p. 422-427, 2005. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782005000200028>. Acesso em: 15 abr. 2019.

MEDEIROS, A. M.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A. de; SUDRÉ, C. P.; OLIVEIRA, H. S. de; SANTOS, M. H. dos. Gene effect and heterosis in *Capsicum baccatum* var. *pendulum*. *Ciência Rural*, v. 44, n. 6, p. 1031-1036, 2014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782014000600013>. Acesso em: 16 mar. 2019.

MENDES, P. N.; MUNIZ, J. A.; SILVA, F. F.; MAZZINI, A. R. A. Modelo logístico difásico no estudo do crescimento de fêmeas de raça Hereford. *Ciência Rural*, v. 38, n. 7, p. 1984-1990, 2008. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782008000700029>. Acesso em: 12 abr. 2019.

MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. C. An examination of procedures for determining the number of cluster in a data set. *Psychometrika*, v. 50, p. 159-179, 1985. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/BF02294245>. Acesso em: 10 fev. 2019.

MINAMIYAMA, Y.; TSURO, M.; HIRAI, M. An SSR-based linkage map of *Capsicum annuum*. *Molecular Breeding*, v. 18, n. 2, p. 157-169, 2006. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1007/s11032-006-9024-3>. Acesso em: 20 mar. 2019.

MINGOTI, S. A. *Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada*. 2ª reimpressão. Belo Horizonte: Ed. UFMG, 2013. 297 p.

MIRANDA FILHO, J. B.; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética*, v. 7, n. 4, p. 667-688, 1984.

MOJENA, R. Hierárquical grouping method and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal*, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.

NAEGELE, R. P.; MITCHELL, J.; HAUSBECK, M. K. Genetic diversity, population structure, and heritability of fruit traits in *Capsicum annuum*. *PLoS ONE*, v. 11, n. 7, p. 1-17, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0156969>. Acesso em: 16 mar. 2019.

NASCIMENTO, I. R.; MALUF, W. R.; FARIA, M. V.; VALLE, L. A. C.; MENESES, C. B.; BENITES, F. R. G. Capacidade combinatória e ação gênica na expressão de caracteres de importância econômica em pimentão. *Ciência e agrotecnologia*, v. 28, n. 2, p. 251-260, 2004. Disponível: <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542004000200002>. Acesso em: 20 abr. 2019.

NASCIMENTO, I. R.; MALUF, W. R.; GONÇALVES, L. D.; FARIA, M. V.; RESENDE, J. T. V.; NOGUEIRA, D. W. Capacidade combinatória de linhagens de pimentão a partir de análise dialélica multivariada. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 32, n. 2, p. 235-240, 2010.

NASCIMENTO, M. F.; NASCIMENTO, N. F. F.; RÊGO, E. R.; BRUCKNER, C. H.; FINGER, F.L.; RÊGO, M. M. Genetic diversity in a structured family of six generations of ornamental chili peppers (*Capsicum annuum*). *Acta Horticulturae*, v. 1087, p. 395-401, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2015.1087.53>. Acesso em: 15 mar. 2019.

NASCIMENTO, M. F.; NASCIMENTO, N. F. F.; RÊGO, E. R.; SAPUCAY, M. J. L. C.; FORTUNATO, F. L. G.; RÊGO, M. M. Heterose em cruzamentos dialélicos para qualidade de frutos em pimenteiros ornamentais. *Horticultura Brasileira*, v. 29, n. 2, p. S2940-S2947, 2011.

NASCIMENTO, N. F. F.; RÊGO, E. R.; NASCIMENTO, M. F.; BRUCKNER, C. H.; FINGER, F. L.; RÊGO, M. M. Combining ability for yield and fruit quality in the pepper *Capsicum annuum*. *Genetics and Molecular Research*, v. 13, n. 2, p. 3237-3249, 2014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4238/2014.April.29.2>. Acesso em: 15 abr. 2019.

NEITZKE, R. S.; VASCONCELOS, C. S.; BARBIERI, R. L.; VIZZOTTO, M.; FETTER, M. R.; CORBELINI, D. D. Variabilidade genética para compostos antioxidantes em variedades crioulas de pimentas (*Capsicum baccatum*). *Horticultura Brasileira*, v. 33, n. 4, p. 415-421, 2015. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620150000400002>. Acesso em: 14 abr. 2019.

NUEZ, F.; ORTEGA, R.G.; COSTA, J. *El cultivo de pimientos, chiles y ajies*. Madri: Mundi-Prensa, 1996. 607 p.

NWOKEM, C. O.; AGBAJI, E. B.; KAGBU, J. A.; EKANEM, E.J. Determination of capsaicin content and pungency level of five different peppers grown in Nigeria. *New York Science Journal*, v. 3, n. 9, p. 17-21, 2010.

OLIVEIRA, A.C.R.; CECOM, P. R.; NASCIMENTO, M.; FINGER, F.L.; PEREIRA, G.M.; PUIATTI, G. A.; Genetic divergence between pepper accessions based on quantitative fruit traits. *Científica*, v. 47, n. 1, p. 83-90, 2019. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.15361/1984-5529.2019v47n1p83-90>. Acesso em: 10 jun. 2019.

OLVERA, A. P.; VERDUGO, S. H.; RAMÍREZ, V. R.; RODRÍGUEZ, A. G.; OYAMA, K. Genetic diversity and structure of pepper (*Capsicum annuum* L.) from northwestern Mexico analyzed by microsatellite markers. *Crop Science*, v. 52, n. 1, p. 231-241, 2012. Disponível em: <https://dx.doi.org/10.2135/cropsci2011.06.0319>. Acesso em: 02 mar. 2019.

PARAN, I.; KNAAP, E. V. D. Genetic and molecular regulation of fruit and plant domestication traits in tomato and pepper. *Journal of Experimental Botany*, v. 58, n. 14, p. 3841-3852, 2007.

PESSOA, A. M. S.; RÊGO, E. R.; CARVALHO, M. G.; SANTOS, C. A. P.; RÊGO, M. M. Genetic diversity among accessions of *Capsicum annuum* L. through morphoagronomic characters. *Genetics and Molecular Research*, v. 17, n. 1, gmr16039883, 2018. Disponível em: <http://doi.org/10.4238/gmr16039883>. Acesso em: 04 mar. 2019.

PETERNELLI, L. A.; MOREIRA, E. F. A.; NASCIMENTO, M.; CRUZ, C. D. Artificial neural networks and linear discriminant analysis in early selection among sugarcane families. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 17, n. 4, p. 299-305, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332017v17n4a46>. Acesso em: 05 abr. 2020.

PICKERSGRILL, B. Domestication of plants in the Americas: insights from Mendelian and molecular genetics. *Annals of Botany*, v. 100, n. 5, p. 925-940, 2007.

PUIATTI, G. A.; CECOM, P. R.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A. C. C.; CARNEIRO, A. P. S.; SILVA, F. F.; PUIATTI, M.; OLIVEIRA, A. C. R. Quantile regression of nonlinear models to describe different levels of dry matter accumulation in garlic plants. *Ciência Rural*, v. 48, n. 1, e20170322, 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20170322>. Acesso em: 08 mar. 2019. Acesso em: 09 mar. 2019.

PUIATTI, G. A.; CECOM, P. R.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A. C. C.; CARNEIRO, A. P. S.; SILVA, F. F.; PUIATTI, M.; CRUZ, C. D. Nonlinear quantile regression to describe the dry matter accumulation of garlic plants. *Ciência Rural*, v. 50, n. 1, e20180385, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20180385>. Acesso em: 09 mar. 2020.

RAO, A. V.; PRASAD, A. S. R.; SAI KRISHNA, T.; SECHU, D. V.; SRINIVASAN, T. E. Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. *The Indian Journal of Genetic Plant Breeding*, v.41, n. 2, p.179-185. 1981.

RAO, V. R.; HODGKIN, T. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, v. 68, n. 1, p. 1-19, 2002. Disponível em: <https://doi.org/10.1023/A:1013359015812>. Acesso em: 07 fev. 2019.

RATKOWSKY, D. A. *Nonlinear regression modeling: a unified practical approach*. New York: Marcel Dekker, 276 p., 1983.

RÊGO, E. R.; FINGER, F. F.; RÊGO, M. M. *Produção genética e melhoramento de pimentas (Capsicum spp.)* Recife: Imprima, 2011. 223 p.

RÊGO, E. R.; RÊGO, M. M.; FINGER, F. L. Methodological basis and advances for ornamental pepper breeding program in Brazil. *Acta Horticulturae*, v. 1087, p. 309-314, 2015. Disponível em: <http://doi.org/10.17660/ActaHortic.2015.1087.39>. Acesso em: 05 mar. 2019.

RÊGO E. R.; RÊGO, M. M.; FINGER, F. L. *Production and Breeding of Chilli Peppers (Capsicum spp.)*. Springer, Cham, 2016. 146 p. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-06532-8>. Acesso em: 20 jun. 2019.

REIFSCHNEIDER, F. J. B. (Org). *Capsicum: pimentas e pimentões do Brasil*. Embrapa Comunicação pra Transferência de Tecnologia; Embrapa Hortaliças, Brasília, 2000. 113 p.

REIFSCHNEIDER, F. J. B.; LOPES, C. A.; RIBEIRO, C. S. C. Continuity, focus and impact: a commented historical perspective on Embrapa Vegetables extended *Capsicum* breeding program. *Horticultura Brasileira*, v. 34, n. 2, p. 155-160, 2016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620160000200002>. Acesso em: 08 mar. 2019.

REIS, R. M. *Modelos de regressão não linear para descrição do crescimento de plantas de alho*. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) – Universidade Federal de Viçosa. Orientador: Paulo Roberto Cecon, Viçosa, 2012, 47f.

RIBEIRO, C. S. C.; LOPES, C. A.; CARVALHO, S. I. C.; HENZ, G. P.; REIFSCHNEIDER, F. J. B. *Pimentas Capsicum*. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2008. 200 p.

RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A.; BENTO, C. S.; SUDRÉ, C. P.; ROBAINA, R. R.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Combining ability and heterosis for agronomic traits in chili pepper. *Horticultura Brasileira*, v. 30, n. 2, p. 226-233, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000200008>. Acesso em: 23 mar. 2019.

ROHINI, N.; LAKSHMANAN, V.; SARALADEVI, D.; AMALRAJ, J. J.; GOVINDARAJU, P. Assessment of combining ability for yield and quality components in hot pepper (*Capsicum annuum* L.). *Spanish Journal of Agricultural Research*, v. 15, n. 2, p. 1-12, 2017. Disponível em: <http://doi.org/10.5424/sjar/2017152-10190>. Acesso em: 24 abr. 2019.

SANTOS, C. J.; THIERSCH, C. R.; MOREIRA, M. F. B. Regressão não linear quantílica para classificação de sítio em povoamentos de *Eucalyptus* sp. *Scientia Forestalis*, v. 46, n. 120, p. 551-561, 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.18671/scifor.v46n120.04>. Acesso em 04 jun. 2019.

SANTOS, I. A.; CARNEIRO, V. Q.; SILVA JUNIOR, A. C.; CRUZ, C. D.; SOARES, P. C. Self-organizing maps in the study of genetic diversity among irrigated rice genotypes. *Acta*

Scientiarum. Agronomy, v. 41, n. 1, e39803, 2019. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v41i1.39803>. Acesso em: 10 ago. 2019.

SANTOS, P. R.; MELO, R. A.; COSTA, K. D. S.; ROCHA, F. A. T.; COSTA, I. J. N.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; MENEZES, D. Combining ability and agronomic performance of sweet pepper in greenhouse. *Horticultura Brasileira*, v. 35, n. 1, p. 026-032, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620170105>. Acesso em: 24 abr. 2019.

SEBER, G. A. F.; WILD, C. J. *Nonlinear regression*. New York: J. Wiley, 1988. 792 p.

SIGNORINI, T.; RENESTO, E.; MACHADO, M. F. P. S.; BESPALHOK, D. N.; MONTEIRO, E. R. Diversidade genética de espécies de *Capsicum* com base em dados de isozimas. *Horticultura Brasileira*, v. 31, n. 4, p. 534-539, 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362013000400005>. Acesso em: 12 abr. 2019.

SILVA, A. R.; DIAS, C. T. S. Um coeficiente de correlação cofenética para o método de Tocher. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 48, n. 6, p. 589-596, 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2013000600003>. Acesso em: 22 abr. 2019.

SILVA, C. Q.; RODRIGUES, R.; BENTO, C. S.; PIMENTA, S. Heterosis and combining ability for ornamental chili pepper. *Horticultura Brasileira*, v. 35, n. 3, p. 349-357, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-053620170306>. Acesso em: 24 abr. 2019.

SILVA, H. W.; COSTA, L. M.; RESENDE, O.; OLIVEIRA, D. E. C.; SOARES, R. S.; VALE, L. S. R. Higroscopicidade das sementes de pimenta (*Capsicum chinense* L.). *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, v. 19, n. 8, p. 780-784, 2015. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v19n8p780-784>. Acesso em: 22 abr. 2019.

SILVA NETO, J. J.; RÊGO, E. R.; NASCIMENTO, M. F.; SILVA FILHO, V. A. L. S.; ALMEIDA NETO, J. X.; RÊGO, M. M. Variability in a base population of pepper (*Capsicum annum* L.). *Revista Ceres*, v. 61, n. 1, p. 84-89, 2014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2014000100011>. Acesso em: 03 abr. 2019.

SILVA, V. Q. R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SCAPIM, C.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; GONÇALVES, L. S. A. Inheritance for economically important traits in popcorn from distinct heterotic groups by Hayman's diallel. *Cereal Research Communications*, v. 38, n. 2, p. 272-284, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1556/CRC.38.2010.2.14>. Acesso em: 20 abr. 2019.

SMYTH, G. K. Nonlinear regression. In: *Encyclopedia of environmetrics*. Chichester: J. Wiley, v. 3, p. 1405-1411, 2002.

SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R.R. *Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification*. San Francisco: Freeman, 1973. 573 p.

SRIVASTAVA, A.; MANGAL, M. *Capsicum* breeding: history and development. In: RAMCHIARY, N.; KOLE, C. *The Capsicum genome*, v.1, p. 25-56, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-97217-6>. Acesso em: 20 ago. 2019.

SOLOMON, A. M.; HAN, K.; LEE, J.-H.; LEE, H.-Y.; JANG, S.; KANG, B.-C. Genetic diversity and population structure of Ethiopian *Capsicum* germplasms. *PLoS ONE*, v. 14, n. 5,

e0216886, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0216886>. Acesso em: 03 jun. 2019.

SOUSA, I. F. *Ajuste de modelos não lineares na descrição de germinação de sementes de café (Coffea arabica L.)*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Lavras. Orientador: Joel Augusto Muniz, Lavras, 2012, 72f.

THE PLANT LIST. *A working list off all plant species*. Version 1, 2010. Disponível em: <http://www.theplantlist.org/>. Acesso em: 20 mar. 2019.

TIJSKENS, L. M. M.; UNUK, T.; OKELLO, R. C. O.; WUBS, A. M.; SUSTAR, V.; SUMAK, D.; SCHOUTEN, R. E. From fruitlet to harvest: Modelling and predicting size and its distributions for tomato, apple and pepper fruit. *Scientia Horticulturae*, v. 204, p. 54-64, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2016.03.036>. Acesso em: 20 jan. 2020.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 42, n. 10, p. 1421-1428, 2007. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2007001000008>. Acesso em: 03 mar. 2019.

VENCOVSKY, R. *Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamento dialélicos de variedades*. 1970. 59f. Tese (Livre-Docente) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

VON BERTALANFFY, L. Quantitative laws in metabolism and growth. *The Quartely Review of Biology*, v. 32, n. 3, p. 217-230, 1957.

WUBS, A. M.; MA, Y. T.; HEUVELINK, E.; HEMERICK, L.; MARCELIS, L. F. M. Model selection for nondestructive quantification of fruit growth in pepper. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, v. 137, n. 2, p. 71-79, 2012. Disponível em: <http://doi.org/10.21273/JASHS.137.2.71>. Acesso em: 03 abr. 2019.

ZEWDIE, Y.; BOSLAND, P. W. Capsaicinoids profile are not good chemotaxonomic indicators for capsaicin spices. *Biochemical Systematics and Ecology*, v. 29, n. 2, p. 161-169, 2001. Disponível em: [http://doi.org/10.1016/S0305-1978\(00\)00041-7](http://doi.org/10.1016/S0305-1978(00)00041-7). Acesso em: 03 abr. 2019.

ZHANG, X. M.; ZHANG Z. H., GU, X. Z.; MAO, S. L.; LI, X. X.; CHADOEUF, J.; PALLOIX, A.; WANG, L. H.; ZHANG, B. X. Genetic diversity of pepper (*Capsicum* spp.) germplasm resources in China reflects selection for cultivar types and spatial distribution. *Journal of Integrative Agriculture*, v. 15, n. 9, p. 1991-2001, 2016. Disponível em: [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(16\)61364-3](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(16)61364-3). Acesso em: 05 mar. 2019.

