

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA
MESTRADO EM AGRONOMIA/FITOTECNIA**

FRANCISCO HERBETH COSTA DOS SANTOS

**IDENTIFICAÇÃO DE QTLs CANDIDATOS ASSOCIADOS À QUALIDADE
PÓS-COLHEITA DO PEDÚNCULO DE CAJU**

**FORTALEZA
2008**

FRANCISCO HERBETH COSTA DOS SANTOS

IDENTIFICAÇÃO DE QTLs CANDIDATOS ASSOCIADOS À QUALIDADE
PÓS-COLHEITA DO PEDÚNCULO DE CAJU

Dissertação submetida à Coordenação do Curso de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para a obtenção do grau de Mestre em Agronomia/Fitotecnia

Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Orientador: Prof. Ph.D Fanuel Pereira da Silva

Co-Orientador: Pesq. Ph.D José Jaime Vasconcelos Cavalcanti

FORTALEZA
2008

FRANCISCO HERBETH COSTA DOS SANTOS

IDENTIFICAÇÃO DE QTLs CANDIDATOS ASSOCIADOS À QUALIDADE
PÓS-COLHEITA DO PEDÚNCULO DE CAJU

Dissertação submetida à Coordenação do Curso de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia,
da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para a obtenção do grau de Mestre
em Agronomia/Fitotecnia

Aprovada em 30 de Maio de 2008

BANCA EXAMINADORA

Prof. Ph.D Fanuel Pereira da Silva (Orientador)
Universidade Federal do Ceará - UFC

Pesq. Ph.D José Jaime Vasconcelos Cavalcanti (Co-Orientador)
Embrapa Agroindústria Tropical

Pesq. Ph.D Levi de Moura Barros (Conselheiro)
Embrapa Agroindústria Tropical

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus por ter me dado força e perseverança para concretização deste estudo.

Aos meus pais Manoel Pereira dos Santos e Maria Goreth Costa dos Santos pela educação, apoio e incentivo no decorrer de minha vida.

Ao professor Fanuel Pereira da Silva, da Universidade Federal do Ceará, pela orientação, ensinamentos e atenção dispensada a mim durante o curso.

Ao professor José Jaime Vasconcelos Cavalcanti, pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, pela co-orientação, contribuição valorosa, apoio e dedicação que tornaram possível a realização deste estudo.

Ao pesquisador Levi de Moura Barros, da Embrapa Agroindústria Tropical, pela participação na banca e sugestões apresentadas ao presente trabalho.

Ao pesquisador João Ribeiro Crisóstomo, da Embrapa Agroindústria Tropical, pela amizade, encorajamento, profissionalismo e experiência repassada que motivaram o desempenho das minhas atividades e o ingresso no curso de Pós-Graduação.

Ao professor Ervino Bleicher, da Universidade Federal do Ceará, coordenador durante minha passagem por este curso, pelos incentivos e ensinamentos nesta fase de minha vida profissional.

A Universidade Federal do Ceará, em especial ao Departamento de Fitotecnia, pela oportunidade concedida para realização deste curso e a todos os professores que contribuíram para minha formação profissional.

A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Agroindústria Tropical) e em especial ao Laboratório de Fisiologia e Tecnologia Pós-Colheita por possibilitar o desenvolvimento deste estudo.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa de fomento à pesquisa concedida.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste estudo.

Obrigado!

RESUMO

A identificação de locos que controlam características quantitativas (QTLs), e a seleção assistida por marcadores moleculares associados a esses QTLs, tem despertado grande interesse em programas de melhoramento visando à qualidade dos frutos. Objetivou-se com este estudo avaliar a qualidade de caju em genótipos de cajueiro e identificar QTLs candidatos relacionados com estes caracteres, utilizando os mapas genéticos já desenvolvidos para o cajueiro. Para as análises físicas e físico-químicas foram coletados quinze caju/planta em 66 plantas da geração F₁ originada do cruzamento CCP 1001 x CP 96 e no clone CCP 76, utilizado como testemunha. Foram avaliadas as seguintes características: coloração (luminosidade, intensidade de vermelho e amarelo), pesos (total, castanha e pedúnculo), tamanho (comprimento, diâmetros basal e apical), fenólicos oligoméricos, sólidos solúveis totais, acidez total titulável, doçura e vitamina C. Para identificação dos QTLs candidatos foram utilizadas as metodologias de mapeamento não paramétrico, mapeamento de intervalo e mapeamento de QTLs múltiplos. Os resultados demonstraram elevada variação fenotípica na geração F₁ para todos os caracteres em estudo, com potencial para seleção de genótipos que atendam as exigências do mercado *in natura*. As análises de QTLs permitiram a identificação de 54 QTLs associados a qualidade do pedúnculo. O caráter que apresentou o menor número de QTLs foi intensidade de vermelho, com dois, e o que apresentou o maior número foi o peso do pedúnculo, com sete. Estes QTLs explicaram entre 3,15 % e 21,33 % da variação fenotípica total. Os resultados obtidos suportam fortemente a presença de QTLs verdadeiros. Estes QTLs estão em processo de validação para que possam ser utilizados na seleção assistida por marcadores em programas de melhoramento genético do cajueiro.

Palavras-chave: Melhoramento genético; *Anacardium occidentale* L.; QTL; Qualidade do pedúnculo.

ABSTRACT

Detection of quantitative trait loci (QTLs) and marker assisted selection associated with these QTLs have shown a great interest in breeding programs focused on fruit quality traits. The aim of this work were to study the quality of cashew apple in several genotypes and identify QTLs associated with these traits, using the cashew genetic maps already developed. For the physical and physical-chemical analyses, it was collected 15 cashew apple per plant, from 66 genotypes of the generation F₁ originated from the cross CCP 1001 x CP 96 and from the clone CCP 76, used as a control. The following characteristics were evaluated: color (lightness, redness and yellowness), weight (whole, nut and apple), apple length and diameter (upper and lower), oligomeric phenolic, total soluble solids (TSS), total titratable acidity (TTA), TSS/TTA ration and vitamin C. Detection of candidate QTLs were realized using the methods non-parametric mapping, interval mapping and multiple QTL mapping. The results evidence high phenotypic variability in the generation F₁ for all characters analyzed, with potential for the selection of genotypes with the best characteristics for fresh fruit market. The QTL analyses showed 54 QTLs associated with quality of cashew apple. The characteristic redness presented the lowest number of QTL (two), while apple weight demonstrated the highest number (seven). These QTLs explained 3.15 to 21.33 % of the total phenotypic variance. The results strongly support the presence of true QTLs. These QTLs are in the process of validation to be used in the marker assisted selection in cashew breeding programs.

Keywords: Genetic improvement; *Anacardium occidentale* L.; QTL; Quality of the cashew apple.

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1** - Visualização dos parâmetros medidos: a) comprimento do pedúnculo; b) diâmetro basal do pedúnculo; e c) diâmetro apical do pedúnculo..... 40
- FIGURA 2** - Mapa genético do genitor feminino CCP 1001. Na esquerda do grupo de ligação podemos observar a distância relativa entre os marcadores (cM) e na direita o respectivo marcador genético. Fonte: Cavalcanti e Wilkinson (2007)..... 43
- FIGURA 3** - Mapa genético do genitor masculino CP 96. Na esquerda do grupo de ligação podemos observar a distância relativa entre os marcadores (cM) e na direita o respectivo marcador genético. Fonte: Cavalcanti e Wilkinson (2007)..... 44
- FIGURA 4** - Distribuição de médias para as variáveis luminosidade, intensidade de vermelho, intensidade de amarelo e diâmetro apical do pedúnculo de caju, referente a 66 genótipos da geração F₁ entre CCP 1001 e CP 96..... 72
- FIGURA 5** - Distribuição de médias para as variáveis diâmetro basal, comprimento do pedúnculo, peso da castanha e peso do pedúnculo, referente a 66 genótipos da geração F₁ entre CCP 1001 e CP 96..... 73
- FIGURA 6** - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter luminosidade na película do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M). 75
- FIGURA 7** - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador Aocc23 na população mapeada para o caráter luminosidade na película do pedúnculo de caju... 76
- FIGURA 8** - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter intensidade de vermelho na película do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M)... 77
- FIGURA 9** - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador Aocc23 na população mapeada para intensidade de vermelho na película do pedúnculo de caju. 78
- FIGURA 10** - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter intensidade de amarelo na película do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M)... 79
- FIGURA 11** - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador Aocc23 na população mapeada para intensidade de amarelo na película do pedúnculo de caju. . 80
- FIGURA 12** - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter diâmetro apical do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M)..... 82
- FIGURA 13** - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 10Ab195 na população mapeada para o diâmetro apical do pedúnculo de caju..... 83

FIGURA 14 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao carácter diâmetro basal do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).....	85
FIGURA 15 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 22Ab121 na população mapeada para o carácter diâmetro basal do pedúnculo de caju..	86
FIGURA 16 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao carácter comprimento do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).....	88
FIGURA 17 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 21CB002 na população mapeada para o carácter comprimento do pedúnculo de caju....	89
FIGURA 18 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao carácter peso da castanha de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).....	91
FIGURA 19 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 22Ab121 na população mapeada para o carácter peso da castanha de caju.	92
FIGURA 20 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao carácter peso do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).....	94
FIGURA 21 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 22Ab121 na população mapeada para o carácter peso do pedúnculo de caju.	95
FIGURA 22 - Distribuição de médias para as variáveis fenólicos oligoméricos, sólidos solúveis totais, acidez total titulável e teor de vitamina C, referentes a 66 genótipos da geração F ₁ entre CCP 1001 e CP 96.....	97
FIGURA 23 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao carácter teor de fenólicos oligoméricos no pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).....	99
FIGURA 24 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 02CB110 na população mapeada para o carácter teor de fenólicos oligoméricos no pedúnculo de caju.	100
FIGURA 25 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao carácter teor de sólidos solúveis totais no pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).....	102
FIGURA 26 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 04CG035 na população mapeada para a característica teor de sólidos solúveis totais no pedúnculo de caju.	103
FIGURA 27 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados a característica acidez total titulável no pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).	105

FIGURA 28 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 20Bg011 na população mapeada para a característica acidez total titulável.	106
FIGURA 29 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter teor de vitamina C no pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).....	108
FIGURA 30 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 12Ab188 na população mapeada para o caráter teor de vitamina C no pedúnculo de caju.....	109

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 -	Produção mundial de castanha de caju (em toneladas) por ano no período entre 2001 e 2006.	17
TABELA 2 -	Resumo das análises de variância para as características luminosidade (L), intensidade de vermelho (a) e intensidade de amarelo (b) da película do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F ₁ , aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.	46
TABELA 3 -	Médias das características luminosidade (L), intensidade de vermelho (a), intensidade de amarelo (b) e cor da película do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F ₁ , aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.	47
TABELA 4 -	Resumo das análises de variância para as características diâmetro apical (DA), diâmetro basal (DB) e comprimento do pedúnculo (CP) de caju, referente a 66 plantas da geração F ₁ , aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.	51
TABELA 5 -	Médias das características diâmetro apical (DA), diâmetro basal (DB), comprimento do pedúnculo (CP) e formato do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F ₁ , aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.	52
TABELA 6 -	Resumo das análises de variância para as características peso total (PT), peso da castanha (PC) e peso do pedúnculo (PP) de caju, referente a 66 plantas da geração F ₁ , aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.	56
TABELA 7 -	Médias das características peso total (PT), peso da castanha (PC) e peso do pedúnculo (PP) de caju, referente a 66 plantas da geração F ₁ , aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.	57
TABELA 8 -	Resumo das análises de variância para os caracteres fenólicos oligoméricos (FO), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT), relação sólidos solúveis/acidez (SST/ATT) e vitamina C (VC) do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F ₁ , aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.	61
TABELA 9 -	Médias dos caracteres fenólicos oligoméricos (FO), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT), relação sólidos solúveis/acidez (SST/ATT) e vitamina C (VC) do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F ₁ , aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.	62
TABELA 10 -	Análise dos dados das características luminosidade (L), intensidade de vermelho (a), intensidade de amarelo (b), diâmetro apical (DA),	

diâmetro basal (DB), comprimento do pedúnculo (CP), peso da castanha (PC) e peso do pedúnculo (PP).....	71
TABELA 11 - Descrição dos QTLs candidatos para a característica luminosidade na película do pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).....	74
TABELA 12 - Descrição de QTLs candidatos para o caráter intensidade de vermelho na película do pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).....	77
TABELA 13 - Descrição dos QTLs candidatos para a característica intensidade de amarelo na película do pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).....	78
TABELA 14 - Descrição dos QTLs candidatos para a característica diâmetro apical do pedúnculo de caju detectados no mapa do genitor feminino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).	81
TABELA 15 - Descrição dos QTLs candidatos para diâmetro basal do pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).	84
TABELA 16 - Descrição dos QTLs candidatos para o caráter comprimento do pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).	87
TABELA 17 - Descrição dos QTLs candidatos para a característica peso da castanha detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).	90
TABELA 18 - Descrição dos QTLs candidatos para o caráter peso do pedúnculo detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).	93
TABELA 19 - Análise dos dados das características fenólicos oligoméricos (FO), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT) e vitamina C (VC).	96
TABELA 20 - Descrição dos QTLs candidatos para o caráter teor de fenólicos oligoméricos no pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).....	98
TABELA 21 - Descrição dos QTLs candidatos para o caráter teor de sólidos solúveis totais no pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).....	101

TABELA 22 - Descrição dos QTLs candidatos para o caráter acidez total titulável detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).	104
TABELA 23 - Descrição dos QTLs candidatos para a característica teor de vitamina C no pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).	107

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	15
2. REVISÃO DE LITERATURA	17
2.1. IMPORTÂNCIA DA CAJUCULTURA	17
2.2. BOTÂNICA.....	19
2.3. QUALIDADE DO PEDÚNCULO.....	21
2.3.1. Características Físicas	22
2.3.1.1. Coloração da Película	22
2.3.1.2. Tamanho e Formato do Pedúnculo de Caju	24
2.3.1.3. Peso Total, da Castanha e do Pedúnculo	25
2.3.2. Características Físico-Químicas.....	25
2.3.2.1. Compostos Fenólicos	25
2.3.2.2. Sólidos Solúveis Totais	27
2.3.2.3. Acidez Total Titulável	27
2.3.2.4. Relação Sólidos Solúveis/Acidez (SST/ATT)	28
2.3.2.5. Vitamina C.....	29
2.4. MAPEAMENTO GENÉTICO	29
2.5. MAPEAMENTO DE QTLs.....	32
2.6. MELHORAMENTO ASSISTIDO POR MARCADORES.....	36
3. MATERIAL E MÉTODOS	38
3.1. MATERIAL VEGETAL.....	38
3.1.1. Seleção dos Pais	38
3.1.2. População Avaliada	38
3.2. COLETA DOS CAJUS.....	39
3.3. AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DO CAJU.....	39
3.3.1. Características Físicas	40
3.3.1.1. Coloração da Película do Pedúnculo de Caju.....	40
3.3.1.2. Tamanho do Pedúnculo de Caju.....	40
3.3.1.3. Peso Total, da Castanha e do Pedúnculo	40
3.3.2. Características Físico-Químicas.....	41
3.3.2.1. Fenólicos Oligoméricos.....	41
3.3.2.2. Sólidos Solúveis Totais	41
3.3.2.3. Acidez Total Titulável	41
3.3.2.4. Relação Sólidos Solúveis /Acidez (SST/ATT)	41
3.3.2.5. Vitamina C.....	42
3.4. DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E ANÁLISE ESTATÍSTICA DOS DADOS DE QUALIDADE DO CAJU.....	42
3.5. IDENTIFICAÇÃO DE QTLs CANDIDATOS PARA QUALIDADE DO CAJU.....	42
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
4.1. QUALIDADE DO CAJU.....	46
4.1.1. Características Físicas	46
4.1.1.1. Coloração da Película do Pedúnculo de Caju.....	46
4.1.1.2. Tamanho e Formato do Pedúnculo de Caju	51
4.1.1.3. Peso Total, da Castanha e do Pedúnculo	56
4.1.2. Características Físico-Químicas.....	61
4.1.2.1. Fenólicos Oligoméricos.....	65
4.1.2.2. Sólidos Solúveis Totais	66
4.1.2.3. Acidez Total Titulável	66
4.1.2.4. Relação Sólidos Solúveis / Acidez (SST/ATT)	67

4.1.2.5. Vitamina C.....	68
4.2. IDENTIFICAÇÃO E MAPEAMENTO DE QTLs.....	70
4.2.1. Características Físicas	70
4.2.1.1. Análise dos Dados	70
4.2.1.2. Análise de QTL para Coloração da Película do Pedúnculo	74
4.2.1.3. Análise de QTL para o Tamanho do Pedúnculo de Caju	81
4.2.1.4. Análise de QTL para o Peso da Castanha e do Pedúnculo de Caju	89
4.2.2. Características Físico-Químicas.....	95
4.2.2.1. Análise dos Dados	95
4.2.2.2. Fenólicos Oligoméricos.....	98
4.2.2.3. Sólidos Solúveis Totais	100
4.2.2.4. Acidez Total Titulável	103
4.2.2.5. Vitamina C.....	106
4.2.3. Considerações Finais em Relação à Análise de QTLs.....	109
5. CONCLUSÕES	113
6. REFERÊNCIAS	114

1. INTRODUÇÃO

Os clones de cajueiro (*Anacardium occidentale* L.) do tipo anão precoce têm proporcionado grande impulso à cultura do caju no Nordeste do Brasil por apresentarem maior produtividade, maior precocidade e menor porte em relação ao tipo comum. Todavia, outros caracteres de importância econômica, como: resistência a doenças, qualidade e peso da castanha, qualidade do pedúnculo, necessitam de maiores investigações na área da genética (BARROS *et al.*, 2002).