CAPÍTULO 1

Estudo de diversidade genética por métodos multivariados e redes neurais artificiais em frutos de pimenteiras

Study of genetic diversity by multivariate methods and artificial neural networks in pepper fruits

RESUMO

A seleção preliminar de genitores para cruzamentos dialélicos visando à produção de híbridos ou variedades pode ser realizada por meio da avaliação da diversidade genética. Para o estudo de diversidade genética, além das metodologias multivariadas usuais, que visam a formação de grupos, tem-se empregado concomitantemente as redes neurais artificiais (RNAs), como o mapa auto-organizável de Kohonen. O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética de genótipos comerciais de *Capsicum annuum* L., por meio da análise de agrupamento e mapas auto-organizáveis de Kohonen. O experimento foi conduzido em casa de vegetação sob o delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições. Foram avaliados nove genótipos de *C. annuum*, com base em sete caracteres quantitativos do fruto. Inicialmente, procedeu-se a análise de variância e o agrupamento das médias pelo critério de Scott-Knott. Também foi avaliada a contribuição relativa dos caracteres para a diversidade genética. Para avaliar a diversidade genética foram adotados os métodos de agrupamento da ligação média entre grupos (UPGMA) e Tocher, baseados na distância de Mahalanobis. Para obter a organização da similaridade dos genótipos foi utilizada o método de mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM), com duas dimensões, grade do tipo 3 x 4 (doze neurônios) e configuração hexagonal. A análise de variância detectou diferenças significativas entre os genótipos para todos os caracteres, sendo os caracteres massa da matéria total do fruto fresco e comprimento do fruto considerados de maior contribuição relativa para a diversidade. Pelo critério de Scott-Knott houve a formação de quatro, sete e oito grupos. Ademais, houve a formação de dois e quatros grupos, pelos métodos UPGMA e Tocher, respectivamente. Por meio das SOM observou-se que o padrão de vizinhança entre pimentas e pimentões foi obtido com apenas sete dos doze neurônios previamente estabelecidos. Separações dos grupos foram realçadas com a presença de cinco neurônios não competitivos, formando um corredor de separação entre as pimentas e pimentões. Essa configuração auxilia o melhorista na tomada de decisão no planejamento da

escolha de genitores e direcionamento de cruzamentos. A ordenação dos genótipos de acordo com o SOM foi consistente com os resultados do UPGMA.

Palavras-chave: Dissimilaridade genética. Mapas auto-organizáveis de Kohonen. Melhoramento genético. Métodos de agrupamento.

ABSTRACT

The preliminary selection of parents for diallel crosses, aiming at the production of hybrids or varieties can be carried out through the evaluation of genetic diversity. For the study of genetic diversity, in addition to the usual multivariate methodologies aimed at forming groups, artificial neural networks (ANNs) have been used concomitantly, such as Kohonen's self-organizing map. The objective of this work was to evaluate the genetic diversity of commercial genotypes of *Capsicum annuum* L., by means of cluster analysis and self-organizing Kohonen maps. The experiment was carried out in a greenhouse under a completely randomized design, with four replications. Nine genotypes of *C. annuum* were evaluated, based on seven quantitative characters of the fruit. Initially, the analysis of variance and the grouping of means by the Scott-Knott criterion were performed. The relative contribution of the characters to the genetic divergence was also evaluated. To evaluate the genetic diversity, the methods of grouping of average link between groups (UPGMA) and Tocher were adopted, based on the Mahalanobis distance. To obtain the organization of the similarity of the genotypes, the Kohonen's self-organizing map (SOM) method was used, with two dimensions with a 3 x 4 type grid (twelve neurons) and hexagonal configuration. The analysis of variance detected significant differences between the genotypes for all the characters, being the characters mass of the total matter of the fresh fruit and length of the fruit considered to have the greatest relative contribution to diversity. By the Scott-Knott criterion, four, seven and eight groups were formed. In addition, two and four groups were formed using the UPGMA and Tocher methods, respectively. Through SOM, it was observed that the neighborhood pattern between peppers and sweet peppers was obtained with only seven of the twelve previously established neurons. Group separations were highlighted with the presence of five noncompetitive neurons, forming a separation corridor between peppers and sweet peppers. This configuration assists the breeder in decision making in planning the choice of parents and directing crosses. The ordering of genotypes according to SOM was consistent with the results of the UPGMA.

Key words: Genetic dissimilarity. Self-organizing Kohonen maps. Genetic breeding. Clustering methods.

INTRODUÇÃO

A espécie *Capsicum annuum* L., membro da família Solanaceae, originou-se na América do Sul e Central e compreende exemplares de pimentas e pimentões, importantes no mercado mundial. A composição do fruto é rica em proteínas, lipídios, fibras, sais minerais, vitaminas e capsaicina; sendo que o fruto verde fresco contém mais vitamina C que as frutas cítricas (CHIGOZIRI; EKEFAN, 2013). Segundo a FAO (2018), a produção mundial de pimentas e pimentões em 2018 foi de 40.936.076 toneladas, sendo a Ásia o principal continente produtor, com participação de 68,15%.

O conhecimento da natureza e magnitude da variabilidade genética na população é fundamental para o planejamento de um programa eficiente de melhoramento com potencial de produção de genótipos melhorados (SHING; JAIN; SHARMA, 2017), incluindo desde características úteis aos produtores (rendimento, sementes grandes, etc.) à características preferidas pelos consumidores (coloração, tamanho do fruto, ardor, etc.).

Técnicas multivariadas, como o método da ligação média entre grupos (UPGMA), o método Tocher, a análise de componentes principais (PCA) e de variáveis canônicas (CV), são frequentemente utilizadas para quantificar a variabilidade genética entre os genótipos, com base em informações quantitativas e/ou qualitativas (SANTOS et al., 2017; ARAÚJO et al., 2018). No gênero *Capsicum*, a caracterização morfoagronômica da população e da variabilidade genética foram relatadas por Domenico et al. (2012), Faria et al. (2012), Silva Neto et al. (2014), Lee et al. (2016), Araújo et al. (2018), Dias et al. (2019) e outros.

O uso de redes neurais artificiais (RNAs) associadas a métodos de classificação é uma alternativa promissora para o melhoramento de plantas, mostrando-se eficiente na detecção de divergência genética entre indivíduos, e na promoção da formação de grupos heteróticos (CAMPOS et al., 2016; SANTOS et al., 2017; FERREIRA et al., 2018). Os mapas auto-organizáveis são um tipo de redes neurais capazes de detectar e organizar as similaridades entre os padrões de entrada, por meio de um aprendizado competitivo, por exemplo, a *Self-Organizing Maps* (SOM) (KOHONEN, 1981; CRUZ; NASCIMENTO, 2018), que organiza dados de um processo de aprendizado não supervisionado e preserva noções de vizinhos mais próximos usando a distância euclidiana.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética de genótipos comerciais de *Capsicum annuum* L., por meio da análise de agrupamento e mapas auto-organizáveis de Kohonen.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado em casa de vegetação pertencente ao setor de Olericultura do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), município de Viçosa. O município de Viçosa está localizado na Zona da Mata de Minas Gerais, nas coordenadas geográficas 20° 45' de latitude sul e 42° 51' de longitude oeste, com altitude média de 650 m.

O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, com quatro repetições, sendo a unidade experimental constituída por uma planta. Foram avaliados nove genótipos de *Capsicum annuum* L., são eles: Pimenta Vulcão, Pimenta Cayene, Pimenta Peter, Pimenta Picante para vaso, Pimenta Jamaica Yellow, Pimenta Doce Italiana, Pimentão Quadrado, Pimentão Cascadura Ikeda e Pimentão Rubi Gigante. Os caracteres quantitativos avaliados foram: peso total do fruto (PTF, g), comprimento do fruto (CF, mm), largura do fruto (LF, mm), espessura do pericarpo (ESP, mm), número de sementes por fruto (NSF), massa da matéria total do fruto fresca (MTF, g) e porcentagem da massa da matéria total do fruto seca (%MTS, g).

No contexto univariado, os dados obtidos foram submetidos à análise de variâncias e, posteriormente, as médias comparadas pelo critério de Scott-Knott ($p < 0,05$). Esse critério promove a separação de médias de tratamentos em grupos distintos, por meio da minimização da variação dentro e maximização da variação entre grupos.

No contexto multivariado, para o estudo da diversidade genética, a matriz de dissimilaridade foi obtida com base na distância generalizada de Mahalanobis (MAHALANOBIS, 1936). Foi adotado o método da ligação média entre grupos ou UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) e o método de otimização de Tocher. Foi adotado o critério de Mojena (1977) para definir o número ótimo de grupos do dendrograma, com $k = 1,25$. Para avaliar a consistência e a qualidade do *cluster*, utilizou-se o coeficiente de correlação cofenética (r_{cof}), dado pela correlação entre os elementos da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz produzido pelo dendrograma (matriz cofenética) (SILVA; DIAS, 2013).

Por fim, os genótipos foram agrupados de acordo com a técnica de aprendizado não supervisionado denominada mapas auto-organizáveis de Kohonen (KOHONEN, 1998). As médias de replicação para cada genótipo avaliado para todas os sete caracteres foram usadas como entradas da rede. Nenhuma saída foi estipulada *a priori* para cada genótipo, por ser adotada uma técnica não supervisionada. Para avaliar e obter a organização da similaridade pelo método de mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM) utilizou-se duas dimensões com grade do tipo 3 x 4 (doze neurônios) e configuração hexagonal. Essa estratégia permite uma melhor visualização da estrutura geral dos dados (KOHONEN, 2014), além de minimizar os erros.

Para o processamento do SOM nos diferentes cenários, foi utilizada a distância de Mahalanobis. Para o processo iterativo, o número de 10.000 iterações foi estipulado. Foram utilizados os *softwares* Matlab (MATLAB, 2010) e GENES (CRUZ, 2013, 2016).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de variâncias univariadas mostraram diferenças significativas entre os genótipos comerciais de *Capsicum annuum* pelo teste F ($p < 0,05$) para todos os caracteres analisados (Tabela 1). Os dados indicam a existência de diversidade genética entre os genótipos, sendo possível explorá-la em programas de melhoramento de *Capsicum*. Os coeficientes de variação oscilaram de 6,47 a 17,72%. Resultados semelhantes foram obtidos em outros estudos com *Capsicum* spp. (RIBEIRO et al., 2015; ARAÚJO et al., 2018).

Tabela 1. Resumo da análise de variância para sete caracteres de frutos em pimenteiras (*Capsicum annuum* L.)

FV	GL	Quadrados médios						
		CF	LF	PTF	ESP	NSF	MTF	%MTS
Genótipos	8	60,977*	17.121*	4.385,49*	8,323*	4.930,57*	4.252,41*	86,845*
Resíduo	27	0,1973	0,086	18,608	0,223	93,331	17,365	2,152
Média	--	6,865	3,014	30.212	2,662	58,820	29,349	15,437
CV(%)	--	6,470	9,753	14,278	17,725	16,424	14,198	9,502

*significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; FV: Fonte de variação, CV(%): coeficiente de variação expresso em percentagem, CF: comprimento do fruto (mm), LF: largura do fruto (mm), PTF: peso total do fruto (g), ESP: espessura da polpa (mm), NSF: número de sementes por fruto, MTF: massa da matéria total do fruto maduro fresco (g), %MTS: porcentagem de massa da matéria total do fruto maduro seco (g).

A análise de agrupamento, pelo critério de Scott-Knott ($p < 0,05$), entre os genótipos proporcionou a formação de quatro grupos para os caracteres ESP, PTF, NSF, MTF, MTS, sete e oito grupos para os caracteres CF e LF, respectivamente (Tabela 2). Corroborando com este resultado, Neitzke et al. (2010) relataram que o caractere CF apresentou dez grupos, sendo então considerado de maior discriminação. Ademais, os mesmos autores mencionam que o grande número de grupos ressalta a ampla variabilidade existente entre os genótipos.

Tabela 2. Médias de comprimento do fruto (CF), largura do fruto (LF), espessura do pericarpo (ESP), número de sementes por fruto (NSF), peso total do fruto (PTF), massa da matéria total do fruto maduro fresco (MTF) e porcentagem da massa da matéria total do fruto maduro seco (%MTS) de nove genótipos de *Capsicum annuum*

Genótipo	CF	LF	ESP	PTF	NSF	MTF	%MTS
Pimenta Vulcão	3,07 f	0,93 f	1,38 d	1,55 d	44,25 c	1,14 d	18,51 b
Pimenta Cayene	7,78 d	0,94 f	2,07 c	3,64 d	33,79 d	3,20 d	19,03 b
Pimenta Peter	6,27 e	1,89 e	1,73 c	7,62 d	53,76 c	6,96 d	20,86 a
Pimenta Picante para Vaso	1,66 h	0,49 g	0,89 d	0,60 d	18,79 d	0,41 d	21,21 a
Pimenta Jamaica Yellow	2,35 g	3,79 c	1,58 c	6,67 d	24,76 d	6,30 d	16,17 c
Pimenta Doce Italiana	13,45 a	2,88 d	3,04 b	36,85 c	49,02 c	35,56 c	11,48 d
Pimentão Quadrado	8,59 c	5,42 a	4,53 a	65,68 b	122,13 a	63,81 b	10,95 d
Pimentão Cascadura Ikeda	9,93 b	4,89 b	4,66 a	69,43 b	89,69 b	68,09 b	10,72 d
Pimentão Rubi Gigante	8,65 c	5,85 a	4,02 a	79,83 a	93,15 b	78,63 a	9,96 d

* Médias seguidas pelas mesmas letras (na coluna) pertencem ao mesmo grupo pelo critério de Scott-Knott a 5% de significância.

Além disso, com base no critério proposto por Singh (1981), em termos da contribuição relativa de cada caractere avaliado para a divergência genética entre os genótipos, observou-se a maior contribuição relativa do caractere massa da matéria total do fruto fresco (86,17%), sendo este o principal determinante na quantificação da divergência genética, conforme Tabela 3. Ferrão et al. (2011) trabalhando com genótipos de *C. annuum*, encontraram resultados concordantes, os caracteres MTF e CF obtiveram maior contribuição relativa, com 45,6% e 40,9%, respectivamente.

Por outro lado, a baixa importância relativa dos caracteres espessura do pericarpo (0%), peso total do fruto (0%) e porcentagem da massa da matéria total do fruto seco (0,38%) sugerem que a análise destes caracteres podem ser dispensáveis em futuros trabalhos, reduzindo gastos de mão-de-obra, custo e tempo.

Tabela 3. Contribuição relativa (%) dos caracteres para a diversidade genética entre genótipos de *Capsicum annuum*, estimados pelo método proposto por Singh (1981)

Caractere ¹	S.j	Valor (%)
CF	1485,43	7,98
LF	4951,21	2,66
ESP	0*	0
PTF	0	0
NSF	5199,12	2,79
MTF	160.185,68	86,17

Caractere ¹	S.j	(continuação)
		Valor (%)
%MTS	721,01	0,38

¹CF: comprimento do fruto, LF: largura do fruto, ESP: espessura da polpa, PTF: peso total do fruto, NSF: número de sementes por fruto, MTF: massa da matéria total do fruto maduro fresco, %MTS: porcentagem de massa da matéria total do fruto maduro seco; *valores negativos de S_j assumiram valores zero

Com base nas medidas de dissimilaridade, percebe-se que a menor dissimilaridade foi obtida entre os genótipos Pimenta Cayene e Pimenta Peter ($D^2 = 25,86$), Pimentão Quadrado e Pimentão Cascadura Ikeda, respectivamente. Em contrapartida, a maior dissimilaridade foi encontrada entre os genótipos 4 e 9 ($D^2 = 3388,47$), Pimenta para Vaso Picante e Pimentão Rubi Gigante, conforme Tabela 4.

Tabela 4. Medidas de dissimilaridade baseada na distância generalizada de Mahalanobis (D^2) dos nove genótipos de *Capsicum annuum* por meio de caracteres quantitativos de frutos

	1*	2	3	4	5	6	7	8
2	198,32							
3	177,97	25,86						
4	44,88	380,86	359,92					
5	176,46	238,88	180,58	256,75				
6	1.777,08	879,65	883,75	2.292,24	1.554,45			
7	2.088,35	1.367,04	1.221,98	2.652,16	1.924,71	308,51		
8	2.310,58	1.480,42	1.374,82	288,26	2.162,36	262,76	28,87	
9	2.787,65	1.951,48	1.791,82	3.388,37	2.610,89	508,51	88,38	52,90

* (1) Pimenta Vulcão, (2) Pimenta Cayene, (3) Pimenta Peter, (4) Pimenta Picante para Vaso Picante, (5) Pimenta Jamaica Yellow, (6) Pimenta Doce Italiana, (7) Pimentão Quadrado, (8) Pimentão Cascadura Ikeda, (9) Pimentão Rubi Gigante.

O método UPGMA reuniu os genótipos em dois grupos, o grupo I (GI) composto pelos genótipos Pimenta Doce Italiana, Pimentão Quadrado, Pimentão Cascadura Ikeda e Pimentão Rubi Gigante e o grupo II (GII) pelos genótipos Pimenta Vulcão, Pimenta Cayene, Pimenta Peter, Pimenta Picante para vaso e Pimenta Jamaica Yellow (Figura 1). Assim, verifica-se que os genótipos foram claramente agrupados seguindo um padrão morfológico distinguível por tamanho e, também, indiretamente, o fator ausência e presença de pungência. Ademais, o coeficiente de correlação cofenética (r_{cof}) foi de 0,83.

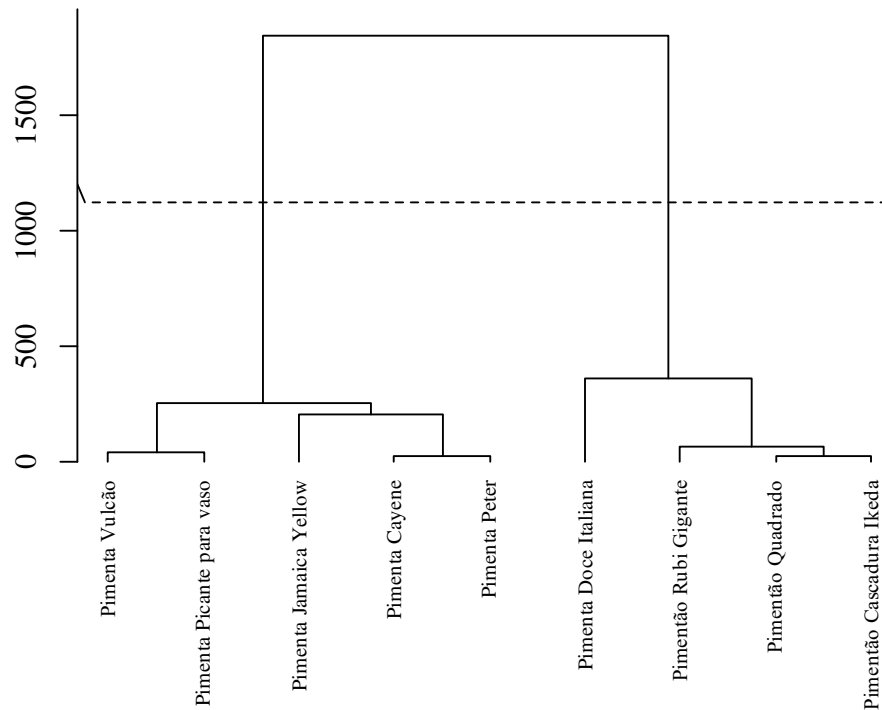


Figura 1. Dendrograma obtido pelo método UPGMA, baseado nas distâncias generalizadas de Mahalanobis, para os nove genótipos de *Capsicum annuum* com ponto de corte determinado por Mojena (1977)

Pelo método Tocher, houve a formação de quatro grupos, o GI composto pelos genótipos Pimenta Cayene, Pimenta Peter, Pimenta Vulcão e Pimenta Jamaica Yellow, o GII composto por Pimentão Quadrado, Pimentão Cascadura Ikeda e Pimentão Rubi Gigante, o GIII por Pimenta Doce Italiana e o GIV pelo genótipo Pimenta Picante para vaso (Tabela 5). Esses resultados foram semelhantes aos obtidos por Neitzke et al. (2010) e Faria et al. (2012) que verificaram a formação de quatro grupos distintos pelo método de Tocher, ao avaliar 17 e 49 acessos de *Capsicum* spp., respectivamente.