A fruticultura moderna, além de tratar da aplicação de técnicas e práticas que reduzem o custo de produção dos pomares comerciais, proporciona, também, maior aproveitamento dos frutos para o consumo *in natura* ou para a indústria de transformação. Assim, as pesquisas na área do melhoramento genético priorizam atender às demandas atuais da cajucultura, com enfoque na fruticultura irrigada e aproveitamento, também, do pedúnculo para o consumo *in natura*. Nesse enfoque, a seleção tem que estar orientada para plantas com características de porte baixo para facilitar a colheita manual, pedúnculos com características de coloração, sabor, textura, maior período de conservação, consistência e teores de fenólicos adequados às preferências do consumidor (PAIVA; BARROS, 2004).

O aumento da lucratividade do cajueiro através da maximização do aproveitamento do pedúnculo, notadamente no mercado de frutas, constitui no principal desafio do melhoramento genético, a quem cabe a responsabilidade de gerar clones que propiciem, além de amêndoas que atendam às necessidades da indústria e dos consumidores, pedúnculos que satisfaçam aos mais diferentes paladares. O reduzido número de clones disponíveis para o plantio comercial tem estimulado a ampliação da variabilidade genética nas coleções por meio de cruzamentos, seguido da seleção de tipos segregantes. Para que o processo seletivo se complete, é necessário avaliar os materiais selecionados, culminando com a recomendação dos melhores clones para o plantio comercial (BARROS *et al.*, 2002; PAIVA; BARROS, 2004).

A seleção assistida por marcadores é um método que integra a genética molecular com a seleção fenotípica e é uma das mais recentes estratégias para o melhoramento de plantas. O objetivo é integrar à seleção, marcadores moleculares ligados a genes que confirmam caracteres desejáveis. Potencialmente, o maior impacto da tecnologia da seleção assistida por marcadores é esperado para características quantitativas, em função de sua complexidade e, portanto, da necessidade de mais ferramentas para auxiliar os programas de melhoramento. A utilização de marcadores moleculares como uma ferramenta de seleção para características do

fruto em culturas perenes é uma tecnologia extremamente atraente, tendo em vista o tempo necessário para completar uma geração de melhoramento nestas espécies (LANDE; THOMPSON, 1990; HEMMAT *et al.*, 1994).

O uso de marcadores moleculares pode tornar mais eficiente a seleção, sobretudo a precoce e com isso aumentar o ganho genético por unidade de tempo. Neste contexto, os caracteres de difícil avaliação, que requerem idade adulta e procedimentos demorados de avaliação fenotípica, fazem com que o melhoramento de espécies florestais e frutíferas seja a área onde o uso efetivo desta tecnologia tende a ter as melhores perspectivas de sucesso. O melhoramento convencional pode ser acelerado por identificação direta e manipulação de QTLs usando um sistema baseado em marcadores moleculares co-segregando com o caráter de interesse (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; CRISTOFANI *et al.*, 1999).

A maioria das características de qualidade dos frutos apresentam um padrão contínuo de variação, sendo a variação genética destas características atribuída a ação conjunta de vários genes (QTLs) que podem ser mapeados no genoma com marcadores (CAUSSE *et al.*, 2002). Portanto, os marcadores moleculares devem ajudar muito a condução de pesquisas visando melhorar a qualidade de frutos. Neste sentido, objetivou-se com este estudo avaliar as características físicas e físico-químicas dos pedúnculos de cajus e identificar, localizar e caracterizar QTLs candidatos relacionados com a qualidade do pedúnculo.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Importância da Cajucultura

A agroindústria do caju constitui uma das principais alternativas para a economia de alguns países tropicais e a sua importância econômica se deve ao valor comercial da amêndoa, resultante do beneficiamento do fruto (castanha). A cadeia produtiva do caju gera emprego e rendas para milhares de pessoas e divisas cambiais para os países produtores e exportadores, quase todos dependentes do negócio agrícola nas suas economias (BARROS; CRISÓSTOMO, 1995). Na produção e exploração comercial da castanha de caju, destacam-se como os principais produtores mundiais, Vietnã, Nigéria, Índia e Brasil. Juntos estes países foram responsáveis por 76 % da produção mundial em 2006, de acordo com dados estatísticos da FAO (Tabela 1).

Tabela 1 – Produção mundial de castanha de caju (em toneladas) por ano no período entre 2001 e 2006.

Países	Anos					
	2001	2002	2003	2004	2005	2006
Vietnã	292.800	515.200	657.600	818.800	960.800	941.600
Nigéria	485.000	514.000	524.000	555.000	594.000	636.000
Índia	450.000	470.000	500.000	535.000	544.000	573.000
Brasil	124.073	164.539	183.094	187.839	152.751	236.140
Indonésia	91.200	116.000	118.300	120.000	122.000	122.000
Filipinas	7.000	7.000	7.000	116.910	116.533	113.071
Costa do Marfim	80.000	69.690	84.830	88.189	93.970	93.970
Tanzânia	98.600	67.300	95.000	79.000	72.000	90.400
Guiné-Bissau	85.000	81.000	81.000	90.905	97.277	85.200
Moçambique	58.000	58.000	58.000	64.454	68.328	68.328
Outros	132.242	132.174	131.904	140.200	155.009	143.741
Mundo	1.903.915	2.194.903	2.440.728	2.796.297	2.976.668	3.103.450

Fonte: FAO (2008).

No Brasil, apesar do potencial de quase toda sua extensão territorial para o cultivo do cajueiro, a maior concentração desta atividade encontra-se na região Nordeste, responsável por 100 % (133.211 t) da produção nacional de castanha de caju em 2007 (IBGE, 2008). Assim, a expressão econômica da cultura restringe-se a esta Região, destacando-se os estados do Ceará, Rio Grande do Norte e Piauí, sendo que as exportações cearenses de castanha de caju (amêndoa e LCC), em 2007, geraram uma receita no valor de US\$ 180.768.086 (FIEC, 2008). Durante o ano agrícola de 2007, destacaram-se os estados do Ceará contribuindo com

40,10 % (53.419 t), Rio Grande do Norte com 30,41 % (40.515 t) e Piauí com 17,82 % (23.744 t).

O fato dos Estados mencionados serem justamente os mais afetados pelas alterações climáticas periódicas (secas) que ocorrem na região, permite inferir sobre a ampla adaptabilidade da espécie a região. Além disso, há uma expectativa com relação ao sucesso do cajueiro no semi-árido, que constitui mais da metade da área física da região, onde são mais graves os problemas sociais decorrentes da falta de programas e opções econômicas para a sua população (CRISÓSTOMO *et al.*, 1999).

A importância do pedúnculo não pode ser desprezada, constituindo-se numa importante fonte de alimento no Nordeste do Brasil, seja na forma *in natura* ou processada. O pedúnculo é composto de sais minerais, carboidratos, ácidos orgânicos e um elevado teor de vitamina C, apresentando alto valor nutritivo (MAIA *et al.*, 1971). O mercado do pedúnculo para consumo *in natura* tem crescido significativamente nos últimos dez anos, especialmente na região Sudeste, e o seu processamento responde pela produção de sucos naturais e concentrados, cajuína, doces, mel, néctares, polpas, aguardentes, refrigerantes, dentre outros derivados, os quais, em grande parte, destinam-se ao mercado interno, especialmente o local (LEITE; PESSOA, 2002).

O Brasil é o maior produtor mundial de pedúnculo, produzindo 1.650.000 toneladas no ano de 2006 (FAO, 2008). Isto tem ocorrido devido aos novos plantios feitos com cajueiro anão precoce que, por apresentarem porte baixo, permitem a colheita manual com maior aproveitamento e redução de perdas. Até recentemente, os pedúnculos eram vendidos exclusivamente em feiras locais, porém hoje alcançam supermercados em outras partes do país, localizadas a mais de 4.000 km do local de produção, podendo ser mantidos em boas condições por até 25 dias após a colheita (FILGUEIRAS *et al.*, 1999; MORAIS *et al.*, 2002).

O aumento da lucratividade do cajueiro através da maximização do aproveitamento do pedúnculo, cujo potencial de aproveitamento é dos mais expressivos, notadamente no mercado de frutas, constitui um dos principais desafios do melhoramento genético desta espécie. Os clones a serem gerados, além de amêndoas que atendam às exigências da indústria e dos consumidores, devem proporcionar pedúnculos que satisfaçam aos mais diferentes paladares, de forma a conquistar os mercados das regiões mais desenvolvidas e economicamente mais prósperas do País (BARROS *et al.*, 2002).

2.2. Botânica

O cajueiro encontra-se disperso em larga faixa da região tropical do mundo, compreendida entre os paralelos 27° N, no Sul da Flórida, e 28° S, na África do Sul. Toda discussão sobre sua origem fundamenta-se em provas circunstanciais, tais como: primeiras referências bibliográficas, distribuição geográfica, comportamento ecológico, padrões de variação da espécie, utilização humana e outras que indicam o Brasil como centro de origem da espécie ou pelo menos todo o Norte da América do Sul e parte da América Central (BARROS *et al.*, 1993; BARROS; CRISÓSTOMO, 1995).

O principal centro de diversidade do gênero *Anacardium* é a Região Amazônica (florestas úmidas, matas de galeria e cerrado), com um centro secundário de diversidade nos cerrados do Planalto Central do Brasil. A maior diversidade da espécie *Anacardium occidentale* L. está no Nordeste brasileiro, onde pode ser encontrada em diversos ecossistemas, concentrando-se nas Zonas Costeiras do Nordeste, como parte da vegetação de praias, dunas e nas formações de restinga (LIMA, 1986; FROTA; PARENTE, 1995).

A espécie de cajueiro, *Anacardium occidentale* L., pertence à família *Anacardiaceae*, e a posição sistemática do gênero *Anacardium*, de acordo com Bailey (1964), é a seguinte:

IV Divisão	<i>Spermatophyta</i>
II Subdivisão	<i>Angiospermae</i>
II Classe	<i>Dicotyledoneae</i>
I Subclasse	<i>Archichlamideae</i>
39 ^a Ordem	<i>Sapindales</i>
Família	<i>Anacardiaceae</i>
Gênero	<i>Anacardium</i>

No gênero *Anacardium*, além da espécie cultivada, outras 20 foram descritas pela taxonomia clássica e posteriormente reduzida a dez pela taxonomia numérica. Nenhuma outra espécie, além da *A. occidentale* L., é cultivada, embora os pedúnculos de algumas das espécies de cerrado sejam aproveitados, principalmente na produção de doces (BARROS *et al.*, 2002).

O comportamento da cultura é bastante variável no Nordeste do Brasil, onde o cajueiro apresenta elevada variabilidade genética, ocorrendo grande diversidade de tipos morfológicos com diferentes hábitos de crescimento e capacidade produtiva. A estrutura das

flores, favorecendo a polinização cruzada e o modo usual de multiplicação por sementes, é um fator determinante desta variabilidade (PARENTE *et al.*, 1991).

O cajueiro é uma árvore perene, subcaducifólia, com ramificação baixa e de baixo a médio porte, dependendo do fato de ser comum ou anão precoce. As folhas são simples, inteiras, alternas, de aspecto subcoriáceo, glabras e curto-pecioladas, medindo de 10 cm a 20 cm de comprimento por 6 cm a 12 cm de largura. O sistema radicular caracteriza-se por uma raiz pivotante bem desenvolvida e um conjunto de raízes laterais concentradas (90 %) entre 15 e 32 cm da superfície. Estas raízes expandem-se lateralmente e chegam a quase 20 m de distância do caule, além de emitirem lançamentos de raízes verticais. A atividade das raízes apresenta maior efetividade a 15 cm de profundidade e a 2 m do caule. Esse conhecimento é importante para a definição da profundidade de aplicação de fertilizantes, utilização de equipamentos para controle de ervas daninhas nas entrelinhas do plantio e localização da irrigação (FROTA *et al.*, 1991; BARROS *et al.*, 2002).

A inflorescência é uma panícula terminal, com flores masculinas (estaminadas) e hermafroditas (perfeitas), razão pela qual o cajueiro é classificado como uma planta andromonóica. A quantidade de panículas por planta, o número de flores por panícula e a distribuição de ambos os tipos de flores em cada panícula são bastante variáveis, dependendo do genótipo. A duração do período de florescimento varia com o genótipo e o ambiente, e a abertura das flores masculinas tem maior duração do que a das hermafroditas, indo das 6 às 16 horas, enquanto nas hermafroditas concentra-se entre 10 e 12 horas (BARROS, 1988a).

A frutificação ocorre na periferia da copa e é influenciada pela intensidade de luz fotossinteticamente ativa que alcança as flores, conforme descrito por Crisóstomo *et al.* (1992), que observaram, em estudo realizado no Campo Experimental de Pacajus, que no cajueiro 30,9 % da produção ocorre do lado oeste (SW/NW) e 29,3 % do lado norte (NW/NE), contra 20,7 e 19,1 dos lados leste (NE/SE) e sul (SW/SE), respectivamente.

O fruto é um aquênio reniforme conhecido como castanha de caju, aderido à planta por um pedúnculo hipertrofiado (pseudofruto). O pseudofruto é conhecido como maçã do caju ou caju. No Brasil, observa-se grande variabilidade para o peso do fruto, que chega a ultrapassar 30 g, embora a média do peso seja em torno de 8 g. Também, o peso do pedúnculo é muito variável, variando de 15 a pouco mais de 500 g (BARROS *et al.*, 1984; BARROS, 1988b). O crescimento do fruto caracteriza-se por um início lento, uma fase acelerada até o ponto máximo e uma fase de redução do tamanho, até ser completada a maturação. Há, portanto, redução do tamanho, por ocasião da maturação, em relação ao máximo crescimento atingido. Em estudo realizado no Campo Experimental de Pacajus foi observado que em

cajueiro do tipo anão precoce a maturação era completada em 52 dias, com 15 % de redução no peso de frutos maduros em relação ao peso máximo atingido na fase de crescimento (ALMEIDA *et al.*, 1987). O padrão de crescimento do pedúnculo pode ser caracterizado por um crescimento inicial lento, seguido de uma fase acelerada, até a maturação. A aceleração do crescimento tem início com o fim da fase de crescimento máximo do fruto, e o ponto máximo coincide com a sua maturação. (MENEZES; ALVES, 1995).

A grande variabilidade do cajueiro observada no Brasil foi agrupada em dois tipos bem definidos em relação ao porte, denominados de cajueiro tipo comum e tipo anão precoce. O cajueiro tipo comum, o mais difundido, tanto naturalmente como por cultivo, caracteriza-se pelo porte mais alto, com altura variando de 8 m a 15 m e envergadura de copa que chega a 20 m. A copa apresenta grande variação de formato e distribuição de ramos, sendo possível encontrar desde a forma ereta e compacta até a forma espreada (BARROS, 1988b). A capacidade produtiva individual do cajueiro comum é muito variável, indo desde plantas que produzem apenas uns poucos frutos, até aquelas com produções em torno de 100 kg de castanha por safra, não obstante existem informações, não oficialmente registradas, de plantas em áreas de produtor com produção de 400 kg de castanha por safra (CRISÓSTOMO *et al.*, 1999).

O cajueiro tipo anão precoce caracteriza-se pelo porte baixo, altura abaixo de 4 m, copa homogênea com variação no tamanho de 5,0 a 6,5 m, diâmetro do caule e envergadura bem inferiores ao do tipo comum e início do florescimento entre 6 e 18 meses. O peso do fruto nas populações naturais varia de 3 a 10 g, e o do pedúnculo, de 20 a 160 g, apresentando menor variabilidade em relação ao tipo comum para estes caracteres. O cajueiro anão precoce caracteriza-se pelo florescimento já no primeiro ano de vida, o que é uma vantagem excepcional em relação ao tipo comum que normalmente floresce no terceiro ano. Os clones melhorados de cajueiro anão precoce, quando em cultivo irrigado, iniciam a sua produção no primeiro ano, o que já permite a colheita quando a produção se destina ao mercado de frutas de mesa (PAIVA *et al.*, 2003).

2.3. Qualidade do Pedúnculo

Os aspectos de qualidade são naturalmente os mais importantes para determinar aceitabilidade dos frutos comercialmente. Uma questão de grande importância que influi no êxito comercial é demonstrar aos consumidores potenciais as características de qualidade dos frutos para seu consumo (cor, textura, sabor, aroma, etc.), a forma de consumi-la (*in natura*, minimamente processada, etc.) e a qualidade nutricional de sua composição. Segundo Moura

Fé *et al.* (1972), a importância de estudar a caracterização química, física e físico-química do pedúnculo do cajueiro decorre da grande participação deste produto no processo de desenvolvimento da agroindústria de frutos tropicais no Nordeste brasileiro.

Segundo Menezes e Alves (1995), a qualidade do pedúnculo para consumo *in natura* relaciona-se principalmente aos seguintes aspectos: teor de açúcar da polpa, adstringência e coloração externa (vermelha ou amarela). Para atender às demandas atuais da cajucultura de sequeiro ou irrigada, o melhoramento genético volta-se para a seleção de plantas de porte baixo, pedúnculo com características adequadas de coloração, sabor, textura, maior período de conservação, baixo teor de fenólicos, consistência firme, castanha de tamanho e peso adequados (≥ 10 g) às preferências do consumidor, e facilidade de destaque do pedúnculo. Os consumidores preferem pedúnculos com peso variando de 100 a 140 g, com coloração vermelha ou tons avermelhados. Nesse enfoque, a seleção tem que estar orientada para plantas com características que atendam as necessidades de melhor aproveitamento na colheita e redução das perdas pós-colheita (BARROS *et al.*, 2000).