Tabela 5. Agrupamento dos nove genótipos de *Capsicum annuum* pelo método Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis

Grupo	Genótipos	Distância intragrupo
I	Pimenta Cayene, Pimenta Peter, Pimenta Vulcão e Pimenta Jamaica Yellow	198,64
II	Pimentão Quadrado, Pimentão Cascadura Ikeda e Pimentão Rubi Gigante	70,64

(continuação)		
Grupo	Genótipos	Distância intragrupo
III	Pimenta Doce Italiana	-
IV	Pimenta Picante para vaso	-

Santos et al. (2017) ressaltaram que, embora diferentes métodos de agrupamento ofereçam distintas visões de diversidade, espera-se que exista uma concordância entre eles. Portanto, comparando as duas formas de agrupamento citadas, os métodos UPGMA e Tocher, a separação dos grupos foi parcialmente coeso. Entretanto, o método Tocher possui maior poder de discriminação, possibilitando a identificação de mais grupos com acessos similares, conforme já relatado na literatura (FARIA et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2019).

Por meio das redes neurais artificiais projetadas em configuração hexagonal observou-se que o padrão de vizinhança entre os genótipos foi obtido com apenas sete dos doze neurônios, representados pelos hexágonos, previamente estabelecidos (Figura 2). Observa-se que foi realçada as separações dos grupos com a presença de seis neurônios não competitivos, formando um corredor de separação entre as pimentas e pimentões. Essa configuração auxiliará o melhorista na tomada de decisão, no planejamento e direcionamento de cruzamentos. De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro(2012), a análise de diversidade genética possibilita identificar genitores geneticamente complementares, que, ao serem inter cruzados, poderão originar populações com maior variabilidade e com maior probabilidade de recuperação de genótipos superiores.

A organização de genótipos pela técnica de mapas auto-organizáveis de Kohonen proporciona uma nova visão de similaridade. Entretanto, ao considerar a formação de dois grupos, esta se mostra concordante com os resultados do método UPGMA, pois manteve a estrutura básica dos grupos preservada. Verifica-se que os genótipos Pimentão Cascadura Ikeda e Pimentão Rubi Gigante ocupam o mesmo hexágono, realçando a similaridade entre eles. Além disso, os genótipos Pimenta Doce Italiana e Pimentão Quadrado tem maior proximidade com os anteriores. Do mesmo modo, houve a organização dos pares de genótipos: Pimenta Picante para vaso e Pimenta Jamaica Yellow, Pimenta Vucão e Pimenta Peter, nos hexágonos e, ambos mantêm proximidade com os genótipo Pimenta Cayene (Figura 2).

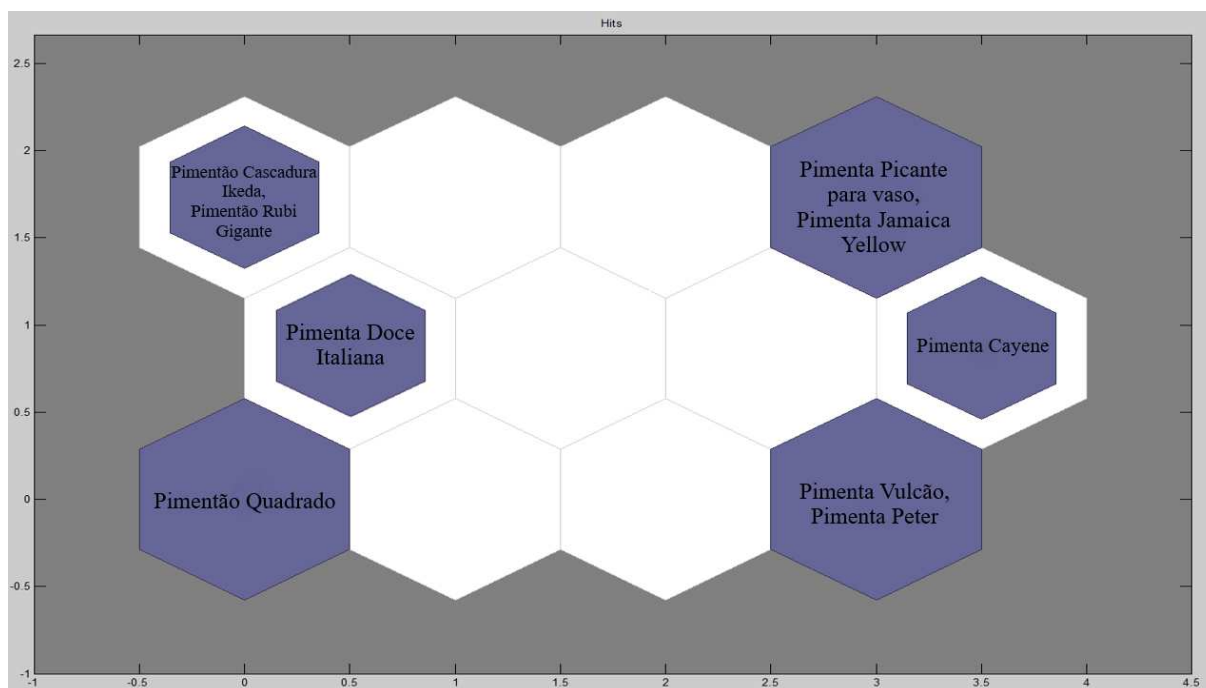


Figura 2. Organização da similaridade de pimentas e pimentões pelo método de Mapas auto-organizáveis de Kohonen de duas dimensões com grade do tipo 3 x 4 (doze neurônios) com configuração hexagonal

Barbosa et al. (2011) utilizaram o método de mapas auto-organizáveis de Kohonen para o estudo da diversidade genética, em 48 acessos de mamoeiro (*Carica papaya* L.); Santos et al. (2017) empregaram o mesmo método, no estudo de diversidade genética de genótipos de arroz irrigado e, ambos trabalhos verificaram o potencial desse método em estudos de diversidade genética em programas de melhoramento. O método SOM demonstrou ser uma maneira eficiente de identificar padrões de similaridade, como mostrado por Mwasiagi (2011), ao utilizar a técnica SOM para distinguir genótipos de algodão. O autor concluiu que o método era eficiente para separar os fios finos dos mais grossos, e as amostras dispersas no mapa seriam discrepantes, implicando em irregularidade do material.

CONCLUSÃO

Há divergência genética entre os genótipos avaliados e, os métodos adotados permitiram a identificação de grupos promissores para cruzamentos dialélicos. Foram obtidos dois e quatro grupos pelos métodos UPGMA e Tocher, respectivamente.

A organização da similaridade por mapas auto-organizáveis de Kohonen apresentou grande potencial no processo de direcionamento de genitores para formação dos dialelos, sendo consistente com os resultados do UPGMA.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, C. M. M.; SILVA FILHO, D. F.; TICONA-BENAVENTE, C. A.; BATISTA, M. R. A. Morphoagronomic characteristics display high genetic diversity in Murupi chili pepper landraces. *Horticultura Brasileira*, v. 36, n. 1, p. 083-087, 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-053620180114>. Acesso em: 20 ago. 2019.

BARBOSA, C. D.; VIANA, A. P.; QUINTAL, S. S. R.; PEREIRA, M. G. Artificial neural network analysis of genetic diversity in *Cariacica papaya* L. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 11, n. 3, p. 224-231, 2011. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332011000300004>. Acesso em: 20 ago. 2019.

CAMPOS, B. M.; VIANA, A. P.; QUINTAL, S. S. R.; BARBOSA, C. D.; DAHER, R. F. Heterotic group formation in *Psidium guajava* L. by artificial neural network and discriminant analysis. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 38, n. 1, p. 151-157, 2016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/0100-2945-258/14>. Acesso em: 15 jun. 2019.

CHIGOZIRI, E.; EKEFAN, E. J. Seed borne fungi of chilli pepper (*Capsicum frutescens*) from pepper producing areas of Benue State, Nigeria. *Agriculture and Biology Journal of North America*, v. 4, n. 4, p. 370-374, 2013. Disponível em: <http://doi.org/10.5251/abjna.2013.4.4.370.374>. Acesso em: 10 maio 2019.

CRUZ, C. D. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>. Acesso em: 04 maio 2019.

CRUZ, C. D. Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum Agronomy*, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>. Acesso em: 04 maio 2019.

CRUZ, C. D.; NASCIMENTO, M. *Inteligência Computacional Aplicada ao Melhoramento Genético*. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2018. 414 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4. ed. Viçosa: Ed. UFV, v. 2, 514 p., 2012.

DIAS, L. P.; VILANOVA, S.; FITA, A.; PROHENS, J.; BURRUEZO, A. R. Genetic diversity, population structure, and relationships in a collection of pepper (*Capsicum* spp.) landraces from the Spanish centre of diversity revealed by genotyping-by-sequencing (GBS). *Horticulture Research*, v. 54, n. 6, p. 1-13, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41438-019-0132-8>. Acesso em: 20 ago. 2019.

DOMENICO, C. I.; COUTINHO, J. P.; GODOY, H. T.; MELO, A. M. T. Caracterização agrônômica e pungência em pimenta de cheiro. *Horticultura Brasileira*, v. 30, n. 3, p. 466-472, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000300018>. Acesso em: 10 maio 2019.

FAO. 2017. FAOSTAT. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx#ancor>. Acesso em: 10 abr. 2019.

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; FINGER, F. L.; SILVA, A. R.; SILVA, F. F.; CRUZ, C. D.; SAVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. *Horticultura Brasileira*, v. 30, n. 3, p. 428-432, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000300012>. Acesso em: 10 abr. 2019.

FERRÃO, L. F. V.; CECON, P. R.; FINGER, F. L.; SILVA, F. F.; PUIATTI, M. Divergência genética entre genótipos de pimenta com base em caracteres morfo-agrônomicos. *Horticultura Brasileira*, v. 29, n. 3, p. 354-358, 2011 Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362011000300016>. Acesso em: 10 abr. 2019.

FERREIRA, F.; SCAPIM, C.A.; MALDONADO, C.; MORA, F. SSR-based genetic analysis of sweet corn inbred lines using artificial neural networks. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 18, n. 3, p. 309-313, 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/198470332018v18n3n45>. Acesso em: 10 jun. 2019.

JANAKI, M.; NAIDU, L. N.; RAMANA, C. V.; RAO, M. P. Assessment of genetic variability, heritability and genetic advance for quantitative traits in chilli (*Capsicum annuum* L.). *The Bioscan*, v. 10, n. 2, p. 729-733, 2015.

KOHONEN, T. *Automatic formation of topological maps of patterns in a self-organizing system*. In: Proc. 2nd Scand. Conf. on Image Analysis, p. 214-220, Oja, E., Simula, O. (eds.). Espoo: Suomen Hahmontunnistustutkimuksen Seura, 1981.

KOHONEN, T. The self-organizing map. *Neurocomputing*, v. 21, n. 1-3, p. 1-6, 1998. Disponível em: [https://doi.org/10.1016/S0925-2312\(98\)00030-7](https://doi.org/10.1016/S0925-2312(98)00030-7). Acesso em: 10 ago. 2019.

KOHONEN, T. *MATLAB Implementations and Applications of the Self-Organizing Map* 2014. Disponível em: http://docs.unigrafia.fi/publications/kohonen_teuvo/. Acesso em: 10 ago. 2019.

LEE, H. Y.; RO, N. Y.; JEONG, H. J.; KWON, J. K.; JO, J.; HA, Y.; JUNG, A.; HAN, J. W.; VENKATESH, J.; KANG, B. C. Genetic diversity and population structure analysis to construct a core collection from a large *Capsicum* germplasm. *BMC Genetics*, v. 17, n. 142, 2016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1186/s12863-016-0452-8>. Acesso em: 05 abr. 2019.

MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. *Proceedings of the National Institute of Sciences of India*, v. 2, n. 1, p. 49-55, 1936.

MATLAB. (2010). Version 7.10.0 [Software]. Natick, MA: The Math Works Inc.

MOJENA R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal*, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977. Disponível em: <http://doi.org/10.1093/comjnl/20.4.359>. Acesso em: 10 mar. 2019.

MWASIAGI, J. I. (2011). Use of SOM to study cotton growing and spinning. In J. I. Mwasiagi (Ed.), *Self organizing maps - Applications and novel algorithm design* (p. 89-94). London, UK: IntechOpen. Disponível em: <http://doi.org/10.5772/14106>. Acesso em: 10 ago. 2019.

NEITZKE, R.S.; BARBIERI, R.L.; RODRIGUES, W. F.; CORRÊA, I. V.; CARVALHO, F.I.F. Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental.

Horticultura Brasileira, v. 28, n. 1, p. 47-53, 2010. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362010000100009>. Acesso em: 05 abr. 2019.

OLIVEIRA, A.C.R.; CECON, P. R.; NASCIMENTO, M.; FINGER, F.L.; PEREIRA, G.M.; PUIATTI, G. A.; Genetic divergence between pepper accessions based on quantitative fruit traits. *Científica*, v. 47, n. 1, p. 83-90, 2019. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.15361/1984-5529.2019v47n1p83-90>. Acesso em: 10 jun. 2019.

RIBEIRO, W. S.; COSTA, L. C.; DIAS, F. S.; SILVA, F. C. S.; PINTO, C. M. F.; FINGER, F. L. Repeatability of agronomic and morphological characteristics in ornamental pepper. *Horticultura Brasileira*, v. 33, n. 3, p. 352-355, 2015. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620150000300012>. Acesso em: 10 abr. 2019.

SANTOS, I. A.; CARNEIRO, V. Q.; SILVA JUNIOR, A. C.; CRUZ, C. D.; SOARES, P. C. Self-organizing maps in the study of genetic diversity among irrigated rice genotypes. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 41, e39803, 2019. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v41i1.39803>. Acesso em: 10 ago. 2019.

SILVA, A. R.; DIAS, C. T. S. Um coeficiente de correlação cofenética para o método de Tocher. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* [online]. v. 48, n. 6, p. 589-596, 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2013000600003>. Acesso em: 05 jun. 2019.

SILVA NETO, J. J.; RÊGO, E. R.; NASCIMENTO, M. F.; SILVA FILHO, V. A. L.; ALMEIDA NETO, J. X.; RÊGO, M. M. Variabilidade em população base de pimenteiras ornamentais (*Capsicum annuum*). *Revista Ceres*, v. 61, n. 1, p. 084-089, 2014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2014000100011>. Acesso em: 10 abr. 2019.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding*, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

SHING, P.; JAIN, P. K.; SHARMA, A. Genetic variability, heritability and genetic advance in chilli (*Capsicum annum* L.) genotypes. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, v. 6, n. 9, p. 2704-2709, 2017. Disponível em: <http://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.609.333>. Acesso em: 10 abr. 2019.

CAPÍTULO 2

Capacidade combinatória e heterose de genótipos de pimenteiras

Combining ability and heterosis of pepper genotypes

RESUMO

A análise da capacidade combinatória é uma ferramenta importante na estimação de parâmetros úteis ao melhoramento genético, pois, auxilia na escolha de genitores, cruzamentos promissores e possibilita a caracterização da natureza e da magnitude da interação gênica envolvida na expressão dos caracteres de interesse. Dessa forma, os objetivos deste trabalho foram estimar a capacidade geral de combinação (CGC), a capacidade específica de combinação (CEC) e os componentes de heterose em um dialelo parcial 5x4 envolvendo nove genótipos comerciais de *Capsicum annuum* L. e suas vinte combinações híbridas. Foram avaliados nove caracteres: peso total do fruto (PTF), comprimento do fruto (CF), largura do fruto (LF), espessura do pericarpo (ESP), número de sementes por fruto (NSF), massa da matéria total do fruto maduro fresco (MTF), porcentagem da massa da matéria total do fruto maduro seco (%MTS), teor de sólidos solúveis (TSS) e teor de vitamina C (VITC). O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, com quatro repetições e uma planta por parcela. Observou-se a existência de variabilidade genética nos componentes do dialelo para todos os caracteres; os efeitos aditivos e não-aditivos foram importantes e significativos, mostrando o desempenho dos genótipos e sua contribuição para a produção de híbridos superiores. Os genótipos ‘Pimentão Quadrado’, ‘Pimenta Jamaica Yellow’, ‘Pimenta Picante para vaso’, ‘Pimenta Cayene’ e ‘Pimenta Peter’ destacaram-se como bons combinadores por apresentarem maior CGC para os caracteres em estudo. A combinação híbrida ‘Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Cascadura Ikeda’ destacou-se pelo melhor desempenho, com as melhores capacidades específicas de combinação e pelo menos um dos pais com alta CGC, para os caracteres PTF, LF, NSF e MTF. O genótipo ‘Pimentão Quadrado’ apresentou o maior potencial *per se*, considerando os caracteres PTF, LF, ESP e MTF, e entre os efeitos de heterose varietal o genótipo ‘Pimenta Jamaica Yellow’ obteve as maiores estimativas para os caracteres PTF, LF, NSF, MTF e TSS. Ademais, observou-se que para as estimativas de heterose específica os cruzamentos ‘Pimenta Vulcão x Pimentão Quadrado’ e ‘Pimenta Cayene x Pimentão Quadrado’ apresentaram efeitos positivos para 77% dos caracteres avaliados.

Palavras-chave: Análise dialélica. *Capsicum annuum* L. Capacidade geral de combinação. Capacidade específica de combinação. Seleção de genitores.

ABSTRACT

The analysis of combinatorial capacity is an important tool in the estimation of parameters useful for genetic improvement, as it assists in the choice of parents, promising crosses and allows the characterization of the nature and magnitude of the genetic interaction involved in the expression of the characters of interest. Thus, the objectives of this work were to estimate the general combining ability (CGC), the specific combining ability (CEC) and the components of heterosis in a 5x4 partial diallel involving nine genotypes commercial of *Capsicum annuum* L. and their twenty combinations hybrids. Nine characters were evaluated: total fruit weight (PTF), fruit length (CF), fruit width (LF), pericarp thickness (ESP), number of seeds per fruit (NSF), mass of the total matter of the ripe fruit fresh (MTF), percentage of the mass of the total matter of the dry ripe fruit (%MTS), soluble solids content (TSS) and vitamin C content (VITC). The experimental design used was completely randomized, with four replications and one plant per plot. The existence of genetic variability in the components of the diallel was observed for all characters; the additive and nonadditive effects were important and significant, showing the performance of the genotypes and their contribution to the production of superior hybrids, the genotypes '*Pimentão Quadrado*', '*Pimenta Jamaica Yellow*', '*Pimenta Picante para vaso*', '*Pimenta Cayene*' and '*Pimenta Peter*' stood out as good combinatorial for presenting greater CGC for the characters under study. The hybrid combination '*Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Cascadura Ikeda*' stood out for the best performance, with the best specific combining capabilities and at least one parent with high CGC, for the characters PTF, LF, NSF and MTF. The genotype '*Pimentão Quadrado*' showed the greatest potential per se, considering the characters PTF, LF, ESP and MTF and, among the effects of varietal heterosis, the genotype '*Pimenta Jamaica Yellow*' obtained the highest estimates for the characters PTF, LF, NSF, MTF and TSS. In addition, it was observed that for the specific heterosis estimates, the crosses '*Pimenta Vulcão x Pimentão Quadrado*' and '*Pimenta Cayene x Pimentão Quadrado*' showed positive effects for 77% of the evaluated characters.

Key words: *Capsicum annuum* L. Diallel analysis. General combining ability. Specific combining ability. Parental selection.

INTRODUÇÃO

O gênero *Capsicum*, pertencente à família Solanaceae, compreende cerca de 40 espécies (THE PLANT LIST, 2010). Destas, cinco são consideradas domesticadas: *Capsicum annuum* L., *C. chinense* Jacq., *C. frutescens* L., *C. baccatum* L. e *C. pubescens* Ruiz & Pav (ESHBAUGH, 1993; BOSLAND; VOTAVA, 2012).

A espécie *Capsicum annuum* L. é um dos vegetais mais importantes do mundo devido à variabilidade de forma, cor, sabor e valor nutricional (ALBRECHT et al., 2012, BLANCO-RIOS et al., 2013), além da aplicabilidade em diversas áreas (SILVAR; GARCÍA-GONZÁLEZ, 2017). Apesar de sua importância, poucas informações sobre características morfológicas e produtivas, que atendem às necessidades mercadológicas e do consumidor, estão disponíveis (JARRET; BERKET, 2012).

A variabilidade genética é o pré-requisito para qualquer programa de melhoramento de plantas, pois aprimoram o desenvolvimento de estratégias racionais de conservação e permitem a identificação de genótipos superiores. E, a hibridação é uma das maneiras mais eficientes de explorar a variabilidade genética existente (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Ademais, a obtenção de híbridos tem sido a melhor estratégia para a formação de uma população base, com efeito imediato sobre a produtividade e a qualidade dos frutos de *Capsicum*. Na hibridação são utilizados indivíduos parentais geneticamente distintos e complementares para os caracteres desejáveis (SANTOS et al., 2017). Os híbridos resultantes destes cruzamentos podem ser conduzidos por sucessivas autofecundações e seleções de genótipos superiores até atingirem a homozigose (BORÉM; MIRANDA, 2013).

As metodologias de análise dialélica fornecem informações úteis para seleção de genitores e para o entendimento dos efeitos envolvidos no controle genético dos caracteres, provendo estimativas de parâmetros (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A análise da capacidade de combinação é uma das ferramentas adotadas para identificação de possíveis genitores para o desenvolvimento de híbridos (GRIFFING, 1956). O exame da capacidade geral de combinação (CGC), medidas de efeitos gênicos aditivos, de cada genitor é útil no desenvolvimento de genótipos superiores, enquanto da capacidade específica de combinação (CEC), medidas de efeitos gênicos não aditivos, estima a performance de híbridos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

No processo de seleção de indivíduos, a ausência de informação sobre a herança dos caracteres quantitativos é uma das principais dificuldades enfrentadas. O conhecimento sobre o efeito heterótico, exibido durante o desenvolvimento da planta, permite uma melhor caracterização do comportamento diferencial de linhagens e híbridos, de modo que propicie

maiores ganhos genéticos e aumente a eficiência dos programas de melhoramento (LOMBARDI et al., 2018, LASMAR et al. 2019).

Em *Capsicum*, alguns trabalhos foram desenvolvidos para a avaliação da CGC e CEC, citam-se Nascimento et al. (2014), Silva et al. (2017), Aditika et al. (2018), Marcelino e Alburquerque (2019), Thilack et al. (2019), entre outros. observa-se os trabalhos desenvolvidos por Silva et al. (2017) ao estudarem a heterose em pimentas ornamentais (*Capsicum annuum* L.), Lasmar et al. (2019) ao avaliarem componentes da heterose em páprica (*C. annuum*) entre outros.

Dessa forma, os objetivos deste trabalho foram estimar a capacidade geral de combinação, a capacidade específica de combinação e os componentes de heterose em um dialelo parcial 5x4 envolvendo nove genótipos comerciais de *Capsicum annuum* L. e suas combinações híbridas, por meio de caracteres do fruto.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado em casa de vegetação pertencente ao setor de Olericultura do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), município de Viçosa. O município de Viçosa está localizado na Zona da Mata de Minas Gerais, nas coordenadas geográficas 20° 45' de latitude sul e 42° 51' de longitude oeste, com altitude média de 650 m.

O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, com quatro repetições e as parcelas foram constituídas por uma única planta. Os tratamentos foram constituídos por nove genótipos, divididos em dois grupos, e vinte combinações híbridas. O grupo I (GI) refere-se a cinco genótipos comerciais de *Capsicum annuum* L. com pungência (Pimenta Vulcão, Pimenta Cayene, Pimenta Peter, Pimenta Picante para vaso e Pimenta Jamaica Yellow). O grupo II (GII) refere-se a quatro genótipos comerciais de *C. annuum* sem pungência (Pimenta Doce Italiana, Pimentão Quadrado, Pimentão Cascadura Ikeda e Pimentão Rubi Gigante).

O esquema dialélico é representado abaixo, conforme Tabela 1.

Tabela 1. Tabela dialélica 5x4 com os nove genótipos comerciais e os 20 híbridos resultantes

Grupo I* (♀)	Grupo II (♂)			
	Pimenta Doce Italiana (6)	Pimentão Quadrado (7)	Pimentão Cascadura Ikeda (8)	Pimentão Rubi Gigante (9)
Pimenta Vulcão (1)	1x6	1x7	1x8	1x9
Pimenta Cayene (2)	2x6	2x7	2x8	2x9
Pimenta Peter (3)	3x6	3x7	3x8	3x9
Pimenta Picante para vaso (4)	4x6	4x7	4x8	4x9
Pimenta Jamaica Yellow (5)	5x6	5x7	5x8	5x9

*Grupo I: genitores pungentes; Grupo II: genitores não pungentes.

As sementes foram semeadas em bandejas de isopor com 200 células, contendo substrato comercial. Foram utilizadas duas sementes por célula sendo feito desbaste após a germinação. Quando as plantas atingiram o estágio de três pares de folhas definitivas foram transplantadas para vasos de 5 L, sendo uma planta por vaso. Os tratos culturais foram realizados quando necessário, conforme as recomendações para a cultura.

Foram avaliados os seguintes caracteres: comprimento do fruto maduro (CF) – a mensuração foi realizada a partir da inserção do pedúnculo até a ponta do fruto, utilizando-se paquímetro digital, expresso em mm; largura do fruto maduro (LF) – foi mensurada na maior largura da seção transversal do fruto, utilizando-se paquímetro digital, expresso em mm; peso total do fruto (PTF) – o fruto foi pesado em balança analítica, expresso em g; espessura da polpa (ESP) – o fruto foi cortado na transversal, em seguida foi realizada a medição na porção intermediária do fruto, utilizando-se paquímetro digital, expresso em mm; número de sementes por fruto (NSF) – obtido pela contagem do número total de sementes por fruto; massa da matéria total do fruto maduro fresco (MTF) – após a remoção das sementes o fruto foi pesado em balança analítica, expresso em g; porcentagem da massa da matéria total do fruto maduro seco (%MTS) – o material do item anterior foi conduzido à estufa de circulação forçada a 60 °C até atingir massa constante, aproximadamente 72 h, em seguida foi pesado em balança analítica fornecendo a massa da matéria total do fruto maduro seco (MTS). A porcentagem da massa da matéria total do fruto seco (%MTS) foi obtida pela seguinte expressão: $\%MTS = (MTS/MTF) \times 100$, em que: MTF: corresponde a massa da matéria total do fruto maduro fresco; MTS: é a massa da matéria total do fruto maduro seco; teor de sólidos solúveis (TSS) – foi determinado extraindo-se um suco do fruto, em seguida o refratômetro foi zerado com água destilada e após depositou-se uma a duas gotas do suco no prisma do aparelho e foi aferido o °Brix (leitura direta) a 26 °C (± 2). A escala de °Brix corresponde a um grama de açúcar (sacarose) em 100 gramas de solução (água); teor de Vitamina C (VITC) – a determinação do conteúdo de vitamina C ou ácido ascórbico foi realizada pelo método titulométrico, expresso em $mg\ 100g^{-1}$.

Com base nos resultados médios obtidos em cada repetição, procedeu-se à análise de variância dialélica para cada variável, segundo a metodologia de Griffing (1956) e adaptada para o dialelo parcial por Geraldi e Miranda Filho (1988), cujo modelo estatístico é (1):

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij} \quad (1)$$

em que: Y_{ij} : média do cruzamento envolvendo o i-ésimo genitor do grupo I e o j-ésimo genitor do grupo II; Y_{i0} : média do i-ésimo genitor do grupo I ($i = 0, 1, \dots, p$); Y_{0j} : média do i-ésimo genitor do grupo II ($j = 0, 1, \dots, q$); μ : média geral do dialelo; d_1, d_2 : contrastes envolvendo médias dos grupos I e II e a média geral; g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo genitor do grupo I; g_j : efeito da capacidade geral de combinação do j-ésimo genitor do grupo II; s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação; $\bar{\epsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

Para análise de heterose adotou-se a metodologia de Gardner e Eberhart (1966), proposta por Miranda Filho e Geraldi (1984), cujo o modelo estatístico (1) é dado por:

$$Y_{ij} = u + \alpha d + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \theta(\bar{h} + h_i + h_j + s_{ij}) + \bar{\epsilon}_{ij} \quad (2)$$

em que: Y_{ij} : média do cruzamento envolvendo o i-ésimo genitor do grupo I e o j-ésimo genitor do grupo II; u : constante associada ao modelo; d : medida da diferença entre médias dos dois grupos; v_i : efeito do i-ésimo genitor do grupo I; v_j : efeito do j-ésimo genitor do grupo II; \bar{h} : efeito da heterose média; h_i : efeito da heterose atribuída ao i-ésimo genitor do grupo I; h_j : efeito da heterose atribuída ao j-ésimo genitor do grupo II; s_{ij} : efeito da heterose específica resultante do cruzamento entre genitores de ordem i e j, dos grupos I e II, respectivamente; e $\bar{\epsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

As análises estatísticas foram realizadas no *software* GENES (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio da análise de variância (Tabela 2), verificou-se diferenças significativas ($p < 0,05$) entre os tratamentos para todos os caracteres, indicando a existência de considerável variabilidade fenotípica entre os mesmos. As estimativas de coeficiente de variação (CV%) variaram entre aproximadamente 7 a 24%.

Os grupos de genitores diferiram estatisticamente entre si para todos os caracteres (Tabela 3). Esse resultado expressa o contraste entre eles e justifica a análise mais aprofundada entre seus cruzamentos.

A análise de variância para a capacidade de combinação mostrou que a variação da capacidade geral de combinação (CGC) foi significativa ($p < 0,05$), exceto para o caractere teor de sólidos solúveis (TSS), conforme Tabela 3. Rodrigues et al. (2012) mencionaram que esse resultado significativo é importante, principalmente na análise de espécies autógamas,

implicando que quanto maior os valores obtidos, os caracteres podem ser fixados em gerações sucessivas de autopolinização para obter linhas superiores.

Ademais, observou-se uma variação significativa ($p < 0,05$) da capacidade específica de combinação (CEC) para todos os caracteres avaliados. Logo, verifica-se a existência de variabilidade genética aditiva e não aditiva significativa (Tabela 3).

Com relação à magnitude dos quadrados médios de CGC e CEC, observa-se que para os caracteres PTF, CF, LF, ESP e VITC, a CGC foi superior a CEC enfatizando, deste modo, uma grande contribuição da ação gênica aditiva no controle dos caracteres estudados. Rodrigues et al. (2012) relataram resultados concordantes para os caracteres PTF, CF, LF e ESP e, destacaram a possibilidade de ganhos de seleção para esses caracteres em gerações segregantes.

Em contrapartida, para os caracteres NSF, %MTS e TSS as estimativas de CEC foram superiores a CGC, permitindo estabelecer a hipótese de que os efeitos gênicos não aditivos revelados foram de maior importância na determinação desses caracteres. Nascimento et al. (2014) observaram efeitos não aditivos no teor de matéria seca dos frutos de *Capsicum*, corroborando com os resultados acima.

Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), estimativas baixas de CGC indicam que o genitor não difere da média geral do dialelo. Em contrapartida, valores elevados de CGC, positivo ou negativo, indicam que o genitor é superior ou inferior aos demais em estudo.

Na Tabela 4, observa-se maiores efeitos de ação aditiva para os caracteres CF (28,57), NSF (18,07) e LF (10,77). Corroborando com esse resultado, Yadahalli et al. (2017) relataram maiores efeitos da ação aditiva para o caractere massa do fruto e comprimento do fruto, avaliando 30 híbridos de pimentão em dialelo completo.

Tabela 2. Quadrados médios da análise de variância univariada, para nove caracteres de fruto avaliados em genitores e suas combinações híbridas (*Capsicum annuum* L.) em um dialelo parcial 5x4

FV	GL	Caracteres ⁽¹⁾								
		PTF	CF	LF	ESP	NSF	MTF	%MTS	TSS	VITC
Tratamentos	28	2522,7*	3753,8*	814,6*	3,29*	4780*	2414,2*	22,29*	3,10*	1411,3*
Resíduo	87	13,61	41,96	7,78	0,06	393,13	14,11	2,59	0,38	175
CV(%)	--	14,94	8,69	10,64	12,84	23,42	15,97	13,20	7,56	13,17

⁽¹⁾ PTF, peso total do fruto (g); CF, comprimento do fruto (mm); LF, largura do fruto (mm); ESP, espessura do pericarpo (mm); NSF, número de sementes por fruto; MTF, massa da matéria total do fruto maduro fresco (g); %MTS, porcentagem da massa da matéria total do fruto maduro seca (g); TSS, teor de sólidos solúveis(°Brix); VITC, teor de vitamina C (mg 100g⁻¹). *Significativo pelo teste F, a 5% de probabilidade.

Tabela 3. Resumo da análise de variância univariada do dialelo parcial 5x4 envolvendo nove genótipos de *C. annuum* e suas combinações híbridas para os nove caracteres de fruto avaliados

FV ⁽²⁾	GL	Caracteres ⁽¹⁾								
		PTF	CF	LF	ESP	NSF	MTF	%MTS	TSS	VIT
Quadrados médios										
Tratamentos	(28)	2522,77*	3753,89*	814,61*	3,29*	4780,00*	2414,24*	22,29*	3,10*	1411,3*
Grupo	1	42723,57*	25193,66*	10709,83*	67,73*	57253,86*	40560,34*	467,06*	20,51*	13186,38*
CGC I	4	1415,52*	13845,09*	1634,63*	0,80*	6537,69*	1333,29*	18,93*	9,29*	3122,70*
CGC II	3	1390,37*	2307,07*	647,71*	2,50*	1997,39*	1347,42*	0,92*	0,29 ^{ns}	842,26*
CEC IxII	20	904,04*	880,68*	180,88*	0,68*	2222,15*	883,15*	3,93*	1,41*	565,68*
Resíduo	87	13,61	41,96	7,78	0,06	393,13	14,11	2,59	0,38	175,00

⁽¹⁾ PTF, peso total do fruto (g); CF, comprimento do fruto (mm); LF, largura do fruto (mm); ESP, espessura do pericarpo (mm); NSF, número de sementes por fruto; MTF, massa da matéria total do fruto maduro fresco (g); %MTS, porcentagem da massa da matéria total do fruto maduro seca (g); TSS, teor de sólidos solúveis(°Brix); VITC, teor de vitamina C (mg 100g⁻¹). ⁽²⁾ FV, fonte de variação; CGC, capacidade geral de combinação; CEC, capacidade específica de combinação. *Significativo pelo teste F, a 5% de probabilidade; ^{ns} não significativo.