Em relação à qualidade de pedúnculos de caju, como matéria-prima para processamento de polpa, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento estabeleceu, através da Instrução Normativa N° 01, de 07 de janeiro de 2000, o regulamento técnico geral para fixação dos padrões de identidade e qualidade para polpa de fruta, incluindo a mesma (BRASIL, 2000).

2.3.1. Características Físicas

2.3.1.1. Coloração da Película

A aparência determina a aceitabilidade de um alimento, razão pela qual a cor talvez seja sua propriedade mais importante, tanto em produtos naturais quanto processados. O consumidor estabelece uma associação entre as modificações significativas da cor com os indícios de alterações químicas, físicas ou microbiológicas que estão ocorrendo, com conseqüentes efeitos sobre as qualidades sensoriais (FIGUEIREDO *et al.*, 2005).

A maioria dos experimentos onde foram realizadas avaliações da coloração nos pedúnculos de caju, até o presente momento, utilizou carta de cores. Muitas combinações diferentes de cores em pedúnculos de caju foram observadas. Além dos pedúnculos vermelhos e amarelos, existem várias gradações entre estas cores. Moura *et al.* (2001), avaliando características físicas de pedúnculos de cajueiro para comercialização *in natura*, relacionaram cores variando desde o laranja (CCP 09) ao vermelho escuro (END 189). Trabalhando com

uma população de cajuís oriundos da vegetação litorânea do Piauí, Rufino (2004) relata uma variação na coloração desde o amarelo claro ao vermelho claro, sendo que os cajuís de coloração amarela foram predominantes em relação aos demais. A autora destaca que o mercado de caju *in natura* prefere pedúnculos de coloração alaranjada à vermelha. No entanto, para a indústria, a coloração da película não tem importância tendo em vista que suas características qualitativas são as que interessam.

A avaliação sensorial da cor é critério subjetivo de baixa precisão, quando se objetiva quantificar alterações progressivas e de pequena monta em materiais sujeitos as mudanças de cor. Sistemas de controle baseados em medidas objetivas e valores numéricos são, geralmente, utilizados, quando se deseja prevenir erros devido a diferenças na percepção visual desse parâmetro. Nesses sistemas, as alterações dos pigmentos podem ser detectadas pela medida da cor, que pode ser usada como um meio indireto de análise para estimar compostos coloridos de alimentos e, muitas vezes, é mais simples e rápida do que a análise química (FIGUEIREDO *et al.*, 2005).

A medida objetiva da coloração tornou-se sensivelmente mais simples a partir do advento dos colorímetros. O que era avaliado antes de maneira subjetiva por meio de escala de notas, passou a ser medido objetivamente com o emprego deste equipamento. A avaliação da coloração de frutas mensurada com colorímetro eletrônico, no sistema registrado pela CIE (Commission Internationale de l'Éclairage, ou seja, Comissão Internacional de Iluminação) usa as coordenadas espaciais da cor (\underline{L} , \underline{a} e \underline{b}) (CIELab). O sistema tri-axial ("tristimulus") de cores permite ao observador determinar com exatidão a coloração do objeto em estudo. Neste sistema o eixo x, caráter intensidade de vermelho (a), corresponde às cores que variam do verde (-a) ao vermelho (+a); o eixo y, caráter intensidade de amarelo (b), corresponde às cores que variam do azul (-b) ao amarelo (+b) e o eixo z, caráter luminosidade (L), corresponde às cores que vão do branco (100) ao preto (0). As coordenadas \underline{a} e \underline{b} aproximam-se do zero para cores neutras (branco, cinzento e preto). O valor de \underline{L} é um indicador útil de escurecimento durante o armazenamento, resultante de reações de escurecimento oxidativa ou do aumento da concentração de pigmentos. A partir destes valores podem ser calculados os valores de tonalidade da cor (ângulo Hue), expressa em graus, pela fórmula: $\text{ângulo Hue} = \text{arc tg} (b/a)$. O ângulo Hue é a variável que melhor representa a evolução da cor na epiderme (TREVISAN *et al.*, 2004; HAMINIUK *et al.*, 2005; MENDES, 2005; MORETTI, 2006).

Avaliando a cor da película de pedúnculos de clones de cajueiro anão precoce para consumo *in natura* armazenados sob diferentes camadas de PVC no sistema registrado pela CIELCh, que definem a cor em luminosidade (L), cromaticidade (C) e ângulo Hue (h),

Moura *et al.* (2005), observaram uma elevação do ângulo Hue em todos os clones, significando uma tendência ao amarelecimento do pedúnculo com o decorrer do armazenamento, sendo em maior intensidade para os clones mais avermelhados.

2.3.1.2. Tamanho e Formato do Pedúnculo de Caju

Segundo Barros *et al.* (1984), o pedúnculo de caju apresenta grande variação de tamanho desde 30 mm até 200 mm de comprimento por 30 mm até 120 mm de largura. Estes caracteres influenciam o formato do pedúnculo de caju que pode variar de esférico a cilíndrico.

Silva Júnior e Paiva (1994), em trabalho realizado com o objetivo de caracterizar pedúnculos de caju oriundos de quatro clones de cajueiro anão precoce (CCP 09, CCP 76, CCP 1001 e L 49) relataram que os aspectos físicos apresentaram certa heterogeneidade, especialmente em relação ao comprimento do pedúnculo, embora tenha ocorrido relativas semelhanças nas determinações físico-químicas. Os autores observaram diferenças significativas entre as médias dos clones avaliados em relação ao comprimento do pedúnculo, sendo que os maiores valores foram apresentados pelo clone CCP 76 e os menores pelo clone CCP 1001.

Moura *et al.* (2001), avaliando características físicas de pedúnculos em nove genótipos de cajueiro, objetivando selecionar genótipos elite com as melhores características para a comercialização e consumo *in natura*, observou que os clones END 183, END 157 e P 47 não diferiram estatisticamente ($p > 0,05$) em relação ao clone testemunha CCP 76 com relação ao diâmetro basal (próximo à inserção da castanha), sendo que o clone END 157 se destacou dos demais por ter apresentado a maior média em relação ao comprimento do pedúnculo, superando à testemunha. Vale ressaltar que dentre os genótipos avaliados pelos autores somente os clones CCP 76, CAP (500), END 157 e END 183 apresentaram o formato piriforme, considerado o formato ideal para utilização nas embalagens comerciais.

Paiva *et al.* (1998), avaliando a produção e qualidade de pedúnculos de clones de cajueiro anão precoce sob cultivo irrigado, utilizaram como um dos critérios de seleção de genótipos elite o formato pêra (piriforme) do caju por ser de fácil disposição nas embalagens utilizadas para a comercialização *in natura*. O clone CCP 76 foi utilizado como testemunha por apresentar este formato e ser o mais cultivado para a comercialização *in natura*. Os autores identificaram três genótipos, além do CCP 76, com o formato piriforme dentre os nove clones estudados.

2.3.1.3. Peso Total, da Castanha e do Pedúnculo

A classificação do caju para o mercado de consumo *in natura* no Brasil é baseada no número de cajus por bandeja (550 a 600 g) e frequentemente varia de quatro a oito. Vale ressaltar que os tipos 4, 5 e 6 (quatro a seis por bandeja) são os mais procurados pelo consumidor e, conseqüentemente, os que atingem os melhores preços no mercado. Segundo Figueiredo *et al.* (2002), atualmente os cajus mais adequados para o mercado de consumo *in natura* são aqueles com peso médio próximo a 100 g, por serem os preferidos pelos consumidores.

O peso dos pedúnculos de cajus, nas populações naturais conhecidas, segundo Barros (1988b), varia de 20 a 500 g, sendo um indicativo de variabilidade genética para esta característica. O autor atribui a grande variabilidade observada ao fato de ser o Brasil o centro de origem da espécie.

Com relação ao peso da castanha, Silva Júnior e Paiva (1994), após caracterizar fisicamente castanhas de quatro clones de cajueiro anão precoce, concluíram que, do ponto de vista comercial, o CCP 76 foi o genótipo que apresentou a característica mais importante, ou seja, castanhas com peso superior a 10 g, classificando suas amêndoas como do tipo SLW (*Special Large Whole*). Barros *et al.* (1984), no entanto, encontraram valores que variaram de 7 a 11 g com média de 9 g para o CCP 76, sendo que o peso médio da castanha de caju produzida e comercializada, no Estado do Ceará, é em torno de 8 g.

Moura *et al.* (2001), avaliando o peso total e o peso do pedúnculo de nove clones de cajueiro anão precoce, observaram que os clones END 157, 183 e 189 não diferiram estatisticamente ($p > 0,05$) em relação à testemunha CCP 76 que é considerado como padrão de peso para a comercialização *in natura*.

2.3.2. Características Físico-Químicas

2.3.2.1. Compostos Fenólicos

Está estabelecido que as mudanças no sabor de muitos frutos, ocorridas durante o amadurecimento, estão associadas a modificações na concentração de fenólicos. Sabe-se que a adstringência de frutos imaturos ocorre em conseqüência da presença de fenólicos de peso molecular intermediário (oligoméricos), mas no amadurecimento a concentração destes compostos reduz (MENEZES; ALVES, 1995). Os vegetais possuem algumas centenas de compostos fenólicos agrupados em diferentes classes de acordo com a estrutura química.

Algumas dessas substâncias são pigmentos e outras, os taninos (fenólicos) estão associados à sensação conhecida como adstringência, estando, portanto relacionadas com coloração e sabor, respectivamente (CHITARRA; CHITARRA, 1990).

Nos frutos, os compostos fenólicos estão presentes em diferentes graus de polimerização e podem ser separados em três classes com base no número de anéis aromáticos (fenólicos) presentes, conforme suas solubilidades em solventes orgânicos puros ou diluídos. A fração solúvel em metanol absoluto contém compostos diméricos de baixa massa molar; a fração solúvel em metanol diluído contém os compostos fenólicos oligoméricos com massa molar intermediária; e a fração solúvel em água contém os fenólicos poliméricos de massa molar superior às duas outras frações. A adstringência dos frutos é, até certo limite, determinada pelos compostos fenólicos, e resulta da capacidade dos fenólicos de peso molecular intermediário (oligoméricos) formar complexos insolúveis com proteínas e mucopolissacarídeos da saliva, reduzindo sua ação lubrificante. Os compostos fenólicos de baixa massa molecular, incluindo os precursores de tanino, são aparentemente muito pequenos para formar ligações cruzadas suficientemente efetivas, sendo, portanto, não adstringentes (WILLIAMS, 1957; GOLDSTEIN; SWAIN, 1963).

Os principais fenólicos presentes são ácido gálico, ácido protocatecuico, ácido caféico e catequina. Devido à concentração bastante elevada de taninos no pedúnculo do caju, esse grupo de compostos desempenha importante papel na determinação do seu sabor (MENEZES; ALVES, 1995).

Avaliando a qualidade de pedúnculos de *Anacardium microcarpum*, de dois clones de cajueiro anão precoce (*Anacardium occidentale* L.) e de seus híbridos, Crisóstomo *et al.* (2002) verificaram que os pedúnculos de *A. microcarpum* apresentaram menores valores de fenólicos oligoméricos em relação aos clones da espécie *A. occidentale* L. demonstrando sua adequação em programas de melhoramento genético visando à qualidade do pedúnculo.

Damasceno Júnior e Bezerra (2002) estudando a qualidade de pedúnculos do clone de cajueiro anão precoce CCP 76 submetido a diferentes sistemas de condução e espaçamentos, não observaram diferença significativa ($p > 0,05$) entre os tratamentos em relação aos teores de compostos fenólicos nos pedúnculos avaliados.

Price *et al.* (1975) observaram que para sucos de caju doce, ácido e adstringente valores de 0,22, 0,28 e 0,58 % de tanino, respectivamente, mostrando diferença existente nos constituintes básicos do pedúnculo em classes de sabor. Na indústria, os pedúnculos doce e ácido podem ser misturados para otimizar o sabor, enquanto os pedúnculos adstringentes podem ser usados em produtos nos quais os taninos possam ser precipitados.

2.3.2.2. Sólidos Solúveis Totais

O teor de sólidos solúveis totais tem sido utilizado como índice de maturidade de alguns frutos, por exemplo a manga (SALES; TAVARES, 1999), sendo definido como o teor ou porcentagem de substâncias sólidas dissolvidos no suco extraído da polpa e é constituído na sua maioria por açúcares. A determinação do teor de sólidos solúveis totais normalmente é realizada com intuito de se ter uma estimativa da quantidade de açúcares presentes nos frutos, embora, medidos através de refratômetro, inclui, além dos açúcares, pectinas, sais e ácidos. De acordo com Chitarra e Chitarra (1990), o teor de açúcares normalmente constitui 65 a 85 % do teor de sólidos solúveis totais. Os principais açúcares encontrados no caju são: maltose, sacarose, glicose, celobiose e rafinose (MENEZES; ALVES, 1995).

Geralmente o teor de sólidos solúveis totais aumenta durante a maturação. Observações realizadas em diferentes estágios de desenvolvimento dos frutos mostram que os acréscimos nos valores dos sólidos solúveis totais são atribuídos, principalmente, à hidrólise de carboidratos de reserva acumulados durante o crescimento do fruto na planta, tendo com resultado a produção de açúcares solúveis totais (FIGUEIREDO *et al.*, 2002).

No trabalho de Silva Júnior e Paiva (1994), realizado em Pacajus, CE, os maiores teores de sólidos solúveis totais foram observados nos pedúnculos de cajueiro oriundo do lote CL 49 e no clone de cajueiro anão precoce CCP 09, sendo superiores aos valores observados nos clones CCP 76 e CCP 1001.

2.3.2.3. Acidez Total Titulável

A acidez total titulável é um dos métodos mais comumente usados para medir a acidez de frutos sendo que esta representa todos os grupamentos ácidos encontrados (ácidos orgânicos livres, na forma de sais e compostos fenólicos) na solução. As mudanças na acidez têm um papel fundamental no desenvolvimento do sabor característico dos frutos. Os ácidos orgânicos encontrados em frutos são, principalmente, o málico, o cítrico, o tartárico, o oxálico e o succínico. Normalmente são encontrados vários ácidos orgânicos, mas geralmente apenas um ou dois se acumulam em um mesmo fruto. O ácido predominantemente encontrado no caju é o ácido málico, assim como em outros frutos tais como maçã, banana, ameixa e pêra. Outro ácido orgânico de importância no pedúnculo do caju é o ácido cítrico (MENEZES; ALVES, 1995).

A acidez total titulável em pedúnculos de caju, de acordo com Maia *et al.* (1971), varia entre um máximo de 0,40 % em ácido málico no início do desenvolvimento, para um

mínimo de 0,27 % para pedúnculos completamente maduros. Esta diminuição também foi observada por Alves *et al.* (1999) em estudos realizados com o clone de cajueiro anão precoce CCP 76, cujos teores variaram de 0,40 a 0,21 % em ácido málico para pedúnculos verdes e maduros, respectivamente.

Price *et al.* (1975) encontraram valores médios de acidez total titulável (% de ácido málico) de 0,48, 0,30 e 0,58 para pedúnculos de suco doce, ácido e adstringente, respectivamente. Além de ácido málico, os autores detectaram a presença do ácido cítrico em proporção variável. No suco doce, mais de 20 % do teor de ácido orgânico total é composto de ácido cítrico, enquanto no suco ácido está presente em quantidades inferior a 1%.

Avaliando a qualidade de pedúnculos de clones de cajueiro anão precoce cultivados sob irrigação, Moura (1998) observou uma pequena variação para acidez nos genótipos estudados sendo que o clone END 189 apresentou a menor média, porém não diferiu da testemunha (CCP 76).

2.3.2.4. Relação Sólidos Solúveis/Acidez (SST/ATT)

A relação SST/ATT, ou balanço açúcares/ácidos indica o grau de doçura de um determinado material, sendo um dos índices mais utilizados para avaliar a maturação de frutos e conseqüentemente o sabor dos mesmos. No caso do caju, o máximo de qualidade comestível ocorre quando o pedúnculo está completamente maduro, coincidindo com alta relação SST/ATT, ocasião em que é colhido (ALVES *et al.*, 1999).

De acordo com Figueiredo *et al.* (2002), os sólidos solúveis totais (SST) têm tendência de aumento com o avanço da maturação, enquanto a acidez total titulável (ATT) diminui com o amadurecimento, conseqüentemente ocorre um aumento na relação SST/ATT. Os autores observaram que o valor máximo de doçura (SST/ATT) foi obtido no estágio 7 de desenvolvimento, ou seja, quando os pedúnculos estavam maduros. Este estágio foi considerado o ponto ideal de colheita para o pedúnculo de caju tanto para o consumo *in natura* como para a indústria de processamento.

Deve-se ressaltar que alguns produtos insípidos, contendo ATT e SST muito baixos, apresentam relação elevada entre esses componentes, o que pode conduzir a interpretações errôneas da qualidade comestível. Segundo Chitarra e Chitarra (2005) a relação SST/ATT é mais representativa que a medição isolada de açúcares ou da acidez, pois essa relação dá uma boa idéia do equilíbrio entre esses dois componentes.

2.3.2.5. Vitamina C

A importância da vitamina C na nutrição humana em países em desenvolvimento precisa ser enfatizada. A disponibilidade de frutos ricos em vitamina C serve para prevenir diversas doenças, além de ser um excelente antioxidante. Toda vitamina C da dieta do homem é obtida a partir dos frutos e hortaliças. Ressaltando que o requerimento diário do homem com relação à vitamina C é de cerca de 50 mg e muitos frutos contêm esta quantidade em menos que 100 g de tecido (CHITARRA; CHITARRA, 2005).

A investigação do conteúdo de vitamina C no pedúnculo de caju tem sido objetivo de estudo de diversos pesquisadores (MORAIS *et al.*, 2002; FIGUEIREDO *et al.*, 2002; SILVA *et al.* 2004; MAIA *et al.*, 2004; FIGUEIREDO *et al.*, 2007). Mesmo considerando o teor de vitamina C bem inferior ao da acerola, por exemplo, o pedúnculo de caju é tido como uma excelente fonte de vitamina C, chegando a apresentar de três a cinco vezes o teor de vitamina C dos frutos cítricos que é de cerca de 50 mg/100 g (MENEZES; ALVES, 1995).

O teor de vitamina C do caju tende a aumentar com a maturação, sendo o pedúnculo maduro recomendado como alimento, principalmente devido ao elevado teor de vitamina C (SOARES, 1975). O aumento do nível de ácido ascórbico durante a última fase de desenvolvimento pode ser atribuído a uma queda na atividade da enzima ácido ascórbico oxidase envolvida na degradação do ácido ascórbico (FIGUEIREDO *et al.*, 2002).

Figueiredo *et al.* (2007), avaliando a qualidade de pedúnculos de caju submetidos à aplicação pós-colheita de cálcio e armazenados sob refrigeração, observaram que mesmo aos 25 dias de armazenamento, os valores médios de vitamina C encontrados ainda foram elevados, quando comparados aos frutos tradicionalmente considerados como fonte de vitamina C como, por exemplo, a laranja.

2.4. Mapeamento Genético

O conceito de mapa genético está relacionado às representações gráficas e estatísticas dos cromossomos de uma espécie, indicando a ordenação dos locos nos cromossomos, bem como as distâncias relativas entre eles, sejam tais locos associados a genes ou não. Deve-se ressaltar que uma análise de QTL precisa inicia-se com a construção de um mapa de ligação genético com elevada densidade de marcadores moleculares e suficiente cobertura do genoma (KENIS; KEULEMANS, 2005). Mapas de ligação constituem a base para estudos genéticos avançados, pois eles permitem um melhor entendimento da herança,

identificação e isolamento de genes. Neste sentido, a clonagem de genes pode ser auxiliada por mapas genéticos bem definidos em muitas espécies (OLIVEIRA *et al.*, 2004).

Os mapas genéticos são considerados uma das aplicações de maior impacto da tecnologia de marcadores moleculares na análise genética de espécies, possibilitando principalmente: a) localização das regiões genômicas que controlam caracteres de importância; b) quantificação do efeito destas regiões na característica estudada; e c) junção de todas essas informações para uso em programas de melhoramento. Os avanços dos estudos sobre marcadores baseados em DNA têm facilitado muito o mapeamento de vários genomas de plantas na última década. A construção de um mapa de ligação integra um grande número de técnicas que incluem o desenvolvimento de linhagens progenitoras e populações segregantes adequadas, a identificação dos genótipos nos locos marcadores através de técnicas de biologia molecular e a utilização de técnicas de análise estatística para estimar a ligação e a distância entre os marcadores (DETTORI *et al.*, 2001; CARNEIRO; VIEIRA, 2002).

A construção do mapa genético baseia-se na estimativa da distância, em unidades de recombinação, entre dois marcadores ou locos, que não é uma distância física e sim reflete a frequência de recombinação genética (“crossing-over”) entre eles. Para isso, a porcentagem de recombinação é transformada em centiMorgans (cM) através de diferentes funções de mapeamento. Uma unidade de cM equivale a aproximadamente 1% de recombinação quando os marcadores estão bem próximos, mas pode diferir consideravelmente da porcentagem de recombinação quando estão mais distantes. Isso ocorre devido ao aumento da probabilidade de permuta genética dupla e tripla, que podem influenciar a estimativa da proporção de genótipos recombinantes em relação a genótipos parentais (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998). Deve-se ressaltar que existem regiões cromossômicas de apenas algumas dezenas de milhares de pares de bases (distância física pequena) em que a probabilidade de recombinação é alta (regiões-alvo de recombinação). Ao mesmo tempo, há regiões de alguns milhões de pares de bases (distância física grande) onde a recombinação é praticamente suprimida (p.ex. regiões centroméricas e teloméricas) e a distância entre os locos é mínima (CARNEIRO; VIEIRA, 2002).

Os principais delineamentos genéticos utilizados para se obter populações segregantes visando estudos de mapeamento genético são populações F₂, retrocruzamentos, linhagens endogâmicas recombinantes e linhagens duplo-haplóides. A utilização de linhagens homocigóticas como genitores fenotipicamente divergentes para o caráter em estudo, pode gerar populações segregantes com o máximo de desequilíbrio de ligação. O desequilíbrio

pode ser decorrente de diversas causas, incluindo seleção e deriva genética. Entretanto, a causa predominante em populações segregantes, derivadas de cruzamentos entre linhagens, é a ligação física dos locos. O desequilíbrio de ligação devido à proximidade física dos locos é bastante elevado nas populações de cruzamentos controlados. Conseqüentemente, a capacidade de se detectar a ligação entre os dois locos fisicamente ligados também é alta. Os desvios em relação às proporções esperadas pela segregação independente de alelos de locos marcadores e QTLs permitem a detecção e o mapeamento dos QTLs (MOREIRA, 2004).

Em função do ciclo de reprodução e da perenidade de muitas espécies lenhosas de polinização aberta e altamente heterozigóticas, o mapeamento genético, mesmo com marcadores moleculares, ainda não está tão avançado quanto o de espécies anuais. A disponibilidade de progênies de cruzamentos entre diferentes espécies e variedades de culturas perenes ainda é muito rara. Na maioria das vezes, somente progênies do cruzamento entre dois genitores com certa heterozigosidade encontram-se disponíveis para estruturação de mapas de ligação. Para superar problemas dessa natureza, Grattapaglia e Sederoff (1994) propuseram a utilização de uma estratégia, por eles denominada de “pseudo-testcross”, que permite a construção de mapas de ligação com base na geração F_1 obtida pelo cruzamento de genitores altamente heterozigotos. Nessa abordagem, a configuração do cruzamento não precisa ser planejada *a priori*, como em um cruzamento teste clássico, mas pode ser inferida *a posteriori*, após a análise de segregação dos marcadores na progênie.

O número de marcadores necessários para construir um mapa de ligação depende do tamanho do genoma, do número de cromossomos e da frequência da recombinação genética. Um mapa é considerado completo quando o número de grupos de ligação obtido é igual ao número de cromossomos, ou quando todos os marcadores genéticos estiverem ligados, sugerindo que todas as regiões do genoma estão representadas (LANZA *et al.*, 2000).

Os primeiros mapas genéticos para o cajueiro (*Anacardium occidentale* L.), foram desenvolvidos por Cavalcanti e Wilkinson (2007), utilizando marcadores AFLP, SSR e a metodologia do “pseudo-testcross”. O mapa do genitor feminino (CCP 1001) apresentou 19 grupos de ligação, enquanto o mapa do genitor masculino (CP 96) apresentou 23 grupos de ligação, sendo próximo ao número haplóide mais amplamente aceito para o cajueiro que é de $n = 21$ (ALIYU; AWOPETU, 2007), embora seja claramente incompatível com as contagens de $n = 15$ e $n = 12$ apresentadas por Machado (1944) e Khosla *et al.* (1973), respectivamente. Segundo os autores a adição de novos marcadores ao mapa é necessária para que o número de grupos de ligação represente o verdadeiro número de cromossomos no genoma. No entanto, estes mapas podem ser utilizados como ponto de partida para futuros estudos genéticos na

cultura. Os mapas representam uma plataforma para identificação de locos que controlam características de importância econômica. O próximo estágio neste processo deve ser o desenvolvimento de um mapa mais saturado com mais marcadores co-dominantes para aumentar o poder da análise de QTL e fornecer mais informações para a seleção assistida por marcadores no melhoramento da espécie em estudo.

2.5. Mapeamento de QTLs

A associação de marcadores moleculares ligados a caracteres agrônômicos de interesse é uma das mais úteis e efetivas aplicações da biologia molecular para o melhoramento de plantas. As associações são estabelecidas pela detecção de marcadores proximamente ligados ao caráter desejado. Este caráter pode ser controlado por um ou poucos genes, como reações a doenças e alguns características morfológicas distintas como cor da flor ou pode ser controlado por vários genes que interagem, ou grupos de gene. Os genes ou grupos de gene que contribuem para caracteres poligênicos, tais como produção, qualidade, arquitetura da planta são conhecidos como “quantitative trait loci” (QTL), ou seja, locos que controlam caracteres quantitativos. Estes locos freqüentemente têm efeito individual pequeno e exibem variação contínua devido à existência de vários genes e efeitos ambientais (GELDERMANN, 1975; LANDE; THOMPSON, 1990; UKRAINETZ *et al.*, 2008).

O mapeamento de QTLs possibilita identificar o modo de ação gênica (aditividade, dominância, heterose e epistasia), a decomposição da interação genótipos por ambientes ao nível de cada QTL, além de mensurar o número de locos quantitativos envolvidos na herança complexa, bem como suas localizações cromossômicas e os efeitos nos caracteres quantitativos de interesse e, conseqüentemente, melhorar a eficiência do melhoramento (GRATTAPAGLIA *et al.*, 1995; GRATTAPAGLIA *et al.*, 1996; CARNEIRO; VIEIRA, 2002).

Segundo Cristofani *et al.* (1999), o melhoramento convencional pode ser acelerado por identificação direta e manipulação de QTL usando um sistema baseado em marcadores moleculares co-segregando com o caráter de interesse. Como a qualidade dos frutos é presumidamente controlada por QTLs, marcadores moleculares devem ajudar muito a condução de programas de melhoramento visando melhorar a qualidade de frutos e adaptabilidade, evitando que genes de resistência a pragas e doenças sejam perdidos (CARNEIRO; VIEIRA, 2002; YAMAMOTO *et al.*, 2002)

A grande maioria das características herdáveis de importância econômica resulta de uma ação conjunta de vários genes. No entanto, para a maioria destas características,

existem poucas informações sobre o número, posição cromossômica, magnitude do efeito e interações dos locos que controlam a sua expressão. A capacidade de detectar um QTL é função da magnitude do seu efeito sobre o caráter, do tamanho da população segregante avaliada, da frequência de recombinação entre o marcador e o QTL, bem como da herdabilidade do caráter. Quanto maior o efeito, o tamanho da população e a herdabilidade, e mais próximo o marcador do QTL, mais fácil será a detecção (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Análise de QTL é baseada na combinação de mapas de ligação e avaliações fenotípicas precisas. Ela utiliza caráter fenotípico, marcadores genéticos polimórficos e a configuração genética da população mapeada. A estratégia fundamental da análise de QTL é a identificação de correlações entre a variação genética específica do caráter quantitativo e a detecção do polimorfismo do genoma segregante pelo arranjo dos marcadores moleculares ligados (LANDE; THOMPSON, 1990).

A associação entre um QTL e marcadores pode ser estimada usando um, dois ou vários marcadores simultaneamente, e pode utilizar uma variedade de métodos para identificação destas associações (STAUB *et al.*, 1996). O problema central é que as ações de muitos genes interagindo coletivamente influenciam o fenótipo observado. Uma das primeiras soluções é observar todas as associações individualmente entre marcador e o caráter. O método de análise de marca simples (single marker analysis) é utilizado para uma abordagem inicial no mapeamento de QTLs e fornece a base para o desenvolvimento de outros métodos de mapeamento mais complexos. Nessa análise, a distribuição dos valores do caráter é examinada separadamente, para cada loco marcador. Assim, cada teste de associação caráter-marcador é realizado independentemente da informação dos outros locos marcadores. Para um cromossomo com n marcas, n testes são realizados. A estratégia para detectar QTLs, nesta análise, é fundamentada na comparação entre os valores médios da característica associados aos diferentes genótipos marcadores. Uma diferença significativa entre as médias das classes genotípicas dos marcadores indica a possibilidade da presença de pelo menos um QTL associado ao marcador. Quando o delineamento experimental apresenta somente duas classes genotípicas, como no caso de retrocruzamentos, a comparação entre eles pode ser realizada através do teste t , para verificar se há diferença significativa, que é atribuída ao efeito do marcador ligado a um ou mais QTLs. Caso haja mais que duas classes genotípicas, as comparações são realizadas usando-se testes padrões da teoria de modelos lineares, tais como teste F em análises de variância ou modelos de regressão linear. Por ser uma análise muito simples, a qual não considera a estimativa de posição e efeitos do QTL, é indicada em casos

onde apenas um marcador é utilizado no cromossomo (região) ou quando a distância entre um marcador e outro é muito grande (MOREIRA, 2004).

Um exemplo de análise de marca simples é o método de mapeamento não paramétrico (Nonparametric mapping), que usa o teste de soma de Ranks de Kruskal-Wallis. Este método é realizado em cada loco separadamente, classificando todos os indivíduos de acordo com a característica quantitativa, ao mesmo tempo que classifica com relação ao marcador genotípico (VAN OOIJEN, 2004). Esta aproximação conduz a uma série de problemas. Primeiro são os falsos positivos que podem ocorrer se um nível baixo de significância estatística for empregado para testar a associação. Segundo, todos os genes em um cromossomo apresentam alguma ligação entre eles mesmos, assim um QTL pode ser associado com muitos marcadores. Finalmente, um QTL específico não é necessariamente alélico com algum marcador específico, assim a posição e o efeito não podem ser identificados precisamente (KEARSEY; FARQUHAR, 1998).

Pelas razões mencionadas, Lander e Botstein (1989) propuseram um sistema alternativo, conhecido como mapeamento de intervalo (interval mapping), para superar muitas destas dificuldades. Este sistema oferece uma nova alternativa para o mapeamento de características quantitativas através da análise de dois marcadores adjacentes na forma de um intervalo. Esta abordagem baseia-se na estimativa de máxima verossimilhança dos parâmetros de frequência de recombinação, ordem de marcadores e magnitude do efeito. Ao minimizar o efeito da distância genética sobre a diferença quantitativa associada ao marcador, este método permite:

- a) localizar com precisão o QTL no segmento;
- b) estimar a magnitude do efeito fenotípico do QTL na forma de proporção da variância fenotípica na característica quantitativa explicada pelo QTL;
- c) aumentar o poder estatístico de detecção e ao mesmo tempo limitar a ocorrência de falsos positivos.

O teste de significância desses parâmetros é feito pela razão de verossimilhança que é feita pela razão da função da máxima verossimilhança, sob a hipótese de que há ligação e sob a hipótese nula de que não há ligação. Para facilitar a interpretação do teste, Lander e Botstein (1989), introduziram a estatística do LOD score (Log of the odds, ou seja, logaritmo de probabilidade), que consiste em utilizar a estatística da razão de verossimilhança convertida para o logaritmo na base 10. Valores elevados desse LOD favorecem a hipótese de ligação, enquanto valores próximos de 2 fornecem evidência de segregação independente. Em geral, consideram-se ligados locos que apresentam valores de LOD superiores ou iguais a 3.

Este valor indica que a hipótese alternativa é $10^3 = 1000$ vezes mais provável que a hipótese nula.

Para facilitar a visualização e a tomada de decisão pela significância desses parâmetros, constroem-se curvas formadas pelos valores calculados de cada razão de verossimilhança ou LOD em cada posição do cromossomo, avaliada em função das distâncias do cromossomo. Picos da curva que ultrapassam o ponto limite, indicam a possibilidade de existência de um QTL naquela posição. O mapeamento de intervalos sofre um problema de resolução quando dois QTLs estão ligados próximos um ao outro no mesmo cromossomo. Neste caso, a posição e magnitude dos efeitos não podem ser estimados corretamente (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Para superar o problema mencionado no parágrafo anterior, Jansen (1993, 1994) e Jansen e Stam (1994) desenvolveram o mapeamento de QTLs múltiplos (mapeamento MQM). Este método é uma extensão do mapeamento de intervalo baseado no modelo de QTLs múltiplos, testando a hipótese da presença de mais de um QTL está segregando simultaneamente no mesmo cromossomo. Este inclui conhecimento de marcadores cofatores, evitando que toda a variação devido a outros QTLs fora do intervalo sejam residuais, aumentando o poder e precisão do mapeamento de intervalo. Segundo Van Ooijen (2004), inicialmente os QTLs candidatos devem ser examinados por regressão múltipla ou pelo uso de mapeamento de intervalo (i.e. modelo de QTL único), em seguida os marcadores próximos ao QTL detectado são selecionados como cofatores para identificar QTLs próximos usando o modelo de QTLs múltiplos no subsequente mapeamento MQM. A principal vantagem é a utilização de marcas significativas como cofatores, resolvendo o problema de falsos QTLs. Como desvantagem do mapeamento MQM, o uso de marcadores fortemente ligados como cofatores pode reduzir o poder do teste estatístico na detecção de QTLs.