Considerando apenas a CGC, observa-se que, o genótipo ‘Pimenta Cayene’, apresentou efeitos positivos para os caracteres PTF, CF, NSF e MTF, o que evidencia, a tendência deste contribuir com a produção de frutos pesados, alongados, e com maior número de sementes, atendendo o mercado de sementes, por exemplo. Especificamente, apresenta a maior estimativa de efeito para o caractere CF (Tabela 4).

Com relação ao genótipo ‘Pimenta Peter’, efeitos negativos de CGC foram observados para NSF e %MTS. Para os demais caracteres verificam-se efeitos positivos, demonstrando que esse genótipo pode contribuir para melhorias, tais como, produção de frutos grandes, alongados, de maior espessura, porém contendo menor número de sementes. Em particular, apresenta a maior estimativa de efeito de CGC para o caractere teor de vitamina C, ou seja, a inclusão desse genótipo contribui para o aumento desse composto no fruto.

Observa-se que, o genótipo ‘Pimenta Picante para vaso’ apresentou valores positivos de CGC para os caracteres %MTS (0,78), TSS (0,72) e VITC (1,78), conforme Tabela 4. Além disso, possui as maiores estimativas de efeitos de CGC para %MTS e TSS, sendo esses caracteres muito importantes para o produto seco (RÊGO et al. 2009). Por outro lado, apresentou valores negativos de CGC para os demais caracteres, indicando que, na média dos cruzamentos, houve uma diminuição da expressão dos caracteres provocada por tal genótipo. Estudos anteriores mostraram que a variação do CF é controlada por genes que atuam de maneira aditiva e não aditiva (LEGG; LIPPERT, 1966).

Em contrapartida, é possível verificar que, o genótipo ‘Pimenta Jamaica Yellow’ apresentou valores positivos de CGC para os caracteres PTF, LF e NSF. Comportamento semelhante foi observado também para o genótipo ‘Pimentão Quadrado’, que apresentou valores positivos de CGC para PTF, ESP e NSF. Esses resultados indicam que a inclusão desses genótipos é desejável, possibilitando a maximização da expressão dos caracteres supracitados (Tabela 4). Corroborando com estes resultados, Ahmed, Tanki e Jabeen (1999) mostraram que as variações genéticas aditivas foram maiores em magnitude quando comparadas às variações não aditivas para comprimento do fruto, espessura do fruto, número de sementes e peso médio dos frutos.

O genótipo ‘Pimenta Vulcão’ apresentou efeitos positivos de CGC para os caracteres %MTS, TSS e VIT C. Para o genótipo ‘Pimentão Cascadura Ikeda’ observou-se efeitos positivos para os caracteres CF e VITC. Em contrapartida, o genótipo ‘Pimentão Rubi Gigante’ obteve valores negativos de CGC para os caracteres CF, %MTS e VITC, indicando que sua adesão, em futuros cruzamentos, possa contribuir para a redução do comprimento do fruto, da porcentagem da massa da matéria total do fruto maduro seco e do teor de vitamina C.

Tabela 4. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) do dialelo parcial 5x4, envolvendo nove genótipos e suas combinações híbridas, para os caracteres peso total do fruto (PTF, mm), comprimento do fruto (CF, mm), largura do fruto (LF, mm), espessura do pericarpo (ESP, mm), número de sementes por fruto (NSF), massa da matéria total do fruto maduro fresco (MTF, g), porcentagem da massa da matéria total do fruto maduro seco (%MTS), teor de sólidos solúveis (TSS, °Brix), teor de vitamina C (VITC, mg 100 g⁻¹)

Genitores	Caracteres								
	PTF	CF	LF	ESP	NSF	MTF	%MTS	TSS	VITC
	CGC								
Pimenta Vulcao (1)	-6,04	-13,20	-5,10	-0,03	-16,76	-5,84	0,73	0,15	2,44
Pimenta Cayene(2)	0,26	28,57	-3,49	-0,11	10,09	0,10	-0,16	-0,61	-2,60
Pimenta Peter(3)	5,86	14,37	3,78	0,06	-1,09	5,81	-0,30	0,18	12,84
Pimenta Picante para vaso (4)	-7,32	-21,59	-5,96	-0,15	-10,31	-7,06	0,78	0,72	1,78
Pimenta Jamaica Yellow(5)	7,23	-8,15	10,77	0,24	18,07	6,98	-1,04	-0,45	-14,47
Pimenta Doce Italiana(6)	-7,33	9,72	-5,27	-0,33	1,05	-7,29	-0,00	-0,04	6,10
Pimentão Quadrado (7)	7,58	-6,88	4,65	0,26	-1,95	7,38	0,22	-0,01	-5,13
Pimentão Cascadura Ikeda (8)	-1,63	3,38	-1,16	-0,07	-8,52	-1,54	-0,15	0,12	1,24
Pimentão Rubi Gigante (9)	1,38	-6,23	1,78	0,14	9,42	1,45	-0,06	-0,07	-2,21
	CEC								
Híbridos									
1x6	-5,02	-10,64	-1,65	0,17	-12,68	-4,75	-0,18	-0,48	-3,75
1x7	-16,84	6,95	-8,15	-0,39	0,95	-16,55	-0,19	-0,05	15,61
1x8	-11,04	-9,28	-4,67	-0,19	-45,40	-10,66	1,15	0,74	2,28
1x9	-11,55	2,92	-4,63	-0,31	-3,29	-11,58	-1,26	-0,52	4,11
2x6	-3,66	9,34	-1,42	-0,23	3,71	-4,16	0,97	-0,41	-0,44
2x7	-12,81	19,26	-6,80	-0,33	16,40	-12,48	-0,48	-0,02	5,02
2x8	1,14	20,02	0,31	0,02	-4,08	1,30	-0,04	-0,46	3,67
2x9	-7,87	9,93	-3,07	-0,35	-18,28	-7,75	-1,05	-0,54	-0,52
3x6	1,72	14,87	1,03	-0,04	-1,22	1,87	-0,29	0,14	10,74
3x7	-9,54	11,06	-4,77	-0,43	24,90	-9,71	-0,95	-0,58	10,59
3x8	-1,06	13,63	-1,01	-0,26	13,73	-1,14	0,11	0,30	-10,27
3x9	-2,17	9,61	-1,07	-0,27	-13,90	-2,08	0,20	-0,28	-17,87
4x6	-5,37	-16,31	-0,01	-0,01	-16,25	-5,11	-1,57	-0,04	-9,30
4x7	-19,71	-0,72	-9,45	-0,38	-18,36	-19,21	1,74	0,23	-7,02
4x8	-10,12	-6,75	-3,23	-0,01	13,33	-10,17	-0,24	-0,52	2,46
4x9	-12,67	-0,44	-5,93	-0,26	2,13	-12,61	-0,65	-0,81	1,85
5x6	-2,14	2,40	-1,16	0,13	-20,14	-1,65	1,01	0,29	5,76
5x7	-9,81	1,17	-3,91	-0,42	0,24	-10,22	1,11	0,97	-36,14
5x8	3,22	-0,96	3,50	0,03	43,31	2,97	-0,04	-0,00	2,47
5x9	2,04	3,57	2,35	0,07	36,49	1,71	0,66	-0,14	9,93

*Valores em negrito indicam as maiores estimativas de CGC e CEC para cada caractere em estudo. Em negrito as maiores estimativas de efeitos de CGC e CEC para cada caractere.

Na seleção de indivíduos, a partir de genitores contrastantes, o ideal é obter cruzamentos com estimativas favoráveis de CEC, com pelo menos um dos genitores com estimativa favorável de CGC. O efeito da CEC é interpretado como desvio do híbrido em relação ao esperado com base na CGC de seus genitores.

No caso, a combinação híbrida ‘Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Cascadura Ikeda’ é a mais indicada quando o objetivo for a obtenção de híbridos superiores para os caracteres PTF, LF, NSF e MTF. Além disso, o genitor ‘Pimenta Jamaica Yellow’ apresenta estimativa

favorável de CGC. Neste mesmo sentido, a combinação ‘Pimenta Picante para vaso x Pimentão Quadrado’ é indicada para melhorias no caractere %MTS, tendo o genitor ‘Pimenta Picante para vaso’ estimativa favorável de CGC. Em geral, os cruzamentos com estimativas favoráveis para CEC associaram estimativas também favoráveis para CGC (Tabela 4).

Com relação à massa da matéria total do fruto maduro fresco (MTF), os resultados da CEC podem ser analisados sob duas perspectivas. Assim, para o mercado de frutos grandes, os híbridos mais interessantes serão aqueles com maiores efeitos positivos da CEC, que descendam do genitor de maior estimativa de efeito de CGC. Em contraste, para o mercado de frutos pequenos, os híbridos mais promissores serão aqueles com maior CEC negativa, derivados do genitor de maior CGC negativa. Desse modo, poderiam ser selecionadas as combinações ‘Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Cascadura Ikeda’, para o primeiro caso, e ‘Pimenta Picante para vaso x Pimentão Cascadura Ikeda’, para o segundo caso.

Para o caractere CF, destacaram-se os cruzamentos ‘Pimenta Cayene x Pimentão Cascadura Ikeda’ e ‘Pimenta Cayene x Pimentão Quadrado’, apresentando os genitores ‘Pimenta Cayene’ e ‘Pimentão Cascadura Ikeda’ estimativas favoráveis de CGC. Silva et al. (2017) ressaltaram que o comprimento e a largura dos frutos são caracteres importantes na comercialização do pimentão, uma vez que o mercado brasileiro valoriza frutos grandes.

Os cruzamentos ‘Pimenta Vulcão x Pimenta Doce Italiana’ e ‘Pimenta Vulcão x Pimentão Quadrado’ destacaram-se em relação aos caracteres ESP e VITC, respectivamente. Com relação ao teor de sólidos solúveis totais (TSS), destacou-se a combinação ‘Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Quadrado’ (0,97), porém ambos os genótipos apresentaram estimativas de CGC negativas. Logo, a melhor opção foi o híbrido ‘Pimenta Vulcão x Pimentão Cascadura Ikeda’, pois o genótipo ‘Pimenta Vulcão’ apresentou efeito positivo de CGC (Tabela 4).

De modo geral, observa-se que as combinações mais promissoras para o consumo fresco foram as combinações ‘Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Cascadura Ikeda’ e ‘Pimenta Vulcão x Pimenta Doce Italiana’, ou seja, podem ser indicadas para isolar genótipos desejáveis para os caracteres largura do fruto (LF), peso total do fruto (PTF) e espessura do pericarpo do fruto (ESP). Ao selecionar frutos para o consumo seco (inteiro ou moído), as combinações ‘Pimenta Picante para vaso x Pimentão Quadrado’ e ‘Pimenta Vulcão x Pimentão Cascadura Ikeda’ apresentaram bons desempenhos para os caracteres porcentagem da massa da matéria seca do fruto (%MTS) e teor de sólidos solúveis totais (TSS).

Em relação à fonte de variação heterose, os caracteres apresentaram efeitos significativos ($p < 0,05$), exceto o caractere %MTS (Tabela 5). A significância do efeito de

heterose possibilita a exploração de combinações híbridas, destacando-se a importância dos efeitos não aditivos e, enfatizando a importância das interações dos alelos não aditivos no controle dos caracteres avaliados. Resultados semelhantes foram encontrados por Shapturenko et al. (2014), Shrestha, Luitel e Kang (2011), Nascimento et al. (2010) que, também relataram heterose significativa em caracteres de *Capsicum annuum* L., sugerindo que efeitos não aditivos são mais importantes.

No desdobramento dos efeitos de heterose, verifica-se efeitos significativos de heterose média para os caracteres, exceto para NSF, %MTS e VITC. As significâncias dos valores de heterose média refletem a superioridade dos híbridos em relação às média dos genitores (Tabela 5).

Os componentes heteróticos varietais (GI e GII) foram significativos, indicando que foram detectadas diferenças na contribuição dos genitores para a heterose, exceto para os caracteres %MTS (GI) e VITC (GII), conforme Tabela 5. A significância do efeito varietal e de heterose evidencia que os mesmos não constituem um grupo homogêneo e que há manifestação da heterose em seus cruzamentos. O efeito varietal está relacionado aos componentes aditivos das médias, e o da heterose aos componentes de dominância (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

Os efeitos significativos entre grupos e de heterose, principalmente da heterose específica indica que o caractere foi influenciado pela participação tanto de efeitos aditivos, quanto de efeitos não aditivos (NASCIMENTO et al., 2010, CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Em contrapartida, o componente de heterose específica foi não significativo para os caracteres LF, ESP e %MTS (Tabela 5), indicando que não deve haver, em geral, diferenças nas frequências alélicas entre os genitores. E, também, reflete a maior importância da variância aditiva, sendo possível a obtenção de ganhos com a avaliação *per se* dos genitores (MACIEL et al., 2010, SILVA et al., 2017).

Tabela 5. Quadrados médios da análise de variância univariada do dialelo parcial 5x4 envolvendo nove variedades comerciais de *C. annuum* para nove caracteres do fruto

FV	GL	Caracteres ⁽¹⁾								
		PTF	CF	LF	ESP	NSF	MTF	%MTS	TSS	VITC
Tratamentos	28	2522,7*	3753,8*	814,6*	3,29*	4780*	2414,2*	22,29*	3,10*	1411,3*
Entre	1	42723,5*	25193,6*	10709,8*	67,73*	57253,8*	40560,3*	467,0*	20,5*	13186,3*
Grupo I	4	1415,5*	13845,0*	1634,6*	0,80*	6537,6*	1333,2*	18,93*	9,2*	3122,7*
Grupo II	3	1390,3*	2307,0*	647,7*	2,50*	1997,3*	1347,4*	0,9 ^{ns}	0,2 ^{ns}	842,2*
Heterose	20	904,0*	880,6*	180,8*	0,68*	2222,1*	883,1*	3,9 ^{ns}	1,4*	565,6*
Heterose Média	1	11555,8*	4126,8*	1881,3*	8,01*	1,58 ^{ns}	11327,8*	1,1 ^{ns}	3,2*	75,5 ^{ns}
G I	4	711,5*	2653,0*	144,4*	0,20*	4082,6*	669,4*	1,8 ^{ns}	2,0*	441,8*
G II	3	1109,3*	462,4*	337,2*	1,36*	1919,1*	1104,8*	8,2*	2,8*	77,5 ^{ns}
Heterose Específica	12	29,2*	123,9*	12,2 ^{ns}	0,06 ^{ns}	1862,8*	28,5*	3,7 ^{ns}	0,7*	769,8*
Resíduo	87	13,61	41,96	7,78	0,06	393,13	14,11	2,59	0,38	175

⁽¹⁾ PTF, peso total do fruto (g); CF, comprimento do fruto (mm); LF, largura do fruto (mm); ESP, espessura do pericarpo (mm); NSF, número de sementes por fruto; MTF, massa da matéria total do fruto fresco (g); %MTS, porcentagem da massa da matéria total do fruto seco(g); TSS, teor de sólidos solúveis(°BRIX); VITC, teor de vitamina C (mg 100g⁻¹). *Significativo pelo teste F, a 5% de probabilidade.

Tabela 6. Estimativa dos efeitos de variedade (v_i e v_j) e heterose (h_i e h_j) do dialelo parcial 5x4, envolvendo nove variedades comerciais de *Capsium annuum* L. e nove caracteres de frutos

	PTF ⁽¹⁾		CF		LF		ESP		NSF		MTF		%MTS		TSS		VITC	
	v_i	h_i	v_i	h_i	v_i	h_i	v_i	h_i	v_i	h_i	v_i	h_i	v_i	h_i	v_i	h_i	v_i	h_i
Grupo I																		
Pimenta Vulcão	-3,17	-8,90	-13,42	-12,98	-6,02	-4,17	-0,05	-0,01	-3,15	-30,37	-3,1	-8,57	1,57	-0,1	0,24	0,06	-5,31	10,2
Pimenta Cayene	-1,20	1,72	35,84	21,31	-6,88	-0,11	-0,13	-0,09	21,47	-1,28	-1,44	1,65	-0,16	-0,17	-0,71	-0,5	-10,1	4,95
Pimenta Peter	3,92	7,80	12,12	16,62	5,10	2,46	0,27	-0,15	-13,77	11,59	3,95	7,66	-0,27	-0,33	0,36	0,01	28,0	-2,32
Pimenta Picante para vaso	-4,02	-10,61	-23,10	-20,08	-7,98	-3,93	-0,31	0,01	-10,9	-9,73	-3,77	-10,35	1,8	-0,23	1,79	-0,34	8,50	-4,92
Pimenta Jamaica Yellow	4,47	9,98	-11,44	-4,87	15,79	5,76	0,22	0,26	6,35	29,79	4,36	9,61	-2,93	0,84	-1,69	0,78	-21,0	-7,90
Erro Padrão	1,65	1,16	2,89	2,04	1,24	0,88	0,11	0,08	8,86	6,27	1,68	1,18	0,72	0,5	0,27	0,19	5,91	4,18
Grupo II																		
Pimenta Doce Italiana	-24,09	8,48	29,57	-9,11	-15,65	4,60	-1,10	0,39	25,6	-21,14	-24,19	8,63	-0,14	0,12	-0,1	0,02	9,35	2,57
Pimentão Quadrado	32,86	-15,93	-22,67	8,02	19,13	-8,84	1,08	-0,49	-15,77	10,68	32,35	-15,83	-0,33	0,69	-0,57	0,49	-5,65	-4,15
Pimentão Cascadura Ikeda	-11,00	6,96	8,40	-1,46	-6,50	3,75	-0,39	0,21	-27,3	9,22	-10,73	6,88	-0,93	0,56	-0,04	0,27	0,83	1,49
Pimentão Rubi Gigante	2,23	0,48	-15,30	2,55	3,02	0,48	0,41	-0,11	17,47	1,23	2,57	0,3	1,41	-1,39	0,72	-0,79	-4,54	0,09
Erro Padrão	1,59	1,07	2,80	1,88	1,20	0,81	0,11	0,07	8,58	5,75	1,62	1,09	0,69	0,46	0,26	0,18	5,72	3,84

⁽¹⁾ PTF, peso total do fruto (g); CF, comprimento do fruto (mm); LF, largura do fruto (mm); ESP, espessura do pericarpo (mm); NSF, número de sementes por fruto; MTF, massa da matéria total do fruto fresco (g); %MTS, porcentagem da massa da matéria total do fruto seco(g); TSS, teor de sólidos solúveis(°Brix); VITC, teor de vitamina C (mg 100g⁻¹). *Significativo pelo teste F, a 5% de probabilidade.