Poucos estudos moleculares foram realizados no cajueiro e a maioria deles concentra-se em estudo de diversidade genética em clones e genótipos selvagens do banco de germoplasma (MNENEY *et al.*, 2001; DHANRAJ *et al.*, 2002; ARCHAK *et al.*, 2003a; ARCHAK *et al.*, 2003b). Com relação à identificação de QTLs no cajueiro, deve-se destacar o trabalho pioneiro de Cavalcanti (2004), que identificou QTLs associados a altura de planta, diâmetro de copa e resistência ao mofo preto em cajueiro a partir de um cruzamento entre o clone de cajueiro anão precoce CCP 1001 e o genótipo gigante CP 96. O autor identificou um QTL para altura da planta denominado *ph-1m* e responsável por 22,8 % da variação fenotípica, e três QTLs candidatos: *ph-2m*, *ph-3m* e *ph-4m* responsáveis por 3,65, 0,76 e 0,70 %, respectivamente. Com relação ao diâmetro de copa, o QTL identificado (*cd-1m*) foi

responsável por 9,6 % da variação fenotípica e dois QTLs candidatos, denominados *cd-2m* e *cd-3f* responsáveis por 3,2 e 0,0 %, respectivamente. Já para o caráter severidade do mofo preto o QTL *bms-1f* foi responsável por 21,8 % da variação fenotípica e os QTLs candidatos *bms-2f* e *bms-3m* foram responsáveis por 8,4 e 12,4 %, respectivamente. Segundo o autor, os QTLs identificados serão úteis para seleção assistida por marcadores no cajueiro, principalmente no estágio de viveiro.

2.6. Melhoramento Assistido por Marcadores

A seleção fenotípica tem sido praticada conscientemente ou inconscientemente por milênios, com resultados surpreendentes. Recentemente, avanço na engenharia genética promete revolucionar as práticas agrícolas. Existe, no entanto, várias razões que indicam que a engenharia genética nunca poderá substituir os métodos tradicionais de melhoramento, mais deve ser integrada para obter o máximo de aprimoramento no valor econômico nas populações domesticadas. A seleção assistida por marcadores (SAM) é um método que integra a genética molecular com a seleção fenotípica e é uma das mais recentes estratégias para o melhoramento de plantas. O objetivo é integrar a seleção, marcadores moleculares ligados a genes que confirmam caracteres desejáveis (LANDE; THOMPSON, 1990).

O princípio básico deste método está na procura de genes desejáveis indiretamente por meio do uso de marcadores ligados, permitindo a seleção fenotípica para outros caracteres. A estratégia não é nova e foi sugerida primeiramente para o uso de genes que controlam caracteres de herança Mendeliana simples (p.ex. cor) como marcadores para genes desejáveis. Em alguns casos, caracteres morfológicos podem ser utilizados como indicadores para genes específicos e são usados como marcadores genéticos nos cromossomos. A ligação entre um marcador genético e um QTL foi primeiramente demonstrada por Sax (1923), avaliando a associação de diferentes tamanhos de grãos com o padrão e pigmentação do tegumento em *Phaseolus vulgaris*. O autor detectou que a mudança da cor do tegumento da semente (caráter simples - marcador) de *Phaseolus* estava ligada à variação do tamanho médio da semente (caráter quantitativo - QTL).

Potencialmente, o maior impacto da tecnologia da seleção SAM é esperado para características quantitativas (caráter com uma distribuição contínua e freqüentemente controlado por muitos genes, cada um com efeitos pequenos sobre o caráter). A utilização de marcadores moleculares como uma ferramenta de seleção para características do fruto, precocidade e hábito de crescimento em culturas perenes é uma tecnologia extremamente atraente, tendo em vista o tempo necessário para completar uma geração de melhoramento

nestas espécies (HEMMAT *et al.*, 1994). A perspectiva é tornar mais eficiente à seleção precoce e com isso aumentar o ganho genético por unidade de tempo. Neste contexto, os caracteres de difícil avaliação que requerem idade adulta e procedimentos demorados de avaliação fenotípica fazem com que o melhoramento de espécies florestais e frutíferas seja a área onde o uso efetivo desta tecnologia tende a ter as melhores perspectivas de sucesso (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material Vegetal

3.1.1. Seleção dos Pais

Os genótipos parentais utilizados neste estudo foram selecionados de uma população de cajueiro da coleção de germoplasma da Embrapa Agroindústria Tropical, instalada na Estação Experimental de Pacajus, CE. O clone de cajueiro anão precoce CCP 1001 foi utilizado como genitor feminino e o genótipo de cajueiro comum (gigante) CP 96 como genitor masculino. Ambos os genótipos foram originados de uma população natural de *A. occidentale* L. no Ceará. O dois parentais usados para obter a geração F₁ foram selecionados para prover o máximo de contraste para altura de planta e resistência às doenças antracnose e mofo preto. A seleção foi dirigida para permitir contrastes entre os caracteres:

1) CCP 1001 – anão (5,5 m), exibindo elevada produção de castanhas pequenas, susceptível a antracnose e altamente susceptível ao mofo preto.

2) CP 96 – gigante (12 m), elevada produção de castanhas grandes, moderada resistência/tolerância à antracnose e elevada resistência ao mofo preto.

3.1.2. População Avaliada

A geração F₁ de cajueiro utilizada neste estudo foi composta de 85 indivíduos de uma progênie de irmãos-completos derivado de um cruzamento entre CCP 1001 e CP 96. Treze representantes desta progênie foram obtidos previamente em um cruzamento realizado em 1991 e os outros 72 genótipos foram obtidos em um cruzamento realizado em 2000. Estando os genótipos com quatorze e cinco anos, respectivamente. O cruzamento entre os dois parentais foi realizado pincelando a antera (com pólen) da flor do parental CP 96 no estigma da flor do parental CCP 1001, previamente emasculadas. As panículas foram protegidas com sacos plásticos para evitar cruzamentos indesejáveis. O plantio foi realizado no espaçamento de 3 m x 3 m e conduzido em regime de sequeiro. As fileiras da população foram separadas por fileiras alternadas do CCP 1001 e do CCP 09 em ordem para aumentar a incidência do mofo preto.

3.2. Coleta dos Cajus

Para a caracterização física e físico-química foram avaliados 69 genótipos quanto à qualidade do pedúnculo, sendo 66 plantas F₁ (os genótipos mais produtivas), os dois pais (CCP 1001 e CP 96) e o clone CCP 76 utilizado como testemunha, por ser o mais cultivado para comercialização *in natura*. A colheita dos cajus foi realizada, manualmente, procurando-se evitar os frutos machucados ou que apresentavam início de deterioração. Devidos os genótipos da geração F₁ estarem segregando em relação à época de frutificação, as amostras foram colhidas no período outubro-novembro de 2006, época que corresponde ao pico de produção. Deve-se ressaltar que somente 66 genótipos dos 85 indivíduos da geração F₁ produziram um número satisfatório de pedúnculos para serem avaliados quanto aos aspectos físicos e físico-químicos. A redução neste número de plantas avaliadas é atribuída à morte de uma planta e ao fato de dezoito genótipos terem apresentado uma forte incidência de doenças (mofo preto e antracnose) afetando fortemente a produção destes.

A amostra foi composta de quinze cajus por planta, colhidos quando se encontravam completamente desenvolvidos (com uma leve torção desprendiam-se da panícula), sendo posteriormente acondicionados em camada única, sobre uma esponja de 1,0 cm de espessura. Em seguida foram etiquetadas e transportadas para o Laboratório de Fisiologia e Tecnologia Pós-Colheita da Embrapa Agroindústria, em Fortaleza, CE, onde foram caracterizadas fisicamente quanto à coloração, peso total (castanha + pedúnculo), comprimento, diâmetros basal e apical do pedúnculo.

Após as avaliações físicas, os cajus foram acondicionados em sacos plásticos e congelados em freezer doméstico (-20 °C) para posteriores análises físico-químicas. Entre a colheita e as últimas avaliações físico-químicas das amostras, decorreram aproximadamente 180 dias. As características físico-químicas analisadas foram as seguintes: fenólicos oligoméricos, sólidos solúveis totais, acidez total titulável e vitamina C.

3.3. Avaliação de Características de Qualidade do Caju

A seguir são dadas as metodologias das análises realizadas para determinação dos caracteres físicos e físico-químicos estudados.

3.3.1. Características Físicas

3.3.1.1. Coloração da Película do Pedúnculo de Caju

Obtida a partir de um Colorímetro Minolta, modelo CR-300, o qual expressa a cor em três parâmetros: **L**, que corresponde à luminosidade (brilho, claridade ou reflectância; 0-escuro/opaco e 100-branco); **a**, que corresponde à intensidade de vermelho (valores positivos tendem ao vermelho e negativos tendem ao verde); e **b**, que corresponde à intensidade de amarelo (valores positivos indicam tendência ao amarelo e negativo para o azul).

3.3.1.2. Tamanho do Pedúnculo de Caju

Foram realizadas medições do comprimento, diâmetros basal e apical do pedúnculo (Figura 1), conforme Almeida *et al.* (1987). As medições foram realizadas mediante o uso de um paquímetro Starrett digital 300 mm 727-12/300 com escala graduada em milímetros.

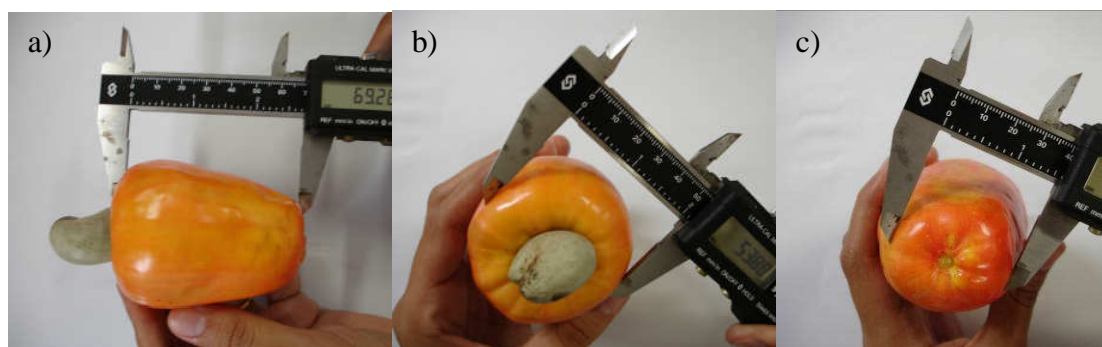


Figura 1 - Visualização dos parâmetros medidos: a) comprimento do pedúnculo; b) diâmetro basal do pedúnculo; e c) diâmetro apical do pedúnculo.

3.3.1.3. Peso Total, da Castanha e do Pedúnculo

O peso total (castanhas + pedúnculo) foi determinado em balança semi-analítica (Mark 3100), com precisão de 0,01 g. Após o congelamento, fez-se o descastanhamento e pesou-se a castanha separadamente do pedúnculo. O peso do pedúnculo foi obtido através da diferença entre o peso total e o peso da castanha.

3.3.2. Características Físico-Químicas

3.3.2.1. Fenólicos Oligoméricos

Dosados conforme metodologia descrita por Reicher *et al.* (1981). Pesa-se 5 g de polpa em erlenmayer de 250 mL, utilizando-se aproximadamente 50 mL do líquido extrator metanol 50 % para extração dos fenólicos oligoméricos. Em seguida o material é submetido a refluxo com líquido extrator por 15 minutos. Após essa fase, todas as amostras são agitadas por 15 minutos e logo em seguida filtradas a vácuo em funil de Buchner. O filtrado foi evaporado até volume aproximado de 5 mL e diluído com água destilada em balão volumétrico de 50 mL. Foram utilizadas para realização da análise alíquotas de 1 mL. As leituras foram feitas em espectrofotômetro (Spectronic Genesys 2) a 720 nm e os resultados expressos em porcentagem.

3.3.2.2. Sólidos Solúveis Totais

Os sólidos solúveis totais (SST) foram determinados de acordo com a metodologia recomendada pela AOAC (1992). A polpa foi filtrada em papel de filtro e após a filtragem, efetuou-se a leitura ($^{\circ}$ Brix) em um refratômetro digital de marca Atago PR-101, com escala variando de 0-45 $^{\circ}$ Brix e compensação automática de temperatura.

3.3.2.3. Acidez Total Titulável

A acidez total titulável (ATT) foi obtida diluindo-se 1 g de polpa em 50 mL de água destilada em um titulador potenciômetro (Mettler DL 12) até pH 8,1 com solução de NaOH (0,1 N) e expressa em porcentagem de ácido málico, segundo metodologia do IAL (1985). Os resultados obtidos foram expressos em porcentagem.

3.3.2.4. Relação Sólidos Solúveis /Acidez (SST/ATT)

A relação SST/ATT foi obtida através do quociente entre o teor de sólidos solúveis totais (SST) e a acidez total titulável (ATT).

3.3.2.5. Vitamina C

O teor de vitamina C (mg/100 g) foi determinado após uma titulação com solução de DFI (2,6-dicloro-fenol-indofenol 0,02 %) até coloração levemente rósea, utilizando-se um alíquota de 4,0 mL proveniente de 1 g de polpa diluída em 50 mL de ácido oxálico 0,5 % de acordo com Strohecker e Henning (1967)

3.4. Delineamento Experimental e Análise Estatística dos Dados de Qualidade do Caju

O experimento foi conduzido em Delineamento Inteiramente Casualizado com 69 tratamentos (plantas), sendo uma testemunha (CCP 76), os dois pais (CCP 1001 e CP 96) e 66 plantas F_1 . Para as características físicas foram utilizadas quinze repetições, sendo cada caju considerado individualmente. Nas avaliações físico-químicas foram utilizadas três repetições constituídas do suco obtido de amostras compostas de cinco pedúnculos.

Após a análise de variância e constatada a significância pelo teste F, os tratamentos foram comparados pelo teste Scott-Knott (SCOTT; KNOTT, 1974) a 5% de probabilidade. Este teste separa as médias por meio de comparações entre grupos de média de dados. O teste de Scott-Knott foi escolhido por ser claro, objetivo e isento de ambigüidades (presentes na maioria dos testes de comparações múltiplas). Como o número de tratamentos avaliados neste experimento foi grande e há o interesse numa separação real de grupos de médias, sem a ambigüidade de resultados, o procedimento apropriado é o teste de Scott Knott (FERREIRA *et al.*, 1999). A análise de variância e teste de comparação de médias foram realizadas utilizando o aplicativo SISVAR (FERREIRA, 2000).

3.5. Identificação de QTLs Candidatos para Qualidade do Caju

A geração F_1 de cajueiro utilizada neste experimento foi previamente mapeada por Cavalcanti e Wilkinson (2007). Os mapas dos genitores CCP 1001 e CP 96 foram compostos de 85 indivíduos de uma progênie F_1 de irmãos-completos (Figura 2 e 3). A população usada para análise de QTL foi composta de 66 das 85 plantas usadas para o mapeamento da população. A redução neste número de indivíduos já foi discutida no item 3.2. Os dados fenotípicos utilizados (cor da película, peso, tamanho, fenólicos oligoméricos, sólidos solúveis totais, acidez total titulável e vitamina C) foram obtidos por meio das médias dos genótipos.

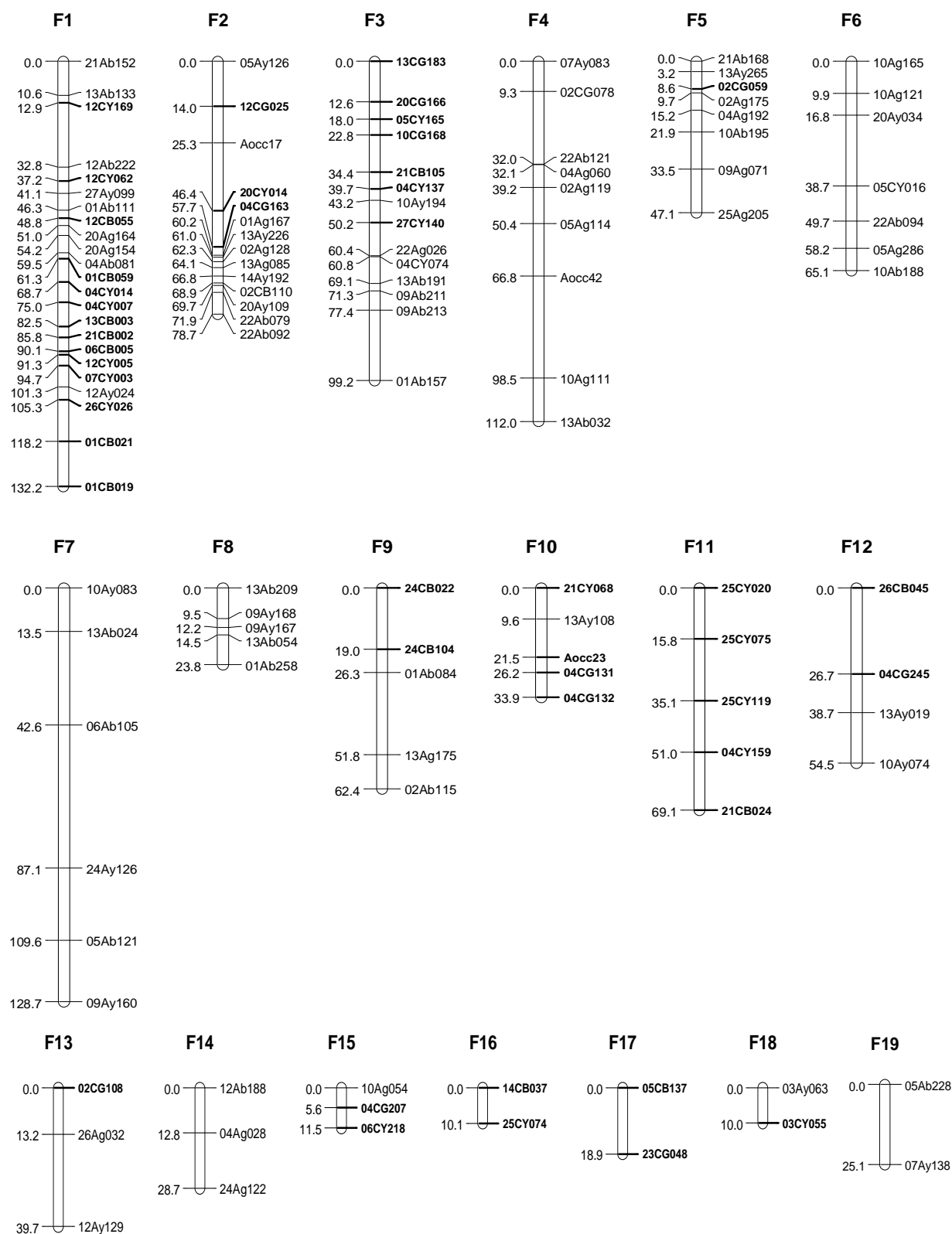


Figura 2 - Mapa genético do genitor feminino CCP 1001. Na esquerda do grupo de ligação podemos observar a distância relativa entre os marcadores (cM) e na direita o respectivo marcador genético. Fonte: Cavalcanti e Wilkinson (2007).

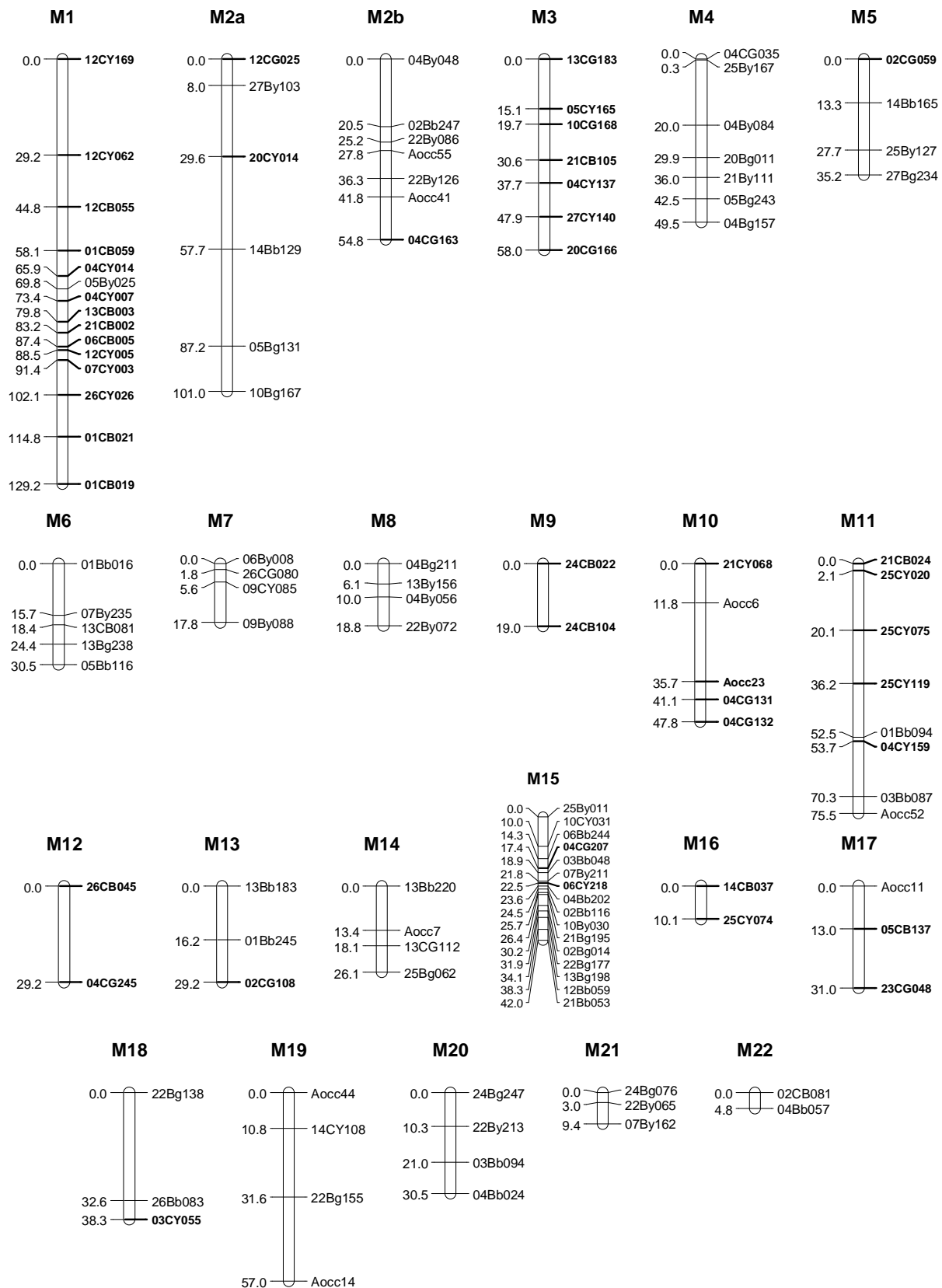


Figura 3 - Mapa genético do genitor masculino CP 96. Na esquerda do grupo de ligação podemos observar a distância relativa entre os marcadores (cM) e na direita o respectivo marcador genético. Fonte: Cavalcanti e Wilkinson (2007).

Histogramas, estimativas das médias e normalidade (teste de Shapiro-Wilk) para cada variável foram realizados utilizando o aplicativo SISVAR (FERREIRA, 2000). Para a detecção e mapeamento de QTLs candidatos na população derivada do cruzamento entre o clone anão CCP 1001 e o genótipo gigante CP 96, foram realizadas análises por meio do software computacional MapQTL® 5 (VAN OOIJEN, 2004). Três diferentes métodos de mapeamento foram empregados:

1. Mapeamento não paramétrico (Nonparametric mapping; análise de Kruskal-Wallis);
2. Mapeamento de intervalo (Interval mapping);
3. Mapeamento de QTLs múltiplos (MQM mapping).

Mapeamento não paramétrico (teste da soma dos rank de Kruskal-Wallis) foi usado para estimar associação entre o marcador e um QTL, i.e. para identificar marcadores que são co-segregantes com QTLs.

Em seguida, a análise de mapeamento de intervalo (Interval Mapping - IM) foi executada para identificar QTLs com efeitos principais significativos e por fim foi realizada a análise de mapeamento de QTL múltiplos (Multiple QTL Mapping – MQM) para detectar possíveis QTLs mascarados pelos QTLs detectados na análise de mapeamento de intervalo com recomendado por Van Ooijen (2004). Um LOD score crítico igual a 3 foi utilizado como padrão para identificação de QTLs candidatos. LOD score (logaritmo das probabilidades, na base 10) igual a 3 indica que a ocorrência de ligação entre um QTL e o marcador é 1000 vezes mais provável que a de segregação independente.

Para todos os QTLs detectados, a percentagem da variância fenotípica total explicada por um único QTL foi estimada usando regressão linear: $R^2 = (SQ_{\text{marcador próximo}}/SQ_{\text{total}}) \times 100$. As análises de regressão linear foram realizadas utilizando o programa GENES (CRUZ, 2007).

O efeito fenotípico do marcador mais próximo ao QTL foi estimado pelo emprego da seguinte equação:

$$\text{Efeito fenotípico} = \frac{(\bar{X}_{gcm} - \bar{X}_{gsm})}{\bar{X}_{gsm}} \times 100$$

onde:

\bar{X}_{gcm} = média da população composta pelos genótipos que possuem o marcador;

\bar{X}_{gsm} = média da população composta pelos genótipos que não possuem o marcador.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Qualidade do Caju

4.1.1. Características Físicas

4.1.1.1. Coloração da Película do Pedúnculo de Caju

A Tabela 2 contém os resultados das análises de variância referentes às características físicas luminosidade (L), intensidade de vermelho (a) e intensidade de amarelo (b). Os tratamentos (genótipos) apresentaram diferenças altamente significativa ($p < 0,01$) entre eles, para os caracteres relativos à coloração da película do caju, indicando que os genótipos são diferentes entre si, sendo uma condição favorável à seleção. Quanto ao coeficiente de variação, foi observado o valor mínimo de 6,62 % no caráter luminosidade e máximo de 32,13 % no caráter intensidade de vermelho. O elevado coeficiente de variação observado no caráter intensidade de vermelho indica menor precisão experimental para este caráter.

Tabela 2 – Resumo das análises de variância para as características luminosidade (L), intensidade de vermelho (a) e intensidade de amarelo (b) da película do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F_1 , aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.

Fontes de variação	G.L.	Quadrados médios		
		L	a	b
Tratamentos	68	547,0869**	1328,5939**	875,6607**
Resíduo	966	17,7347	32,9149	29,5887
Média	-	63,61	17,85	37,83
Valor máximo	-	74,83	37,02	56,91
Valor mínimo	-	51,78	-2,24	23,02
C.V. (%)	-	6,62	32,13	14,38

** Significativo a 1 % de probabilidade pelo teste F.

Na Tabela 3 encontram-se as médias dos 69 tratamentos referentes aos caracteres da coloração do pedúnculo estudados e o resultado da discriminação pelo teste de Scott e Knott (1974). A seguir serão realizadas as discussões dos resultados obtidos para cada variável.

Tabela 3 – Médias das características luminosidade (L), intensidade de vermelho (a), intensidade de amarelo (b) e cor da película do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE¹. (Continua...)

Planta/ Híbrido ²	L	Planta/ Híbrido ²	a	Planta/ Híbrido ²	b	Cor ³
F ₁ -59	51,78 a	F ₁ -2	37,02 a	F ₁ -59	23,02 a	vermelho
F ₁ -2	51,94 a	P ₁ -CCP 1001	33,77 a	F ₁ -30	23,33 a	vermelho
F ₁ -61	52,11 a	F ₁ -66	32,21 a	F ₁ -33	25,01 a	vermelho
F ₁ -13	53,55 a	F ₁ -48	31,91 a	F ₁ -44	27,41 b	vermelho
F ₁ -23	54,69 b	F ₁ -50	31,90 a	F ₁ -56	27,46 b	laranja avermelhado
F ₁ -30	55,02 b	F ₁ -30	31,64 a	F ₁ -23	27,70 b	laranja avermelhado
F ₁ -44	55,23 b	F ₁ -13	31,61 a	F ₁ -2	27,94 b	vermelho
F ₁ -48	55,36 b	F ₁ -44	31,36 a	F ₁ -13	28,17 b	vermelho
F ₁ -56	55,54 b	F ₁ -41	30,10 a	F ₁ -54	28,18 b	laranja avermelhado
T ₁ -CCP 76	56,79 b	F ₁ -33	30,08 a	F ₁ -50	28,48 b	vermelho
F ₁ -50	57,00 b	F ₁ -23	27,02 b	F ₁ -48	28,52 b	vermelho
F ₁ -22	57,11 b	F ₁ -57	26,48 b	F ₁ -61	29,17 b	laranja
F ₁ -54	57,85 c	F ₁ -22	26,41 b	F ₁ -41	31,01 c	laranja avermelhado
P ₁ -CCP 1001	58,13 c	F ₁ -59	26,39 b	P ₁ -CCP 1001	31,12 c	vermelho amarelado
F ₁ -9	58,23 c	F ₁ -9	25,59 c	F ₁ -32	31,52 c	laranja
F ₁ -66	58,33 c	T ₁ -CCP 76	25,41 c	F ₁ -11	31,67 c	laranja
F ₁ -33	58,95 c	F ₁ -54	24,98 c	F ₁ -9	32,01 c	laranja
F ₁ -57	59,07 c	F ₁ -28	24,45 c	F ₁ -57	32,10 c	laranja
F ₁ -32	59,09 c	F ₁ -55	24,27 c	F ₁ -66	32,26 c	laranja avermelhado
F ₁ -55	59,16 c	F ₁ -60	23,84 c	F ₁ -15	32,63 d	laranja amarelado
F ₁ -60	59,21 c	F ₁ -56	23,82 c	F ₁ -28	32,98 d	laranja
F ₁ -7	59,75 c	F ₁ -51	23,64 c	F ₁ -55	33,46 d	laranja
F ₁ -49	60,04 c	F ₁ -32	22,48 c	T ₁ -CCP 76	34,22 d	laranja
F ₁ -41	60,16 c	F ₁ -61	22,22 c	F ₁ -20	34,46 d	laranja
F ₁ -39	61,02 d	F ₁ -35	22,16 c	F ₁ -17	34,48 d	laranja amarelado
F ₁ -28	61,11 d	F ₁ -11	21,89 c	F ₁ -3	34,74 d	laranja
F ₁ -11	61,18 d	F ₁ -3	21,86 c	F ₁ -35	34,87 d	laranja
F ₁ -3	61,41 d	F ₁ -62	21,42 c	F ₁ -22	35,68 d	laranja
F ₁ -62	61,99 d	F ₁ -20	20,71 d	F ₁ -7	35,72 d	laranja amarelado
F ₁ -20	62,37 d	F ₁ -39	20,13 d	F ₁ -49	35,74 d	laranja amarelado
F ₁ -34	62,99 d	F ₁ -63	19,84 d	F ₁ -58	36,14 d	laranja amarelado
F ₁ -21	63,75 e	F ₁ -21	19,42 d	F ₁ -14	36,70 e	laranja amarelado
F ₁ -15	63,77 e	F ₁ -53	19,13 d	F ₁ -6	36,80 e	amarelo avermelhado
F ₁ -17	63,82 e	F ₁ -24	18,92 d	F ₁ -34	37,64 e	laranja amarelado
F ₁ -38	63,86 e	F ₁ -58	18,30 d	F ₁ -24	37,74 e	laranja amarelado
F ₁ -58	63,99 e	F ₁ -14	18,29 d	F ₁ -45	37,91 e	laranja amarelado
F ₁ -24	64,07 e	F ₁ -34	18,06 d	F ₁ -51	38,07 e	laranja
F ₁ -52	64,12 e	F ₁ -49	17,15 d	F ₁ -27	38,19 e	amarelo avermelhado

Tabela 3 – Médias das características luminosidade (L), intensidade de vermelho (a), intensidade de amarelo (b) e cor da película do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE¹. (Continuação)

Planta/ Híbrido ²	L	Planta/ Híbrido ²	a	Planta/ Híbrido ²	b	Cor ³
F ₁ -63	64,87 e	F ₁ -15	17,14 d	F ₁ -62	38,25 e	laranja
F ₁ -51	64,89 e	F ₁ -17	17,03 d	F ₁ -60	38,45 e	laranja
F ₁ -6	65,37 e	F ₁ -7	16,79 d	F ₁ -53	38,55 e	laranja amarelado
F ₁ -53	65,63 f	F ₁ -25	15,83 e	F ₁ -21	39,00 e	laranja amarelado
F ₁ -35	65,68 f	F ₁ -45	14,67 e	F ₁ -39	39,55 f	laranja amarelado
F ₁ -29	66,34 f	F ₁ -64	14,38 e	F ₁ -38	41,06 f	amarelo avermelhado
F ₁ -14	66,73 f	F ₁ -38	14,16 e	F ₁ -8	41,65 f	amarelo
F ₁ -64	66,80 f	F ₁ -42	14,11 e	F ₁ -19	41,74 f	amarelo avermelhado
F ₁ -4	67,25 f	F ₁ -27	13,53 e	F ₁ -63	41,87 f	laranja amarelado
F ₁ -45	67,35 f	F ₁ -4	12,77 e	F ₁ -4	42,25 f	amarelo avermelhado
F ₁ -42	67,49 f	F ₁ -19	12,59 e	F ₁ -36	42,54 f	amarelo
F ₁ -19	68,29 g	F ₁ -6	11,97 f	F ₁ -25	42,91 f	laranja amarelado
F ₁ -46	68,57 g	F ₁ -52	11,89 f	F ₁ -18	43,13 f	amarelo
F ₁ -8	69,09 g	F ₁ -65	10,73 f	F ₁ -47	43,40 f	amarelo
F ₁ -27	69,15 g	F ₁ -46	10,02 f	F ₁ -16	43,54 f	amarelo
F ₁ -43	69,48 g	F ₁ -47	9,78 f	F ₁ -26	43,93 g	amarelo
F ₁ -10	69,70 g	F ₁ -36	9,02 f	F ₁ -10	44,50 g	amarelo
F ₁ -47	69,87 g	F ₁ -10	7,28 g	F ₁ -31	44,73 g	amarelo
F ₁ -25	69,87 g	F ₁ -16	7,00 g	F ₁ -64	45,07 g	amarelo avermelhado
F ₁ -16	69,95 g	F ₁ -26	6,68 g	F ₁ -29	45,15 g	amarelo
F ₁ -65	70,21 g	F ₁ -8	6,23 g	F ₁ -42	45,18 g	amarelo avermelhado
F ₁ -18	70,47 g	F ₁ -43	6,04 g	F ₁ -52	45,25 g	amarelo avermelhado
F ₁ -12	70,76 g	F ₁ -12	5,96 g	P ₂ -CP 96	45,85 g	amarelo
F ₁ -1	71,24 h	F ₁ -29	5,77 g	F ₁ -1	46,95 g	amarelo
F ₁ -40	71,54 h	F ₁ -18	4,87 g	F ₁ -43	47,44 g	amarelo
F ₁ -36	71,98 h	F ₁ -31	4,49 g	F ₁ -46	49,29 h	amarelo
F ₁ -5	72,59 h	F ₁ -5	3,45 g	F ₁ -12	50,02 h	amarelo
F ₁ -26	72,91 h	F ₁ -1	2,81 h	F ₁ -5	50,16 h	amarelo
F ₁ -31	72,98 h	F ₁ -37	2,22 h	F ₁ -65	51,74 h	amarelo
P ₂ -CP 96	73,36 h	P ₂ -CP 96	-0,89 i	F ₁ -40	55,70 i	amarelo
F ₁ -37	74,83 h	F ₁ -40	-2,24 i	F ₁ -37	56,91 i	amarelo
\bar{X} F ₁	63,64	\bar{X} F ₁	17,78	\bar{X} F ₁	37,86	-
\bar{X} Pais	65,74	\bar{X} Pais	16,44	\bar{X} Pais	38,49	-
Het (%)	-3,19	Het (%)	8,15	Het (%)	-1,64	-

¹Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente ao nível de 5 % de probabilidade pelo teste de Scott e Knott (1974).