Tabela 7. Estimativas do efeito de heterose específica manifestada nos híbridos resultantes dos cruzamentos entre os genitores dos grupos I(GI) e II (GII), para os nove caracteres em estudo

Grupo I x Grupo II	PTF ⁽¹⁾	CF	LF	ESP	NSF	MTF	%MTS	TSS	VITC
Pimenta Vulcão x Pimentão Doce Italiana	2,32	-4,08	1,07	0,17	11,82	2,29	-0,11	-0,41	-9,46
Pimenta Vulcão x Pimentão Quadrado	1,35	5,90	0,55	0,01	11,31	1,37	-0,28	-0,19	12,89
Pimenta Vulcão x Pimentão Cascadura Ikeda	-3,02	-6,12	-1,56	-0,10	-34,4	-2,83	1,02	0,70	-2,94
Pimenta Vulcão x Pimentão Rubi Gigante	-0,65	4,30	-0,06	-0,8	11,26	-0,82	-0,52	-0,09	-0,49
Pimenta Cayene x Pimenta Doce Italiana	-1,63	-1,24	-0,72	-0,18	13,66	-2,22	1,07	-0,06	-3,52
Pimenta Cayene x Pimentão Quadrado	0,06	1,05	-0,12	0,10	12,21	0,32	-0,64	0,11	4,93
Pimenta Cayene x Pimentão Cascadura Ikeda	3,85	6,03	1,39	0,15	-7,61	4,01	-0,14	-0,22	1,08
Pimenta Cayene x Pimentão Rubi Gigante	-2,29	-5,84	-0,54	-0,07	-18,26	-2,11	-0,28	0,16	-2,49
Pimenta Peter x Pimenta Doce Italiana	0,72	6,62	0,45	0,03	2,29	0,79	-0,11	0,23	11,30
Pimenta Peter x Pimentão Quadrado	0,30	-4,79	0,61	0,03	14,28	0,08	-1,03	-0,70	14,14
Pimenta Peter x Pimentão Cascadura Ikeda	-1,39	1,98	-1,22	-0,10	3,75	-1,43	0,09	0,29	-9,24
Pimenta Peter x Pimentão Rubi Gigante	0,37	-3,82	0,16	0,03	-20,33	0,54	1,06	0,17	-16,21
Pimenta Picante para vaso x Pimenta Doce Italiana	2,82	-6,20	2,59	-0,02	-2,06	2,82	-1,44	0,23	-7,44
Pimenta Picante para vaso x Pimentão Quadrado	-0,66	1,77	-0,86	0,00	-18,32	-0,39	1,61	0,30	-2,17
Pimenta Picante para vaso x Pimentão Cascadura Ikeda	-1,24	-0,04	-0,24	0,06	14,02	-1,45	-0,31	-0,36	4,80
Pimenta Picante para vaso x Pimentão Rubi Gigante	-0,92	4,47	-1,49	0,04	6,37	-0,97	0,14	-0,17	4,81
Pimenta Jamaica Yellow x Pimenta Doce Italiana	-4,24	4,91	-3,40	0,00	-25,72	-3,69	0,60	0,00	9,11
Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Quadrado	-1,06	-3,93	-0,17	-0,15	-19,48	-1,39	0,44	0,47	-29,80
Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Cascadura Ikeda	1,80	-1,86	1,64	-0,01	24,24	1,71	-0,65	-0,40	6,30
Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Rubi Gigante	3,49	0,88	1,94	0,17	20,96	3,37	-0,39	-0,07	14,38
Erro Padrão	1,42	2,50	1,70	0,15	7,67	1,45	0,64	0,24	5,12

⁽¹⁾ PTF, peso total do fruto (g); CF, comprimento do fruto (mm); LF, largura do fruto (mm); ESP, espessura do pericarpo (mm); NSF, número de sementes por fruto; MTF, massa da matéria total do fruto fresco (g); %MTS, porcentagem da massa da matéria total do fruto seco(g); TSS, teor de sólidos solúveis(°Brix); VITC, teor de vitamina C (mg 100g⁻¹).

Os efeitos varietais (v_i, v_j) correspondem aos efeitos *per se* estimados pelos desvios das variedades, em relação à média de todas as variedades incluídas no dialelo. Na Tabela 6, observa-se que o maior efeito varietal foi apresentado pelo genótipo ‘Pimentão Quadrado’, para os caracteres PTF, LF, ESP e MTF. Com relação aos caracteres CF, NSF e VIT C, o maior efeito *per se* foi obtido pelos genótipos ‘Pimenta Cayene’, ‘Pimenta Doce Italiana’ e ‘Pimenta Peter’, respectivamente. Por fim, o genótipo ‘Pimenta Picante para vaso’ apresentou o maior efeito varietal para os caracteres %MTS e TSS.

O parâmetro heterose varietal (h_i, h_j) é interpretado como a diferença entre a média das heteroses dos híbridos e a heterose média. Na Tabela 6, para os caracteres PTF, LF, NSF, MTF, %MTS e VITC, a maior estimativa foi obtida pelo genótipo ‘Pimenta Jamaica Yellow’. Para o caractere CF, as estimativas dos efeitos de heterose (\hat{h}_i, \hat{h}_j) variaram entre -20,08 mm e 21,31 mm, referentes ao genótipo ‘Pimenta Picante para vaso’ e ‘Pimenta Cayene’, respectivamente. Para o caractere espessura do pericarpo (ESP), as estimativas dos efeitos de heterose variaram entre -0,49 mm e 0,39 mm, correspondente aos genótipos ‘Pimentão Quadrado’ e ‘Pimenta Doce Italiana’, respectivamente. As estimativas de heterose varietal são de fundamental importância no que diz respeito ao significado genético, tanto em seu sinal quanto em sua magnitude. Quanto maior e mais positiva for a magnitude da variação heterótica, melhor a contribuição híbrida obtida (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O efeito de heterose específica (h_{ij}) refere-se ao desvio de um cruzamento, em relação ao que seria esperado, na capacidade geral de combinação de seus parentais (CRUZ; VENCOVSKY, 1989). Em relação aos efeitos de heterose específica, considerando os efeitos varietais, para \hat{h}_{17} , verifica-se que as estimativas para os caracteres PTF e MTF, envolvendo a combinação ‘Pimenta Vulcão x Pimentão Quadrado’ e para os caracteres LF e ESP, as combinações ‘Pimenta Cayene x Pimentão Quadrado’ e ‘Pimenta Peter x Pimentão Quadrado’, respectivamente, foram geneticamente superiores, pois apresentaram efeitos positivos (Tabela 7). Para o caractere CF, entre os efeitos \hat{h}_{2j} , o cruzamento ‘Pimenta Cayene x Pimentão Cascadura Ikeda’ foi o de maior efeito positivo. E, entre os efeitos \hat{h}_{16} , o cruzamento ‘Pimenta Cayene x Pimenta Doce Italiana’ apresentou o maior efeito positivo para o caractere NSF. Para os efeitos \hat{h}_{4j} , os híbridos ‘Pimenta Picante para vaso x Pimenta Doce Italiana’ e ‘Pimenta Picante para vaso x Pimentão Quadrado’ foram os de maiores efeitos positivos para os caracteres %MTS e TSS, respectivamente. Por fim, entre os efeitos \hat{h}_{3j} , identifica-se a

combinação ‘Pimenta Peter x Pimentão Quadrado’ como a geneticamente superior, para o caractere VITC (Tabela 7).

CONCLUSÃO

Os genótipos ‘Pimentão Quadrado’, ‘Pimenta Jamaica Yellow’, ‘Pimenta Picante para vaso’, ‘Pimenta Cayene’ e ‘Pimenta Peter’ apresentaram maior capacidade geral de combinação, o que os torna potenciais genitores para serem usados em programas de melhoramento de novos híbridos.

As combinações híbridas ‘Pimenta Cayene x Pimentão Casacadura Ikeda’, ‘Pimenta Cayene x Pimentão Quadrado’, ‘Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Casacadura Ikeda’ e ‘Pimenta Picante para vaso x Pimentão Quadrado’ apresentaram os maiores valores de capacidade específica de combinação e pelo menos um dos genitores com alta CGC.

Destacaram-se, quanto aos efeitos de heterose varietal, os genótipos ‘Pimenta Jamaica Yellow’, ‘Pimenta Cayene’, ‘Pimenta Doce Italiana’ e ‘Pimenta Vulcão’ e, quanto aos efeitos *per se*, os genótipos ‘Pimentão Quadrado’, ‘Pimenta Picante para vaso’, ‘Pimenta Cayene’, ‘Pimenta Doce Italiana’ e ‘Pimenta Peter’, constituindo genótipos promissores para programas de melhoramento de *Capsicum annum*. E, entre os efeitos de heterose específica os cruzamentos ‘Pimenta Vulcão x Pimentão Quadrado’ e ‘Pimenta Cayene x Pimentão Quadrado’ apresentaram efeitos positivos para 77% dos caracteres avaliados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADITIKA, H. S.; KUMAR, R.; DOGRA, R. K.; ANKITA S. Mean performance of parents and hybrids involved in half diallel mating design in bell pepper (*Capsicum annum* L. var. Grossum). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, v.7, n. 1, p. 1040-1043, 2018.

AHMED, N.; TANKI, M. I.; JABEEN, N. Heterosis and combining ability studies in hot pepper (*Capsicum annum* L.). *Applied Biological Research*, v. 1, n. 1, p. 11–14, 1999.

ALBRECHT, E.; ZHANG, D.; SAFTNER, R. A.; STOMMEL, R. J. Genetic diversity and population structure of *Capsicum baccatum* genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 59, n. 2, p. 517-538, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10722-011-9700-y>. Acesso em: 04 maio 2019.

BLANCO-RIOS, A. K.; MEDINA-JUAREZ, L. A.; GONZÁLEZ-AGUILAR, G. A., GAMEZ-MEZA, N. Antioxidant activity of the phenolic and oily fractions of different sweet bell peppers. *Journal of the Mexican Chemical Society*, v. 57, n. 2, p. 137-143, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.29356/jmcs.v57i2.226>. Acesso em: 10 maio 2019.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. *Melhoramento de Plantas*. Viçosa: Editora UFV, 2013.

BOSLAND, P. W.; VOTAVA, E. J. *Peppers: vegetable and spice Capsicums*, 2 nd ed. CAB International, Oxfordshire, U. K., 2012.

CRUZ, C. D. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>. Acesso em: 04 maio 2019.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4. ed. Viçosa: Ed. UFV, v. 2, 514 p., 2012.

CRUZ, C. D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 425-438, 1989.

ESHBAUGH, W. H. *Peppers: history and exploitation of a serendipitous new crop*. Discovery, 1993.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. *Biometrics*, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética*, v. 11, n. 2, p. 419-430, 1988.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. de. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University Press, 1988.

JARRET, R. L.; BERKET, T. Variation for fruit morphological characteristics in a *Capsicum chinense* Jacq. germplasm collection. *HortScience*, v. 43, n 6, p. 1694-1697, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.21273/HORTSCI.43.6.1694>. Acesso em: 24 jun. 2019.

LASMAR, A.; MALUF, W. R.; BENAVENTE, C. A. T.; NOGUEIRA, D. W.; NOGUEIRA, D. G. Análise dialélica e componentes da heterose em páprica. *Revista Ciência Agronômica* [online], v. 50, n. 2, p. 282-290, 2019. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.5935/1806-6690.20190033>. Acesso em: 10 jan. 2020.

LEGG, P. D.; LIPPERT, L. F. Estimates of genetic and environmental variability in a cross between two strains of pepper (*Capsicum annuum* L). *American Society for Horticultural Science*, v. 89, p. 443-448, 1966.

LOMBARDI, G. M. R.; NAVEGANTES, P. C. A.; PEREIRA, C. H.; FONSECA, J. M. O.; PARRELLA, R. A. C.; CASTRO, F. M. R.; ROCHA, M. J.; ORNELAS, D. O.; BRUZI, A. T.; NUNES, J. A. R. Heterosis in sweet sorghum. *Pesquisa agropecuária brasileira*, v. 53, n. 5, p. 593-601, 2018. Disponível em: <http://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000500008>. Acesso em: 16 jun. 2019.

MACIEL, G. M.; MALUF, W. R.; SILVA, V. F.; GONÇALVES NETO, A. C.; NOGUEIRA, D. W.; GOMES, L. A. A. Heterose e capacidade combinatória de 71 linhagens de tomateiro

ricas em acilaçúcares. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, v. 34, n. 5, p. 1161-1167, 2010. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542010000500012>. Acesso em 11 maio 2019.

MARCELINO, R. A. G.; ALBUQUERQUE, A. S. Diallel analysis of quantitative characteristics in ornamental peppers. *Genetics and Molecular Research*, v. 18, n. 3, gmr18415, 2019. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18415>. Acesso em: 10 jan. 2020.

MIRANDA FILHO, J. B.; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética*, v. 7, n. 4, p. 667-688, 1984.

NASCIMENTO, N. F. F.; RÊGO, E. R., NASCIMENTO, M. F., FINGER, F. L., BRUCKNER, C. H., RÊGO, M. M. Combination ability for yield and fruit quality in pepper (*Capsicum annuum*). *Genetics and Molecular Research*, v. 13, n. 2, p. 3237-3249, 2014. Disponível em: <http://doi.org/10.4238/2014.April.29.2>. Acesso em: 05 abr. 2019.

RÊGO, E. R.; RÊGO, M. M.; FINGER, F. L.; CRUZ, C. D.; CASALI, V. W. D. A diallel study of yield components and fruit quality in chilli pepper (*Capsicum baccatum*). *Euphytica*, v. 168, n. 2, p. 275-287, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10681-009-9947-y>. Acesso em: 05 abr. 2019.

RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A.; BENTO, C. S.; SUDRÉ, C. P.; ROBAINA, R. R.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Combining ability and heterosis for agronomic traits in chili pepper. *Horticultura Brasileira*, v. 30, n. 2, p. 226-233, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000200008>. Acesso em: 05 abr. 2019.

SANTOS, P. R.; MELO, R. A.; COSTA, K. D. S.; ROCHA, F. A. T.; COSTA, I. J. N.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; MENEZES, D. Combining ability and agronomic performance of sweet pepper in greenhouse. *Horticultura Brasileira*, v. 35, n. 1, p. 026-032, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620170105>. Acesso em: 20 maio 2019.

SHAPTURENKO, M. N.; TARUTINA, L. A.; MISHIN, L. A.; KILCHEVSKY, A. V.; KHOTYLEVA, L. V. DNA divergence as a criterion of a sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) selection for heterosis. *Russian Journal of Genetics*, v. 50, n. 2, p. 123-130, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1134/S1022795414020148>. Acesso em: 23 nov. 2019.

SHRESTHA, S. L.; LUITEL, B. P.; KANG, W. H. Heterosis and heterobeltiosis studies in sweet pepper (*Capsicum annuum* L.). *Horticulture, Environment and Biotechnology*, v. 52, n. 3, p. 278-283, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13580-011-0106-8>. Acesso em: 23 nov. 2019.

SILVA, C. Q.; RODRIGUES, R.; BENTO, C. S.; PIMENTA, S. Heterosis and combining ability for ornamental chili pepper. *Horticultura Brasileira*, v. 35, n. 3, p. 349-357, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-053620170306>. Acesso: 20 abr. 2019.

SILVAR, C.; GARCÍA-GONZÁLEZ, C. A. Screening old peppers (*Capsicum* spp.) for disease resistance and pungency-related traits. *Scientia Horticulturae*, v. 218, p. 249-257, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2017.02.037>. Acesso em: 10 maio 2019.

THE PLANT LIST. *A working list off all plant species*. Version 1, 2010. Disponível em: <http://www.theplantlist.org/>. Acesso em: 20 mar. 2019.

THILAK, J. C.; PANT, S. C.; HEGDE, C. B.; PALIWAL, A. Diallel analysis for study of combining ability for quantitative traits in chilli (*Capsicum annuum* var. *acuminatum* Fingerh.). *International Journal of Chemical Studies*, v. 7, n. 1, p. 1750-1752, 2019.

YADAHALLI, P. SRINIVASA, V.; LAKSHAMANA, D.; HADAPAD, B. Combining ability studies for growth and yield characters Bell Pepper (*Capsicum annuum* L.). *Environment & Ecology*, v. 35, n. 2, p. 1521-1525, 2017. Disponível em: <http://www.environmentandecology.com/>. Acesso em: 20 abr. 2019.

CAPÍTULO 3

Modelos não lineares baseados em quantis aplicados no ajuste de curvas de crescimento de pimentas

Nonlinear models based on quantiles in the adjustment of growth curves of pepper

RESUMO

Este estudo teve por objetivos ajustar modelos de regressão não linear para descrever o crescimento de pimentas (*Capsicum annuum* L.) ao longo do tempo, por meio do método dos mínimos quadrados ordinários (MQO); identificar o modelo com melhor ajuste, e posteriormente, compará-lo ao obtido via regressão quantílica não linear (RQ), nos quantis 0,25, 0,5 e 0,75. Foram adotados três modelos de regressão não linear (Logístico, Gompertz e von Bertalanffy) e três medidores de qualidade de ajuste: o critério de informação de Akaike, o desvio médio absoluto dos resíduos e o quadrado médio do resíduo. Foram avaliados cinco genótipos comerciais de pimenta (Vulcão, Picante para vaso, Peter, Cayene e Jamaica Yellow), com base nos caracteres comprimento do fruto (CF) e largura do fruto (LF) mensurados semanalmente, iniciando aos sete dias após o florescimento e, totalizando dez mensurações. Na estimação por MQO, os modelos Logístico e von Bertalanffy foram considerados adequados, com base nos indicadores de qualidade. Na comparação entre os modelos, por meio de MQO e RQ, verifica-se a superioridade dos modelos obtidos via RQ. Logo, a regressão quantílica não linear foi considerada adequada para descrever o crescimento de pimentas.