²P₁ = genitor feminino; P₂ = genitor masculino; F₁ = híbrido (P₁ x P₂); T₁ = testemunha.

³Baseado no ângulo Hue (h°) obtido pela equação: h° = arc tg (b/a).

A luminosidade representa o brilho da superfície ou a quantidade de preto, sendo que o valor máximo de L é cem (branco) e o mínimo é zero (preto). Quanto menor o valor deste caráter, maior será a concentração de pigmentos. Neste estudo foi observado um valor de 58,13 no genitor feminino (CCP 1001), sendo superior ao genitor masculino (CP 96) com média de 73,36. Ambos os genitores foram inferiores à testemunha (CCP 76) que teve média de 56,79 para este caráter (Tabela 3). O alto valor de luminosidade observado no genitor masculino indica que os pedúnculos deste genótipo tem uma menor quantidade de pigmentos escuros na película do pedúnculo, ou seja, são mais brilhantes. A média desta característica na geração F_1 foi de 63,64, sendo um pouco menor em relação à média dos genitores (65,74). Os híbridos apresentaram variação fenotípica entre 51,78 ($F_1 - 59$) e 74,83 ($F_1 - 37$), destacando-se os genótipos $F_1 - 59$, $F_1 - 2$, $F_1 - 61$ e $F_1 - 13$ com médias 51,78, 51,94, 52,11 e 53,55, respectivamente. Estes híbridos apresentaram os menores valores de luminosidade (maior quantidade de pigmentos escuros), sendo superiores à testemunha.

Com relação ao caráter intensidade de vermelho (a), não existe limites numéricos específicos, de forma que o vermelho é representado por +a e o verde por -a. Quanto maior o valor deste caráter, mais avermelhado será a coloração da película do caju. Foi observado um valor de 33,77 no genitor feminino (CCP 1001), sendo superior à testemunha (CCP 76), com média de 25,41. O genitor masculino (CP 96) apresentou média de -0,89, sendo inferior aos clones CCP 1001 e CCP 76 (Tabela 3). O valor de intensidade de vermelho próximo a zero observado no genitor CP 96 indica que este caráter tem pouca influência na coloração do pedúnculo deste genótipo, enquanto o genitor CCP 1001 foi um dos genótipos com maior média neste caráter, indicando elevada quantidade de pigmento vermelho. A média desta característica na geração F_1 foi de 17,78, sendo um pouco superior à média dos genitores (16,44). Os híbridos apresentaram elevada variação fenotípica, situando-se entre -2,24 ($F_1 - 40$) e 37,02 ($F_1 - 2$). Treze genótipos destacaram-se na geração F_1 por terem os maiores valores de intensidade de vermelho ($\geq 26,39$), sendo superiores à testemunha. A maior quantidade de pigmentos vermelhos na película dos pedúnculos é um fator desejável, devido o mercado de caju *in natura* preferir pedúnculos de coloração alaranjada à vermelhada, pois o consumidor associa com fruta mais madura (ALVES; FILGUEIRAS, 2002).

Na variável intensidade de amarelo (b), também não existe limites numéricos específicos, de forma que o amarelo é representado por +b e o azul por -b. Quanto maior o valor deste caráter, mais amarelada será a coloração da película do caju. Foi observado um valor de 31,12 no genitor feminino (CCP 1001), sendo superior à testemunha (CCP 76), com média de 34,22 (Tabela 3), indicando que o CCP 1001 tem menor quantidade de pigmentos

amarelos na película do pedúnculo em relação à testemunha. O genitor masculino (CP 96) apresentou média de 45,85, indicando maior quantidade de pigmentos amarelos, sendo inferior aos clones CCP 1001 e CCP 76, pois o mercado consumidor prefere pedúnculos de coloração vermelha. A média de intensidade de amarelo na geração F_1 foi de 37,86, sendo um pouco inferior à média dos genitores (38,49). Os híbridos apresentaram variação fenotípica entre 23,02 ($F_1 - 59$) e 56,91 ($F_1 - 37$), destacando-se dezoito genótipos por terem uma menor quantidade de pigmentos amarelos ($\leq 32,26$), sendo superiores à testemunha.

Moura *et al.* (2005) avaliaram a influência do armazenamento sob atmosfera modificada na coloração da película dos cajus em quatro clones (CCP 76, BRS 189, END 183 e END 189), observaram que os clones mais avermelhados BRS 189 e END 189 apresentaram valores de ângulo Hue de 38,83 e 54,65, respectivamente. Deve-se destacar que dos 66 genótipos F_1 's estudados, vinte apresentaram valores de ângulo Hue inferior a 54,65 (o que corresponde a 30 % da geração F_1), ou seja, coloração mais vermelha que a observada por Moura *et al.* (2005) para o clone END 189. Oito destes ($F_1 - 59$, $F_1 - 30$, $F_1 - 33$, $F_1 - 44$, $F_1 - 2$, $F_1 - 13$, $F_1 - 50$ e $F_1 - 48$) foram classificados como tendo pedúnculos de coloração vermelha mais intensa por terem um valor de ângulo Hue inferior 43,00. Esses materiais atendem uma das demandas atuais da cajucultura que são pedúnculos de coloração vermelha ou tons avermelhados sendo os preferidos pelos consumidores (BARROS *et al.*, 2000).

4.1.1.2. Tamanho e Formato do Pedúnculo de Caju

A Tabela 4 contém os resultados das análises de variância referentes às características físicas diâmetro basal (DB), diâmetro apical (DA) e comprimento do pedúnculo (CP) de caju. Os tratamentos (genótipos) apresentaram diferenças altamente significativa ($p < 0,01$), para os caracteres relativos às dimensões do pedúnculo, indicando que os genótipos são diferentes entre si. Quanto aos coeficientes de variação, foi observado o valor mínimo de 8,13 % no caráter diâmetro basal e máximo de 11,05 % no caráter diâmetro apical.

Tabela 4 – Resumo das análises de variância para as características diâmetro apical (DA), diâmetro basal (DB) e comprimento do pedúnculo (CP) de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.

Fontes de variação	G.L.	Quadrados médios		
		DA	DB	CP
Tratamentos	68	272,2439**	479,2875**	2086,2512**
Resíduo	966	11,6174	12,9619	43,1313
Média	-	30,83	44,26	62,85
Valor máximo	-	47,71	59,73	96,68
Valor mínimo	-	22,46	31,94	40,01
C.V. (%)	-	11,05	8,13	10,45

** Significativo a 1 % de probabilidade pelo teste F.

Na Tabela 5 encontram-se as médias dos 69 tratamentos referentes aos caracteres diâmetro apical, diâmetro basal, comprimento e formato do pedúnculo e o resultado da discriminação pelo teste de Scott e Knott (1974). A seguir serão realizadas as discussões dos resultados obtidos para cada variável.

Tabela 5 – Médias das características diâmetro apical (DA), diâmetro basal (DB), comprimento do pedúnculo (CP) e formato do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE¹. (Continua...)

Planta/ Híbrido ²	DA (mm)	Planta/ Híbrido ²	DB (mm)	Planta/ Híbrido ²	CP (mm)	Formato
T ₁ -CCP 76	47,71 a	F ₁ -63	59,73 a	F ₁ -14	96,68 a	cilíndrico
F ₁ -30	40,75 b	T ₁ -CCP 76	58,80 a	F ₁ -63	89,61 b	piriforme
F ₁ -66	38,59 c	F ₁ -66	55,04 b	F ₁ -18	85,38 b	cilíndrico
F ₁ -63	38,10 c	F ₁ -30	53,01 b	F ₁ -65	82,93 c	cilíndrico
F ₁ -17	36,47 d	F ₁ -9	52,95 b	F ₁ -8	81,48 c	cilíndrico
F ₁ -65	35,99 d	F ₁ -65	52,72 b	P ₂ -CP 96	81,28 c	cilíndrico
F ₁ -9	35,98 d	F ₁ -64	51,26 c	F ₁ -10	80,22 c	cilíndrico
P ₁ -CCP 1001	35,94 d	P ₁ -CCP 1001	50,48 c	F ₁ -23	77,60 d	cilíndrico
F ₁ -42	35,56 d	F ₁ -50	49,69 d	F ₁ -1	77,25 d	cilíndrico
F ₁ -2	34,85 e	F ₁ -34	49,61 d	F ₁ -5	75,85 d	cilíndrico
F ₁ -45	34,75 e	F ₁ -31	49,02 d	F ₁ -6	75,53 d	cilíndrico
F ₁ -1	34,70 e	F ₁ -33	48,80 d	F ₁ -64	75,51 d	piriforme
F ₁ -33	34,06 e	F ₁ -24	48,15 d	F ₁ -26	75,01 d	cilíndrico
F ₁ -16	33,85 e	F ₁ -7	48,10 d	F ₁ -50	72,76 e	piriforme
F ₁ -53	33,80 e	F ₁ -8	48,08 d	F ₁ -15	72,64 e	cilíndrico
F ₁ -31	33,60 e	F ₁ -22	48,05 d	T ₁ -CCP 76	70,93 e	piriforme
F ₁ -50	33,24 e	F ₁ -42	47,16 d	F ₁ -36	70,76 e	cilíndrico
F ₁ -64	33,18 e	F ₁ -10	47,15 d	F ₁ -34	70,70 e	piriforme
F ₁ -24	33,02 e	F ₁ -4	46,59 d	F ₁ -66	69,01 e	maçã
F ₁ -26	32,51 e	F ₁ -55	46,56 d	F ₁ -4	68,20 f	piriforme
F ₁ -40	32,45 e	F ₁ -16	46,53 d	F ₁ -43	67,99 f	cilíndrico
F ₁ -39	32,35 e	F ₁ -5	46,37 d	F ₁ -42	67,98 f	cilíndrico
F ₁ -22	32,07 e	F ₁ -1	46,25 e	F ₁ -16	67,43 f	cilíndrico
F ₁ -37	31,91 f	F ₁ -6	46,15 e	F ₁ -11	66,39 f	cilíndrico
F ₁ -59	31,56 f	F ₁ -13	46,06 e	F ₁ -24	66,07 f	piriforme
F ₁ -56	31,53 f	F ₁ -39	46,00 e	F ₁ -56	65,66 f	piriforme
F ₁ -57	31,49 f	F ₁ -56	45,64 e	F ₁ -55	65,38 f	piriforme
F ₁ -4	31,48 f	F ₁ -26	45,42 e	F ₁ -22	65,32 f	piriforme
F ₁ -34	31,19 f	F ₁ -2	45,41 e	F ₁ -31	64,92 f	piriforme
F ₁ -35	30,91 f	F ₁ -38	45,38 e	F ₁ -38	64,79 f	piriforme
F ₁ -49	30,88 f	F ₁ -14	45,14 e	F ₁ -47	63,99 f	cilíndrico
F ₁ -5	30,76 f	F ₁ -19	45,08 e	P ₁ -CCP 1001	62,43 g	maçã
F ₁ -43	30,55 f	F ₁ -23	44,98 e	F ₁ -12	62,35 g	cilíndrico
F ₁ -7	30,55 f	F ₁ -17	44,97 e	F ₁ -35	61,95 g	piriforme
F ₁ -8	30,54 f	F ₁ -18	44,92 e	F ₁ -29	61,68 g	piriforme
F ₁ -54	30,45 f	F ₁ -35	44,58 e	F ₁ -30	60,25 g	maçã
F ₁ -19	30,44 f	F ₁ -37	44,33 e	F ₁ -59	60,09 g	piriforme
F ₁ -51	30,39 f	F ₁ -53	44,27 e	F ₁ -19	60,07 g	piriforme

Tabela 5 – Médias das características diâmetro apical (DA), diâmetro basal (DB), comprimento do pedúnculo (CP) e formato do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE¹. (Continuação)

Planta/ Híbrido ²	DA (mm)	Planta/ Híbrido ²	DB (mm)	Planta/ Híbrido ²	CP (mm)	Formato
F ₁ -41	30,20 f	F ₁ -36	44,23 e	F ₁ -37	59,67 g	piriforme
F ₁ -12	29,96 f	F ₁ -43	44,14 e	F ₁ -51	59,28 g	cilíndrico
F ₁ -55	29,81 g	F ₁ -29	43,83 e	F ₁ -3	58,51 g	cilíndrico
F ₁ -61	29,66 g	P ₂ -CP 96	43,56 e	F ₁ -44	58,49 g	cilíndrico
F ₁ -36	29,32 g	F ₁ -59	43,32 e	F ₁ -13	57,97 h	maçã
F ₁ -18	29,21 g	F ₁ -49	43,09 e	F ₁ -33	57,95 h	maçã
F ₁ -13	29,13 g	F ₁ -40	43,05 e	F ₁ -9	57,67 h	maçã
F ₁ -58	29,05 g	F ₁ -11	42,55 f	F ₁ -7	57,56 h	maçã
F ₁ -11	28,81 g	F ₁ -12	42,47 f	F ₁ -39	57,23 h	maçã
F ₁ -14	28,80 g	F ₁ -27	42,44 f	F ₁ -17	56,84 h	piriforme
F ₁ -23	28,71 g	F ₁ -57	41,57 f	F ₁ -49	54,78 h	piriforme
F ₁ -29	28,55 g	F ₁ -51	41,23 f	F ₁ -41	54,55 h	piriforme
F ₁ -10	28,35 g	F ₁ -45	40,89 g	F ₁ -52	54,15 h	cilíndrico
F ₁ -38	28,19 g	F ₁ -15	40,77 g	F ₁ -58	54,02 h	piriforme
F ₁ -3	27,87 h	F ₁ -58	40,50 g	F ₁ -46	53,65 h	cilíndrico
F ₁ -6	27,83 h	F ₁ -61	40,31 g	F ₁ -32	53,26 i	piriforme
F ₁ -47	27,58 h	F ₁ -41	40,19 g	F ₁ -27	53,02 i	maçã
F ₁ -21	27,57 h	F ₁ -3	39,57 g	F ₁ -61	52,17 i	piriforme
F ₁ -15	27,12 h	F ₁ -54	38,95 g	F ₁ -20	51,75 i	cilíndrico
F ₁ -27	27,03 h	F ₁ -47	38,86 g	F ₁ -48	51,25 i	piriforme
F ₁ -25	26,92 h	F ₁ -62	37,94 h	F ₁ -57	50,41 i	maçã
F ₁ -60	26,80 h	F ₁ -60	37,44 h	F ₁ -21	50,38 i	piriforme
F ₁ -62	26,80 h	F ₁ -32	37,36 h	F ₁ -53	50,29 i	maçã
F ₁ -32	26,47 h	F ₁ -21	37,22 h	F ₁ -40	49,90 i	maçã
P ₂ -CP 96	25,78 h	F ₁ -52	35,83 h	F ₁ -62	49,69 i	piriforme
F ₁ -28	24,83 i	F ₁ -48	35,81 h	F ₁ -54	49,20 i	piriforme
F ₁ -20	24,57 i	F ₁ -46	35,17 h	F ₁ -60	48,95 i	piriforme
F ₁ -46	24,44 i	F ₁ -25	35,07 h	F ₁ -2	45,43 j	maçã
F ₁ -52	23,94 i	F ₁ -20	34,11 i	F ₁ -28	42,52 j	piriforme
F ₁ -48	23,49 i	F ₁ -28	32,14 i	F ₁ -45	41,80 j	maçã
F ₁ -44	22,46 i	F ₁ -44	31,94 i	F ₁ -25	40,01 j	maçã
\bar{X} F ₁	30,58	\bar{X} F ₁	43,96	\bar{X} F ₁	62,45	-
\bar{X} Pais	30,86	\bar{X} Pais	47,02	\bar{X} Pais	71,85	-
Het (%)	-0,91	Het (%)	-6,51	Het (%)	-13,08	-

¹Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente ao nível de 5 % de probabilidade pelo teste de Scott e Knott (1974).

²P₁ = genitor feminino; P₂ = genitor masculino; F₁ = híbrido (P₁ x P₂); T₁ = testemunha.

Com relação ao diâmetro apical, o genitor feminino (CCP 1001) apresentou média de 35,94 mm, sendo inferior à testemunha (CCP 76) com média de 47,71 mm. Os clones CCP 76 e CCP 1001 foram superiores ao genitor masculino (CP 96) que teve média de 25,78 mm (Tabela 5). A testemunha se destacou por ter apresentado a maior média de diâmetro apical entre os genótipos avaliados. Com relação ao genitor masculino foi observado um dos menores valores médios para este caráter, sendo bem inferiores à média da testemunha. A média da população híbrida para este caráter foi relativamente baixa (30,58 mm) quando comparada às médias dos clones de cajueiro anão precoce (41,83 mm), embora tenha apresentado um valor muito próximo à média dos genitores (30,86 mm). A variação fenotípica observada na geração F_1 situou-se entre 22,46 mm ($F_1 - 44$) e 40,75 mm ($F_1 - 30$). Os híbridos $F_1 - 30$, $F_1 - 66$ e $F_1 - 63$ com médias de 40,75, 38,59 e 38,10 mm, respectivamente, destacaram-se por serem os genótipos que apresentaram as maiores médias para este caráter entre os indivíduos da geração F_1 , sendo superiores ao clone CCP 1001 (genitor feminino).