Palavras-chave: *Capsicum annuum*. Mínimos quadrados ordinários. Regressão quantílica.

ABSTRACT

This study aimed to adjust nonlinear regression models to describe the growth of peppers (*Capsicum annuum* L.) over time, using the ordinary least squares (OLS) method; to identify the model with the best fit and then compare it to those obtained by nonlinear quantile regression (NQR), in the 0.25, 0.5 and 0.75 quantiles. Three nonlinear regression models (Logistic, Gompertz and von Bertalanffy) were adopted and three adjustment quality evaluators were adopted: the Akaike information criterion, the mean absolute deviation of the residues and the mean square of the residue. Five commercial pepper genotypes (*Vulcão*, *Picante para vaso*, *Peter*, *Cayene* e *Jamaica Yellow*) were evaluated, based on the characters length of fruit (CF) and width of fruit (LF) measured weekly, beginning at seven days after flowering and totaling

ten measurements. In estimating by OLS, the Logistical and von Bertalanffy models were considered adequate, based on quality indicators. In the comparison between the models, using OLS and QR, the superiority of the models obtained via QR is verified. Therefore, nonlinear quantile regression was considered adequate to describe the growth of peppers.

Key words: *Capsicum annuum*. Ordinary least squares. Quantile regression.

INTRODUÇÃO

A pimenta (*Capsicum* spp.) é uma das principais culturas hortícolas do mundo, com uma alta variação de características extrínsecas e intrínsecas, e conseqüentemente, ampla plasticidade de usos, como culinário, industrial e ornamental (JARRET et al., 2019, TRIPODI et al., 2019). Entre as espécies cultivadas, *Capsicum annuum* L. é a mais conhecida, e de maior representatividade econômica e distribuição mundial (PICKERSGILL, 1997, HWANG et al., 2013, TRIPODI et al., 2019).

O aumento do interesse comercial em frutos de pimenta vem contribuindo para o aparecimento de um grande número de cultivares, que combinam alto rendimento, resistência à doenças, bem como atratividade estética e outros (SASU et al., 2013; NEITZE et al., 2016; CABRAL et al., 2017).

Dessa forma, a produção mundial de pimentas vem apresentando crescimento contínuo, em termos de área colhida e rendimento (JARRET et al., 2019). A Ásia contribuiu com 68,4% da produção mundial de *Capsicum* spp. (fruto fresco), enquanto as Américas, Europa, África e Oceania contribuem com 12,5%, 8,1%, 10,7% e 0,3%, respectivamente. Na produção de fruto seco, o ranqueamento é análogo (FAO, 2018).

O peso, o comprimento e o diâmetro dos frutos são importantes caracteres de qualidade em muitas culturas hortícolas (RÊGO; RÊGO; FINGER, 2016). Assim, a avaliação do comportamento desses caracteres ao longo do ciclo da cultura é fundamental para a tomada de decisão do pesquisador, visando o desenvolvimento de técnicas adequadas de manejo, e objetivando a colheita de frutos em estádios adequados de crescimento.

Modelos sigmoidais são utilizados para descrever o crescimento de várias culturas hortícolas, sendo, geralmente, obtidos por meio de modelos de regressão não lineares, como os modelos Logístico e von Bertalanffy para descrever a produção de frutos de abobrinha (*Cucurbita pepo* L.) e pimentão (*Capsicum annuum* L.) (LÚCIO et al., 2015), Brody, Gompertz, Logístico e von Bertalanffy para prever o número e massa fresca de frutos de berinjela (*Solanum melongena* L.) (SARI et al., 2019) e Logístico para descrever o acúmulo de matéria seca de alho (PUIATTI et al., 2018, 2020).

Todavia, estes modelos apresentam informações em termos médios, e estão sujeitos a problemas de ajustes ocasionados pela presença de valores extremos ou desvios da distribuição dos dados. Alternativamente, o ajuste de curvas de crescimento, por meio de modelos de regressão quantílica não linear possui capacidade de corrigir e/ou minimizar estes problemas (PUIATTI et al., 2018).

A regressão quantílica (KOENKER; BASSETT, 1978) é uma ferramenta estatística flexível com um vasto número de aplicações que complementam a regressão média. Essa metodologia possui capacidade de extrair inferências sobre indivíduos que se situam abaixo ou acima da média condicional da população (KOENKER; GELING, 2001). Entretanto, ainda são poucos os estudos que utilizam novas ferramentas, como a regressão quantílica não linear, para descrever o crescimento de frutos.

Dessa forma, os objetivos deste trabalho foram ajustar modelos de regressão não linear para descrever o crescimento de pimentas (*Capsicum annuum* L.), ao longo do tempo, por meio do método dos mínimos quadrados ordinários (MQO); identificar o modelo com melhor ajuste e, posteriormente, compará-lo ao obtido via regressão quantílica não linear, nos quantis 0,25, 0,5 e 0,75.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados cinco genótipos comerciais de pimenta (Vulcão, Picante para vaso, Peter, Cayene e Jamaica Yellow). O experimento foi realizado no período de dezembro de 2017 a julho de 2018 em casa de vegetação pertencente ao setor de olericultura do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), município de Viçosa, Zona da Mata de Minas Gerais, cujas coordenadas geográficas são: 20° 45' de latitude sul e 42° 51' de longitude oeste, altitude média de 650 m.

Os caracteres avaliados foram: o comprimento do fruto (CF) e a largura do fruto (LF), expressos em milímetros. As mensurações foram realizadas em dez períodos, com início aos sete dias após o florescimento (DAF), com frequências semanais.

Foram ajustados três modelos de regressão não linear por meio do método de mínimos quadrados ordinários (MQO), para cada genótipo: (a) Logístico: $y_i = \frac{\beta_1}{1 + \beta_2 e^{[-\beta_3 x_i]}} + \varepsilon_i$; (b) Gompertz: $y_i = \beta_1 e^{[-\beta_2 e^{(-\beta_3 x_i)}]} + \varepsilon_i$; e (c) von Bertalanffy: $y_i = \beta_1 [1 - \beta_2 e^{(-\beta_3 x_i)}] + \varepsilon_i$; em que, y_i é o comprimento do fruto ou a largura do fruto, expresso em milímetros (variável resposta); x_i representa os períodos de avaliação do caractere, DAF (variável independente); (β_1 , β_2 e β_3) são

os parâmetros que descrevem, respectivamente, o comprimento ou a largura assintótica do fruto; o fator de integração, sem interpretação biológica e, a taxa de crescimento diário dos genótipos e ε_i é o erro aleatório, $\varepsilon_i \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$.

Para a comparação entre os modelos foi empregada três medidores de qualidade de ajuste: (a) desvio médio absoluto dos resíduos: $DMA = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i|$; em que, n é o número de observações, y_i o valor observado do caractere em questão e \hat{y}_i o valor estimado do caractere em questão, pelo modelo analisado; (b) critério de informação de Akaike: $AIC = -2 \log L(\hat{\theta}) + 2k$; em que, $L(\hat{\theta})$ é o máximo da função de verossimilhança e k o número de parâmetros do modelo; e (c) coeficiente de determinação: $R^2 = 1 - SQR/SQT$, no caso MQO; em que, SQR é a soma dos quadrados residuais e SQT é a soma de quadrados total corrigida pela média.

Após a identificação do melhor modelo, este foi comparado aos obtidos por meio da RQ, de acordo com os quantis (τ) 0,25, 0,5 e 0,75, para descrever o crescimento de genótipos de pimentas ao longo do tempo. Os modelos de RQ foram ajustados segundo o algoritmo de pontos interiores proposto por Koenker e Park (1996). Essa metodologia tem como finalidade computar estimativas de regressão quantílica quando a função resposta é não linear nos parâmetros. Os modelos são especificados de modo semelhante, entretanto há uma ponderação τ associada a cada parâmetro, sendo τ o valor do quantil adotado, 0,25, 0,50 e 0,75 no caso ($\tau \in [0,1]$). Para o ajuste dos modelos de regressão quantílica não linear foi utilizado a função `nlrq` do pacote `quantreg` (KOENKER, 2016).

Para a comparação entre a qualidade de ajuste dos modelos foram adotados os três medidores da qualidade de ajuste, mencionados anteriormente. Entretanto, para a regressão quantílica não linear (RQ) o coeficiente de determinação adotado foi: $R_\tau^2 = 1 - \hat{V}(\tau) / \tilde{V}(\tau)$; em que, τ é o quantil do modelo ajustado; $\hat{V}(\tau)$ a função da variância dos resíduos do modelo ajustado para o quantil τ ; $\tilde{V}(\tau)$ a variância dos valores observados.

Todas as análises computacionais foram realizadas utilizando o *software* estatístico R versão 4.0.0 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2020).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para os genótipos de Pimenta Vulcão, Cayene e Peter, o modelo obtido via método dos mínimos quadrados ordinários (MQO) que melhor descreveu o comportamento dos

genótipos, associado ao caractere comprimento do fruto, foi o Logístico. Para os genótipos Picante para vaso e Jamaica Yellow, o modelo indicado foi o von Bertalanffy (Tabela 1). Para o estudo de crescimento de frutos, o uso de modelos não lineares, como o Logístico e o von Bertalanffy (LÚCIO et al., 2015; MUNIZ et al., 2016; SARI et al., 2019), são comuns.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros do modelo ($\hat{\beta}_1, \hat{\beta}_2, \hat{\beta}_3$) obtidas por MQO, e os medidores de qualidade de ajuste: Critério de Informação de Akaike (AIC), Desvio Médio Absoluto dos resíduos (DMA) e Coeficiente de Determinação (R^2), para o caractere comprimento do fruto

Genótipo	Modelo	Parâmetros			Medidores de Qualidade		
		$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$	AIC	DMA	R^2
Vulcão	G	20,1613	1,6514	0,1609	28,0398	0,4887	0,9830
	L	20,0430	4,0294	0,2326	18,2784	0,2907	0,9936
	vB	20,2112	0,4227	0,1404	30,7171	0,5621	0,9778
Picante para vaso	G	19,1307	0,9540	0,2544	9,2871	0,2327	0,9946
	L	19,0987	1,5894	0,3188	11,6489	0,2599	0,9932
	vB	19,1409	0,2727	0,2355	8,3149	0,2211	0,9951
Peter	G	51,6905	3,6155	0,1423	45,7640	1,2217	0,9907
	L	51,2288	12,0537	0,2056	26,4134	0,4511	0,9987
	vB	51,5671	1,0289	0,1396	49,7959	1,2927	0,9861
Cayene	G	75,2287	3,1447	0,1369	45,8915	0,9945	0,9954
	L	74,3656	10,2503	0,2027	32,6629	0,7196	0,9988
	vB	75,5574	0,7655	0,1203	53,1765	1,3801	0,9905
Jamaica Yellow	G	32,4349	1,3926	0,0939	28,9639	0,6524	0,9925
	L	32,0695	2,6249	0,1253	37,1788	0,9783	0,9831
	vB	32,6126	0,3800	0,0838	24,6686	0,5172	0,9951

G: Gompertz; L: Logístico; vB: von Bertalanffy; em negrito os melhores valores dos medidores de qualidade de ajuste para cada genótipo.

O modelo de regressão quantílica não linear ($\tau = 0,25, 0,50$ e $0,75$), que considera a função quantílica mediana apresentou resultados superiores ao MQO para dois dos três medidores de qualidade de ajuste (AIC e DMA), para todos os genótipos avaliados. A exceção foi o genótipo Jamaica Yellow que apresentou os melhores resultados para os medidores de qualidade de ajuste DMA e R^2 pelo método de MQO, conforme Tabela 2.

Tabela 2. Estimativas dos parâmetros do modelo $(\hat{\beta}_1, \hat{\beta}_2, \hat{\beta}_3)$ obtidas por RQ e MQO, e os medidores de qualidade de ajuste: Critério de Informação de Akaike (AIC), Desvio Médio Absoluto dos resíduos (DMA) e Coeficiente de Determinação (R^1_t/R^2), para o caractere comprimento do fruto

Genótipo	τ	Logístico					
		$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$	AIC	DMA	R^1_t/R^2
Vulcão	0,25	19,9400	5,5717	0,2583	4,4027	0,2547	0,9880
	0,50	19,9401	3,3348	0,2401	10,2608	0,2276	0,9859
	0,75	19,9509	3,3371	0,2489	3,6566	0,2314	0,9815
	MQO	20,0430	4,0294	0,2326	18,2784	0,2907	0,9936
Peter	0,25	50,9609	13,6712	0,2146	9,8496	0,3343	0,9983
	0,50	51,0421	13,8022	0,2156	17,6273	0,3289	0,9983
	0,75	51,5417	8,4399	0,1887	29,8652	0,7853	0,9944
	MQO	51,2288	12,0537	0,2056	26,4134	0,4511	0,9987
Cayene	0,25	74,5024	9,9288	0,1858	32,3390	0,9539	0,9946
	0,50	74,4927	9,1351	0,1945	31,0103	0,6423	0,9985
	0,75	75,1507	9,2246	0,1980	28,5064	0,8497	0,9974
	MQO	74,3656	10,2503	0,2027	32,6629	0,7196	0,9988
Picante para vaso	0,25	18,7895	0,2693	0,2377	9,3878	0,3155	0,9869
	0,50	19,3500	0,2764	0,2384	5,9501	0,1835	0,9920
	0,75	19,3501	0,2764	0,2384	-2,1390	0,1835	0,9920
	MQO	19,1409	0,2727	0,2355	8,3149	0,2211	0,9951
Jamaica Yellow	0,25	32,8712	0,3972	0,0759	20,4633	0,5434	0,9868
	0,50	31,3488	0,8529	0,1658	55,8826	2,2277	0,9390
	0,75	32,8945	0,3941	0,0925	20,5672	0,5528	0,9885
	MQO	32,6126	0,3800	0,0838	24,6686	0,5172	0,9951

τ : quantis; MQO: mínimos quadrados ordinários.

Em relação às estimativas dos parâmetros, verificou-se que para $\hat{\beta}_1$, correspondente ao comprimento assintótico do fruto, os valores obtidos foram relativamente próximos, quando comparamos os métodos de MQO e RQ, para cada genótipo individualmente. Por exemplo, para o genótipo Vulcão, $\hat{\beta}_1$ assumiu os seguintes valores: 20,0430 (MQO) e 19,4000, 19,9401 e 19,9509 para os quantis 0,25, 0,5 e 0,75, respectivamente (Tabela 2).

Para o estimador $\hat{\beta}_2$, sem interpretação biológica, os valores obtidos apresentaram uma variação maior, mas não representam uma inconsistência nos modelos ajustados.

Para $\hat{\beta}_3$, referente a taxa de crescimento do fruto, verifica-se a relação entre os menores valores de comprimento assintótico dos frutos e os maiores valores de taxa de crescimento. No caso, para o genótipo Vulcão, a menor estimativa do comprimento assintótico do fruto foi obtida no quantil 0,25 (19,4000), assim como a maior estimativa da taxa de crescimento do fruto (0,2583), conforme Tabela 2.

Na Figura 1, observa-se o comportamento do genótipo Vulcão, ao adotar o modelo Logístico nos cenários descritos acima, e esta corrobora com os resultados.

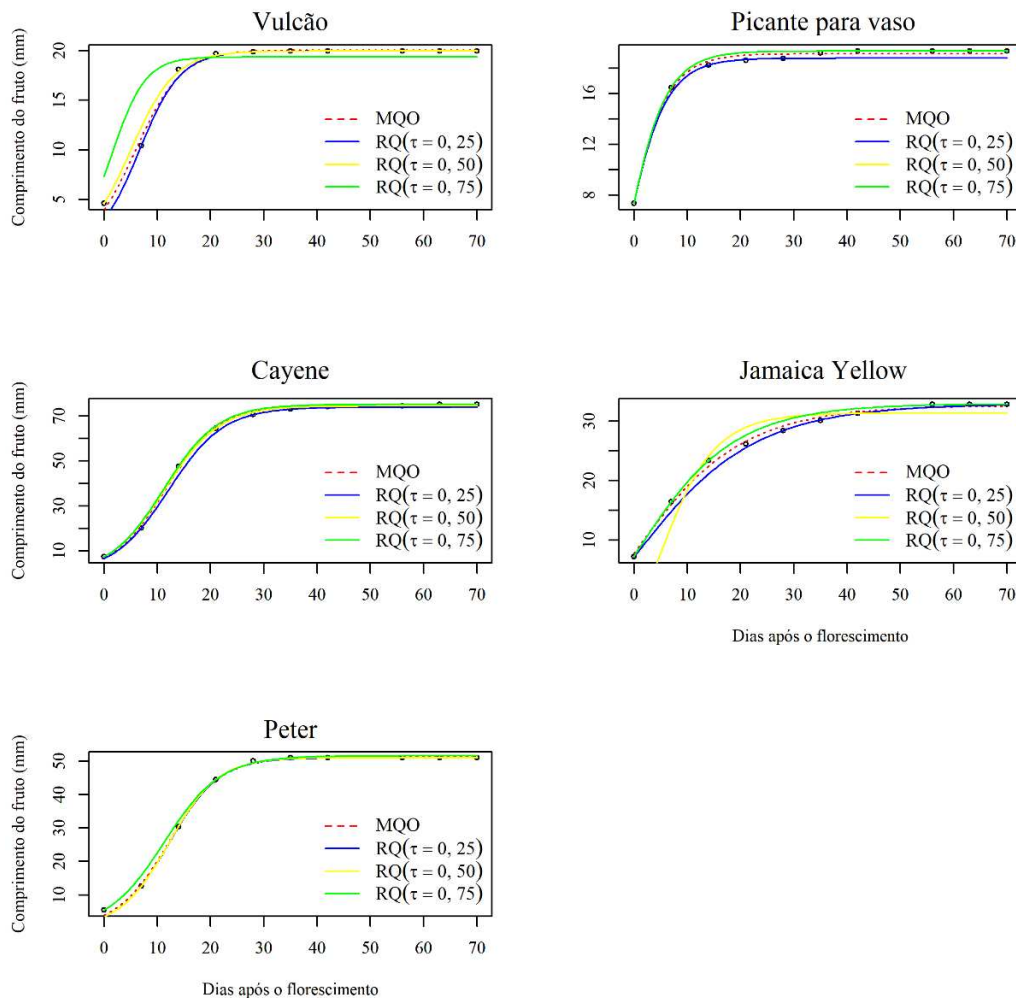


Figura 1. Curvas de crescimento referente ao caractere comprimento do fruto ajustadas pelos modelos Logístico (à direita) e von Bertalanffy (à esquerda) para os genótipos em estudo

Para o caractere largura do fruto (LF), os resultados foram semelhantes com os obtidos para o CF, ou seja, para os genótipos Vulcão, Peter e Cayene, o modelo Logístico apresentou os melhores resultados dos medidores de qualidade e, para os genótipos Picante para vaso e Jamaica Yellow, o modelo von Bertalanffy foi superior aos demais (Tabela 3).

Tabela 3. Estimativas dos parâmetros do modelo ($\hat{\beta}_1, \hat{\beta}_2, \hat{\beta}_3$) obtidas por MQO, e os medidores de qualidade de ajuste: Critério de Informação de Akaike (AIC), Desvio Médio Absoluto dos resíduos e Coeficiente de Determinação (R^2), para o caractere largura do fruto

Genótipo	Modelo	Parâmetros			Medidores de Qualidade		
		$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$	AIC	DMA	R^2
Vulcão	G	8,9516	1,7520	0,1222	18,4353	0,3118	0,9702
	L	8,8657	4,3861	0,1793	11,0191	0,2035	0,9858
	vB	8,9933	0,4415	0,1049	20,8483	0,3545	0,9620
Picante para vaso	G	7,3442	1,1233	0,1896	-6,7768	0,0861	0,9941
	L	7,3182	2,0434	0,2502	-5,7729	0,0955	0,9935
	vB	7,3544	0,3130	0,1722	-6,7886	0,0875	0,9942
Peter	G	20,8499	2,8499	0,1116	38,8469	0,8823	0,9693
	L	20,6208	9,1961	0,1670	30,1481	0,5384	0,9871
	vB	21,0802	0,6428	0,0920	42,1419	1,0853	0,9573
Cayene	G	11,1769	1,9680	0,0903	14,0823	0,2820	0,9893
	L	11,0238	4,8749	0,1294	4,5138	0,1708	0,9959
	vB	11,2678	0,4942	0,0774	17,6102	0,3408	0,9848
Jamaica Yellow	G	29,3576	1,4482	0,0593	35,5249	0,8129	0,9831
	L	28,7268	2,7292	0,0805	40,5204	1,0469	0,9722
	vB	29,7202	0,3947	0,0520	33,2759	0,7246	0,9865

G: Gompertz; L: Logístico; vB: von Bertalanffy; em negrito temos os melhores valores dos medidores de qualidade de ajuste para cada genótipo

De modo geral, os modelos obtidos via RQ apresentaram resultados superiores ao MQO, para os medidores de qualidade de ajuste AIC e DMA, para todos os genótipos avaliados, conforme Tabela 4.

Tabela 4. Estimativas dos parâmetros do modelo ($\hat{\beta}_1, \hat{\beta}_2, \hat{\beta}_3$) obtidas por RQ e MQO, e os medidores de qualidade de ajuste: Critério de Informação de Akaike (AIC), Desvio Médio Absoluto dos resíduos (DMA) e Coeficiente de Determinação (R^1/R^2), para o caractere largura do fruto

Genótipo	τ	Logístico					
		$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$	AIC	DMA	R^1_t/R^2
Vulcão	0,25	8,7800	8,4347	0,2363	-7,8694	0,1379	0,9705
	0,50	8,7836	8,4312	0,2361	0,2029	0,1376	0,9706
	0,75	8,8220	2,9918	0,1839	2,6838	0,2180	0,9569
	MQO	8,8657	4,3861	0,1793	11,0191	0,2035	0,9858
Peter	0,25	20,3216	13,8403	0,1914	13,8640	0,4085	0,9830
	0,50	20,3274	12,4156	0,1862	21,2290	0,3938	0,9845
	0,75	20,9372	4,4955	0,1424	33,5329	0,9485	0,9661
	MQO	20,6208	9,1961	0,1670	30,1481	0,5384	0,9871
Cayene	0,25	10,9182	4,7768	0,1249	-2,8924	0,1577	0,9930
	0,50	10,8893	5,0486	0,1321	5,1454	0,1762	0,9939
	0,75	10,9829	4,8111	0,1431	0,8873	0,1939	0,9879
	MQO	11,0238	4,8749	0,1294	4,5138	0,1708	0,9959
Picante para vaso	von Bertalanffy						
	0,25	7,3805	0,3133	0,1663	-5,4126	0,0746	0,9938
	0,50	7,4100	0,3142	0,1649	-13,522	0,0693	0,9932
	0,75	7,4101	0,3142	0,1910	-15,624	0,0930	0,9883
Jamaica Yellow	MQO	7,3544	0,3130	0,1722	-6,7886	0,0875	0,9942
	0,25	28,8429	0,4165	0,0545	28,0727	0,7459	0,9779
	0,50	30,9093	0,3900	0,0448	31,8098	0,6685	0,9837
	0,75	30,2932	0,4045	0,0524	34,6634	0,7320	0,9837
	MQO	29,7202	0,3947	0,0520	33,2759	0,7246	0,9865

τ : quantis; MQO: mínimos quadrados ordinários.

Nos modelos logísticos, a comparação entre RQ e MQO, identificou que, os quantis 0,5 e 0,25 foram mais adequados para os genótipos Vulcão e Peter. E, para o genótipo Cayene, o quantil 0,25. Nos modelos de von Bertalanffy, foram indicados os quantis 0,25 e 0,5 para os genótipos Picante para vaso e Jamaica Yellow, respectivamente (Tabela 4).

Dessa forma, verifica-se que a média não é a opção mais indicada para descrever o crescimento de genótipos de pimentas. Resultados semelhantes foram observados por Puiatti et al. (2018, 2020) ao avaliar o acúmulo de matéria seca na cultura do alho.

As interpretações para as estimativas dos parâmetros ($\hat{\beta}_1, \hat{\beta}_2, \hat{\beta}_3$) são as mesmas obtidas para o caractere CF, conforme Tabela 4. Como exemplo, para o genótipo Vulcão, visualiza-se a melhor adequação dos modelos baseados em quantis, ratificando os resultados acima (Figura 2).

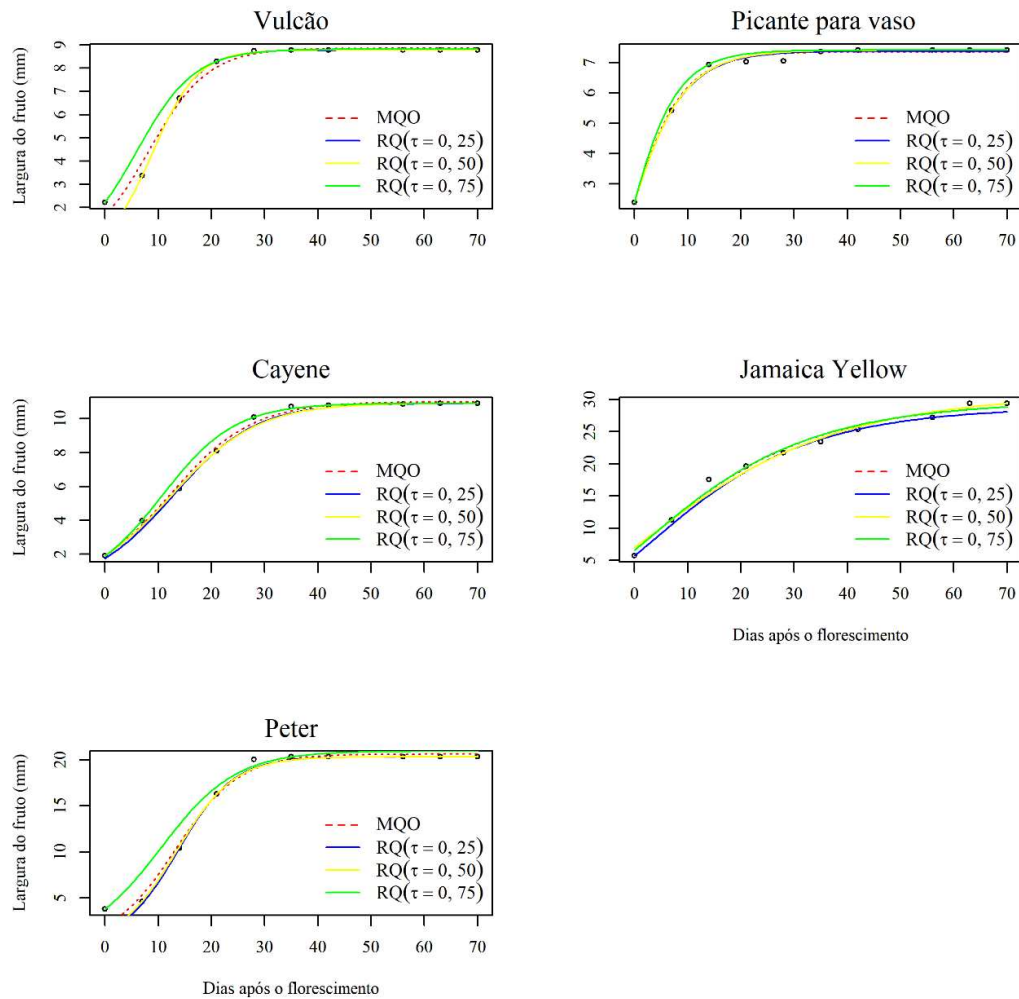


Figura 2. Curvas de crescimento referente ao caractere comprimento do fruto ajustadas pelos modelos Logístico (à esquerda) e von Bertalanffy (à direita) para os genótipos em estudo

CONCLUSÃO

Os modelos de regressão não linear Logístico e von Bertalanffy foram indicados para descrever o crescimento de pimentas.

A regressão quantílica não linear foi mais eficiente quando comparada à regressão não linear obtida por mínimos quadrados ordinários.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CABRAL, N. S. S.; MEDEIROS, A. M.; NEVES, L. G.; SUDRÉ, C. P.; PIMENTA, S.; COELHO, V. J.; SERAFIM, M. E.; RODRIGUES, R. Genotype x environment interaction on experimental hybrids of chili. *Genetics and Molecular Research*, v. 16, n. 2, gmr16029551, 2017. Disponível em: <http://doi.org/10.4238/gmr16029551>. Acesso em: 10 mar. 2019.

FAO. Statistic Database. Rome, Italy: FAOSTAT, 2018. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 17 mar. 2019.

HWANG, D. G.; PARK, J. H.; LIM, J. Y.; KIM, D.; CHOI, Y.; KIM, S.; REEVES, G.; YEOM, S. I.; LEE, J. S.; PARK, M.; KIM, S.; CHOI, I. Y.; CHOI, D.; SHIN, C. The hot pepper (*Capsicum annuum*) microRNA transcriptome reveals novel and conserved targets: a foundation for understanding microRNA functional roles in hot pepper. *PLoS One*, v. 8, n. 5, e64238, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0064238>. Acesso em: 10 mar. 2019.

JARRET, R. L.; BARBOZA, G. E.; BATISTA, F.R. C.; BERKE, T. CHOU, YU-YU; HULSE-KEMP, A.; OCHOA-ALEJO, N.; TRIPODI, P.; VERES, A.; GARCIA, C. C.; CSILLERY, G.; HUANG, YUNG-KUANG; KISS, E.; KOVACS, Z.; KONDRAK, M.; ARCE-RODRIGUEZ, M. L.; SCALDAFERRO, M. A.; SZOKE, A. *Capsicum* - an abbreviated compendium. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, v. 144, n. 1, p. 3-22, 2019. Disponível em: <http://doi.org/10.21273/JASHS04446-18>. Acesso em: 04 abr. 2019.

KOENKER R. quantreg: Quantile Regression. R package version 5.21, 2016. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/quantreg/index.html>. Acesso em: 20 mar. 2019.

KOENKER, R.; BASSET, G. Regression quantiles. *Econometrica*, v. 46, n. 1, p. 33-50, 1978.

KOENKER, R.; GELING, O. Reappraising medfly longevity: a quantile regression survival analysis. *Journal of the American Statistical Association*, v. 96, n. 454, p. 458-468, 2001. Disponível em: <https://doi.org/10.1198/016214501753168172>. Acesso em: 20 mar. 2019.

KOENKER, R.; PARK, B. J. An interior point algorithm for nonlinear quantile regression. *Journal of Econometrics*, v. 71, n. 1-2, p. 265-283, 1996. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0304407696845076>. Acesso em: 20 mar. 2019.

LÚCIO, A. D. C.; NUNES, L. F.; REGO, F. Nonlinear models to describe production of fruit in Cucurbita pepo and *Capiscum annuum*. *Scientia Horticulturae*, v. 193, n. 22, p. 286-293, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2015.07.021>. Acesso em: 08 mar. 2019.

MUNIZ, J. A.; NASCIMENTO, M. S.; FERNANDES, T. J. Nonlinear models for description of cacao fruit growth with assumption violations. *Revista Caatinga*, v. 30, n. 1, p. 250-257, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252017v30n128rc>. Acesso em: 18 mar. 2019.

NEITZKE, R. S.; FISCHER, S. Z.; VASCONCELOS, C. S.; BARBIERI, R. L.; TREPTOW, R. O. Pimentas ornamentais: aceitação e preferências do público consumidor. *Horticultura Brasileira*, v. 34, n. 1, p. 102-109, 2016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620160000100015>. Acesso em: 08 mar. 2019.

PICKERSGILL, B. Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp. *Euphytica*, v. 96, n. 1, p. 129-133, 1997. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1023/A:1002913228101>. Acesso em: 10 mar. 2019.

PUIATTI, G. A.; CECON, P. R.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A. C. C.; CARNEIRO, A. P. S.; SILVA, F. F.; PUIATTI, M.; CRUZ, C. D. Nonlinear quantile regression to describe the dry matter accumulation of garlic plants. *Ciência Rural*, v. 50, n. 1, e20180385, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20180385>. Acesso em: 09 mar. 2020.

PUIATTI, G. A.; CECON, P. R.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A. C. C.; CARNEIRO, A. P. S.; SILVA, F. F.; PUIATTI, M.; OLIVEIRA, A. C. R. Quantile regression of nonlinear models to describe different levels of dry matter accumulation in garlic plants. *Ciência Rural*, v. 48, n. 1, e20170322, 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20170322>. Acesso em: 08 mar. 2019. Acesso em: 09 mar. 2019.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. *R: a language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2018.

RÊGO E. R.; RÊGO, M. M.; FINGER, F. L. *Production and Breeding of Chilli Peppers (Capsicum spp.)*. Springer, Cham, 2016. 146 p. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-06532-8>. Acesso em: 20 jun. 2019.

SARI, B. G.; LÚCIO, A. D. C.; SANTANA, C. S.; OLIVOTO, T.; DIEL, M. I.; KRYSCZUN, D. K. Nonlinear growth models: An alternative to ANOVA in tomato trials evaluation. *European Journal of Agronomy*, v. 104, n. 1, p. 21-36, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.eja.2018.12.012>. Acesso em: 10 jun. 2019.

SASU, L.; MODOSA, E.; VELICEVICI, G.; CIULCA, S.; AVADANEI, C.; GORINOIU, G. Studies regarding correlations between the main morphological traits in a collection of bell pepper (*Capsicum annuum* var. *grossum*) local landraces. *Journal of Horticulture*, v. 17, n. 2, p. 285-289, 2013. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20133379440>. Acesso em: 10 jun. 2019.

TRIPODI, P.; FICCADENTI, N.; ROTINO, G. L.; FESTA, G.; BERTONE, A.; PEPE, A.; CARAMANICO, R.; MIGLIORI, C. A.; SPADAFORA, D.; SCHIAVI, M.; CARDI, T.; SCALZO, R. L. Genotypic and environmental effects on the agronomic, health-related compounds and antioxidant properties of chilli peppers for diverse market destinations. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, v. 99, n. 10, p. 4550-4560, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/jsfa.9692>. Acesso em: 10 mar. 2019.

CONCLUSÕES GERAIS

Os resultados indicaram a existência de variabilidade genética entre os genótipos de *Capsicum annuum* L.; houve a formação de dois e quatro grupos, pelos métodos UPGMA e Tocher, respectivamente. A organização da similaridade, estabelecida pelo mapa auto-organizável de Kohonen, apresentou grande potencial no processo de direcionamento de genitores para formação dos dialelos, ao realçar as separações dos grupos de genótipos.

Os genótipos ‘Pimentão Quadrado’, ‘Pimenta Jamaica Yellow’, ‘Pimenta Picante para vaso’, ‘Pimenta Cayene’ e ‘Pimenta Peter’ mostraram-se bons combinadores, pois apresentaram maior capacidade geral de combinação (CGC) para os caracteres em estudo.

Os híbridos ‘Pimenta Cayene x Pimentão Cascadura Ikeda’, ‘Pimenta Jamaica Yellow x Pimentão Cascadura Ikeda’ e ‘Pimenta Picante para vaso x Pimentão Quadrado’ destacaram-se pelo melhor desempenho, com as maiores capacidades específicas de combinação e pelo menos um dos pais com alta CGC, para os caracteres CF, LF e NSF, e %MTS, respectivamente.

Os genótipos ‘Pimentão Quadrado’ e ‘Pimenta Picante para vaso’ apresentaram os maiores potenciais *per se*, considerando todos os caracteres; e entre os efeitos de heterose específica, os cruzamentos ‘Pimenta Vulcão x Pimentão Quadrado’ e ‘Pimenta Cayene x Pimentão Quadrado’ tiveram efeitos positivos para 77% dos caracteres avaliados.

Por fim, os modelos Logístico e von Bertalanffy foram indicados para descrever o crescimento de pimentas, sendo que, a regressão quantílica não linear foi mais eficiente quando comparada à regressão não linear obtida por mínimos quadrados ordinários.