O diâmetro basal do genitor feminino (CCP 1001) apresentou média de 50,48 mm, sendo inferior à testemunha (CCP 76) com média de 58,8 mm. No genitor masculino (CP 96) foi observada uma média de 43,56 mm, sendo inferior ao genitor feminino e a testemunha (Tabela 5). Deve-se destacar que o híbrido $F_1 - 63$ apresentou a maior média de diâmetro basal, no entanto não diferiu da testemunha. Além deste, quatro indivíduos F_1 's se destacaram por serem superiores ao clone CCP 1001, sendo eles $F_1 - 66$, $F_1 - 30$, $F_1 - 9$ e $F_1 - 65$ com médias 55,04, 53,01, 52,95 e 52,72 mm, respectivamente. A média da geração F_1 para este caráter foi relativamente baixa (43,96 mm), sendo inferior à média dos genitores (47,02 mm). Os híbridos apresentaram variação fenotípica para o diâmetro basal entre 31,94 mm ($F_1 - 44$) e 59,73 mm ($F_1 - 63$). Moura *et al.* (2001), avaliando as características físicas de pedúnculos de cajueiro para comercialização *in natura*, encontraram que o clone CCP 76 teve média de 61,82 mm para o diâmetro basal, valor este superior ao observado neste experimento (58,80 mm). Os autores atribuíram esta diferença a influência da irrigação contribuindo a favor das plantas irrigadas.

Com relação ao comprimento do pedúnculo, o genitor masculino (CP 96) apresentou média de 81,28 mm, sendo superior à testemunha (CCP 76) com média de 70,93 mm. Ambos foram superiores ao genitor feminino (CCP 1001) que teve média de 62,43 mm (Tabela 5). Deve-se destacar que o híbrido $F_1 - 14$ foi o genótipo que apresentou a maior média de comprimento do pedúnculo entre todos os híbridos avaliados, sendo que dos 66 genótipos F_1 's estudados, doze foram superiores à testemunha (o que corresponde a 18 % da

geração F_1). A média da população híbrida para este caráter foi de 62,45 mm, sendo inferior às médias dos pais que foi de 71,85 mm (heterose negativa), embora tenha apresentado um valor muito próximo à média do clone CCP 1001 (62,43 mm). Os híbridos apresentaram uma elevada variação fenotípica para este caráter, com valores entre 40,01 mm ($F_1 - 25$) e 96,68 mm ($F_1 - 14$). Pinto (1999), avaliando a qualidade de pedúnculos de clones de cajueiro anão precoce cultivado em regime de sequeiro, encontrou uma média de 73,20 mm para o comprimento do pedúnculo no clone CCP 76, sendo este valor semelhante ao observado neste experimento (70,93 mm).

Considerando o formato do pedúnculo do clone CCP 76 e suas dimensões, verifica-se que tanto neste como em outros trabalhos guarda-se uma relação em torno de $1,2 \pm 0,2$, quando se diminui o diâmetro basal (DB) do comprimento do pedúnculo (CP) e dividi-se este valor pela resultado obtido quando se diminui o diâmetro apical (DA) do diâmetro basal (DB), ou seja, $(CP-DB)/(DB-DA) \cong 1,2 \pm 0,2$. Com esta proporcionalidade tem-se o formato piriforme do clone CCP 76 como padrão. Este formato facilita o arranjo dos caju em bandejas para comercialização *in natura*, podendo ser realizadas inferências sobre os outros genótipos (MOURA, 1998).

Com base na relação entre as dimensões do pedúnculo, o genitor feminino (CCP 1001) foi classificado como de formato maçã, devido ter apresentado uma relação abaixo da ideal (0,82). Já os pedúnculos do genitor masculino (CP 96) foram classificados como cilíndricos por apresentarem uma relação acima da ideal (2,12). Dentre os 66 genótipos F_1 's avaliados, 42 % (28 genótipos) deles atingiram a relação próxima a esperada para o formato piriforme, sendo os que mais se aproximaram do formato do pedúnculo do clone CCP 76 (testemunha), considerado o formato ideal do caju para o mercado de consumo *in natura*. Por outro lado, 24 genótipos F_1 's (cerca de 36 % da geração F_1), apresentaram uma relação mais alta, o que lhe confere uma forma cilíndrica, tornado mais difícil a acomodação dos pedúnculos destes genótipos em bandejas de comercialização. Os demais genótipos apresentaram uma relação abaixo da ideal, sendo classificados com formato de maçã.

4.1.1.3. Peso Total, da Castanha e do Pedúnculo

A Tabela 6 contém os resultados das análises de variância referentes às características físicas peso total (PT), peso da castanha (PC) e peso do pedúnculo (PP). As três características apresentaram diferenças altamente significativa ($p < 0,01$) entre os tratamentos, indicando que os genótipos são diferentes entre si, sendo uma condição favorável à seleção. O coeficiente de variação experimental para estas características variou de 11,38 % a 24,32 %. Apesar de altos, estes valores podem ser considerados dentro dos limites aceitáveis para a experimentação com cajueiro nestas características (MOURA, 1998; RUFINO, 2004).

Tabela 6 – Resumo das análises de variância para as características peso total (PT), peso da castanha (PC) e peso do pedúnculo (PP) de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.

Fontes de variação	G.L.	Quadrados médios		
		PT	PC	PP
Tratamentos	68	10819,8761**	37,6380**	9815,9655**
Resíduo	966	268,6064	0,6900	255,8787
Média	-	73,08	7,29	65,78
Valor máximo	-	177,54	11,79	165,76
Valor mínimo	-	30,48	4,56	24,64
C.V. (%)	-	22,43	11,38	24,32

** Significativo a 1 % de probabilidade pelo teste F.

Na Tabela 7 encontram-se as médias dos 69 tratamentos referentes aos caracteres peso total, peso da castanha e peso do pedúnculo e os resultados da discriminação pelo teste de Scott e Knott (1974). A seguir serão realizadas as discussões dos resultados obtidos para cada variável.

Tabela 7 – Médias das características peso total (PT), peso da castanha (PC) e peso do pedúnculo (PP) de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE¹. (Continua...)

Planta/ Híbrido²	PT (g)	Planta/ Híbrido²	PC (g)	Planta/ Híbrido²	PP (g)
F ₁ -63	177,54 a	F ₁ -63	11,79 a	F ₁ -63	165,76 a
T ₁ -CCP 76	151,13 b	F ₁ -66	10,34 b	T ₁ -CCP 76	142,10 b
F ₁ -65	131,22 c	P ₂ -CP 96	10,18 b	F ₁ -65	122,46 c
F ₁ -66	124,64 c	F ₁ -23	10,16 b	F ₁ -66	114,30 c
F ₁ -64	106,43 d	F ₁ -56	9,91 c	F ₁ -64	96,77 d
F ₁ -26	102,89 d	F ₁ -24	9,80 c	F ₁ -26	93,97 d
F ₁ -8	98,96 d	F ₁ -64	9,66 c	F ₁ -8	90,25 d
F ₁ -50	96,79 d	F ₁ -22	9,63 c	F ₁ -50	87,63 d
F ₁ -1	95,15 d	F ₁ -9	9,35 c	F ₁ -1	86,98 d
F ₁ -34	92,73 e	F ₁ -50	9,16 d	F ₁ -34	85,65 d
F ₁ -23	92,51 e	T ₁ -CCP 76	9,03 d	F ₁ -5	83,67 e
F ₁ -5	91,74 e	F ₁ -55	8,97 d	F ₁ -42	83,29 e
F ₁ -42	91,57 e	F ₁ -26	8,92 d	F ₁ -14	82,53 e
F ₁ -9	91,43 e	F ₁ -65	8,76 d	F ₁ -30	82,52 e
F ₁ -14	90,95 e	F ₁ -8	8,71 d	F ₁ -23	82,35 e
F ₁ -24	90,77 e	F ₁ -57	8,62 d	F ₁ -9	82,08 e
F ₁ -30	90,17 e	F ₁ -14	8,41 e	F ₁ -24	80,97 e
P ₂ -CP 96	88,05 e	F ₁ -31	8,36 e	F ₁ -31	78,78 e
F ₁ -56	87,70 e	F ₁ -42	8,29 e	F ₁ -18	78,53 e
F ₁ -31	87,14 e	F ₁ -29	8,26 e	F ₁ -10	78,53 e
F ₁ -22	87,05 e	F ₁ -1	8,17 e	P ₂ -CP 96	77,87 e
F ₁ -10	86,51 e	F ₁ -5	8,07 e	F ₁ -56	77,79 e
P ₁ -CCP 1001	85,15 e	F ₁ -10	7,98 e	P ₁ -CCP 1001	77,58 e
F ₁ -18	85,03 e	F ₁ -27	7,85 e	F ₁ -22	77,42 e
F ₁ -43	81,03 e	F ₁ -33	7,79 e	F ₁ -43	73,78 e
F ₁ -16	79,62 e	F ₁ -30	7,64 f	F ₁ -16	72,57 e
F ₁ -6	77,32 f	P ₁ -CCP 1001	7,57 f	F ₁ -6	70,88 e
F ₁ -33	77,12 f	F ₁ -36	7,48 f	F ₁ -33	69,33 f
F ₁ -39	75,91 f	F ₁ -49	7,45 f	F ₁ -39	68,47 f
F ₁ -4	75,27 f	F ₁ -39	7,44 f	F ₁ -4	67,96 f
F ₁ -55	74,74 f	F ₁ -4	7,31 f	F ₁ -7	67,25 f
F ₁ -7	74,49 f	F ₁ -43	7,25 f	F ₁ -55	65,77 f
F ₁ -29	72,49 f	F ₁ -7	7,24 f	F ₁ -59	64,35 f
F ₁ -36	70,84 f	F ₁ -37	7,21 f	F ₁ -29	64,23 f
F ₁ -17	70,73 f	F ₁ -34	7,09 f	F ₁ -17	64,10 f
F ₁ -59	70,64 f	F ₁ -16	7,05 f	F ₁ -36	63,35 f
F ₁ -37	68,72 f	F ₁ -61	6,71 g	F ₁ -37	61,51 f
F ₁ -38	66,71 g	F ₁ -13	6,70 g	F ₁ -38	60,23 f

Tabela 7 – Médias das características peso total (PT), peso da castanha (PC) e peso do pedúnculo (PP) de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE¹.
(Continuação)

Planta/ Híbrido ²	PT (g)	Planta/ Híbrido ²	PC (g)	Planta/ Híbrido ²	PP (g)
F ₁ -11	64,95 g	F ₁ -3	6,66 g	F ₁ -11	59,65 f
F ₁ -15	64,80 g	F ₁ -17	6,64 g	F ₁ -15	58,43 g
F ₁ -40	64,27 g	F ₁ -53	6,54 g	F ₁ -40	57,76 g
F ₁ -13	62,07 g	F ₁ -40	6,51 g	F ₁ -12	56,44 g
F ₁ -12	61,70 g	F ₁ -18	6,50 g	F ₁ -13	55,37 g
F ₁ -19	61,27 g	F ₁ -38	6,49 g	F ₁ -19	55,32 g
F ₁ -53	58,92 g	F ₁ -6	6,44 g	F ₁ -2	52,58 g
F ₁ -57	58,80 g	F ₁ -58	6,41 g	F ₁ -53	52,38 g
F ₁ -2	58,77 g	F ₁ -15	6,36 g	F ₁ -47	51,31 g
F ₁ -49	57,37 g	F ₁ -60	6,35 g	F ₁ -35	51,16 g
F ₁ -51	57,11 g	F ₁ -59	6,29 g	F ₁ -51	50,84 g
F ₁ -35	56,97 g	F ₁ -51	6,27 g	F ₁ -57	50,17 g
F ₁ -47	56,70 g	F ₁ -45	6,22 g	F ₁ -49	49,92 g
F ₁ -58	54,85 h	F ₁ -2	6,20 g	F ₁ -41	48,72 g
F ₁ -41	54,60 h	F ₁ -44	6,11 h	F ₁ -58	48,44 g
F ₁ -61	53,38 h	F ₁ -46	6,01 h	F ₁ -61	46,67 h
F ₁ -27	52,18 h	F ₁ -19	5,95 h	F ₁ -3	44,81 h
F ₁ -3	51,46 h	F ₁ -41	5,88 h	F ₁ -27	44,33 h
F ₁ -62	49,70 h	F ₁ -62	5,87 h	F ₁ -62	43,83 h
F ₁ -60	49,12 h	F ₁ -28	5,84 h	F ₁ -60	42,77 h
F ₁ -54	47,00 h	F ₁ -35	5,81 h	F ₁ -54	42,23 h
F ₁ -46	44,39 h	F ₁ -32	5,75 h	F ₁ -46	38,38 h
F ₁ -45	44,33 h	F ₁ -47	5,39 i	F ₁ -52	38,37 h
F ₁ -52	43,66 h	F ₁ -11	5,30 i	F ₁ -45	38,11 h
F ₁ -32	42,75 h	F ₁ -52	5,29 i	F ₁ -32	37,00 h
F ₁ -21	41,61 i	F ₁ -12	5,26 i	F ₁ -21	36,43 h
F ₁ -44	37,42 i	F ₁ -21	5,18 i	F ₁ -44	31,31 i
F ₁ -20	35,90 i	F ₁ -20	5,15 i	F ₁ -20	30,75 i
F ₁ -48	34,73 i	F ₁ -25	4,98 i	F ₁ -48	30,17 i
F ₁ -25	32,25 i	F ₁ -54	4,77 i	F ₁ -25	27,27 i
F ₁ -28	30,48 i	F ₁ -48	4,56 i	F ₁ -28	24,64 i
\bar{X} F ₁	71,49	\bar{X} F ₁	7,22	\bar{X} F ₁	64,27
\bar{X} Pais	86,60	\bar{X} Pais	8,87	\bar{X} Pais	77,72
Het (%)	-17,45	Het (%)	-18,60	Het (%)	-17,31

¹Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente ao nível de 5 % de probabilidade pelo teste de Scott e Knott (1974)

²P₁ = genitor feminino; P₂ = genitor masculino; F₁ = híbrido (P₁ x P₂); T₁ = testemunha.

Com relação ao peso total (pedúnculo + castanha), o genitor masculino (CP 96) apresentou média de 88,05 g não diferindo do genitor feminino (CCP 1001) com média de 85,15 g. Entretanto, os dois genitores foram inferiores à testemunha (CCP 76), com média de 151,13 g (Tabela 7). Deve-se destacar que o clone CCP 76 é considerado como padrão de peso para a comercialização *in natura* (MOURA *et al.*, 2001) e que os genitores utilizados neste experimento apresentaram valores médios bem inferiores à média deste. O híbrido F₁ – 63 apresentou o maior peso total entre todas as plantas avaliadas neste experimento, sendo superior à testemunha. A média da geração F₁ para este caráter foi relativamente baixa (71,49 g), sendo inferior à média dos genitores que foi de 86,60 g (heterose negativa). Os híbridos apresentaram uma elevada variação fenotípica variando entre 30,48 g (F₁ – 35) e 177,54 g (F₁ – 63).

Embora a amplitude de variação observada na geração F₁ para este caráter tenha sido alta, poucos genótipos apresentaram peso total superior a 100 g, o que pode ser explicado pela heterose negativa e os baixos valores médios observados nos dois genitores. Esses fatores influenciaram negativamente a característica peso total na geração F₁, sendo um fator desfavorável observado no cruzamento entre CCP 1001 x CP 96. A classificação do caju de mesa é realizada com base no número de pedúnculos por bandeja (500 a 600 g), variando normalmente de quatro a oito, sendo os tipos 4, 5 e 6 (quatro a seis por bandeja) os mais procurados pelo consumidor e, conseqüentemente, os que conseguem os melhores preços. Segundo Figueiredo *et al.* (2002), atualmente os cajus mais adequados para o mercado de consumo *in natura* são aqueles com peso médio próximo a 100 g, por serem os preferidos pelos consumidores. Com base neste sistema de classificação e no mercado consumidor, oito híbridos (F₁ – 63, F₁-65, F₁-66, F₁-64, F₁-26, F₁-8, F₁-50 e F₁-1), foram considerados os mais adequados para comercialização *in natura* por terem médias de peso total próximo ou superior a 100 g, podendo ser classificados como cajus dos tipos 4, 5 e 6.

Para o caráter peso da castanha, o genitor masculino (CP 96) apresentou média de 10,18 g, sendo superior à testemunha (CCP 76) com média de 9,03 g. Ambos foram superiores ao genitor feminino (CCP 1001) que teve média de 7,57 g (Tabela 7). A média da geração F₁ para este caráter foi relativamente baixa (7,22 g), sendo inferior à média dos genitores que foi de 8,87 g (heterose negativa). Deve-se destacar, novamente, o híbrido F₁ – 63, por ter sido o genótipo com maior peso de castanha entre todos os híbridos avaliados neste experimento, sendo superior à testemunha. Foi observada uma elevada variação fenotípica na geração F₁ para este caráter, situando-se entre 4,56 g (F₁ – 48) e 11,79 g (F₁ – 63). Oito genótipos (F₁ – 63, F₁ – 66, F₁ – 23, F₁ – 56, F₁ – 24, F₁ – 64, F₁ – 22 e F₁ – 9), apresentaram

médias de peso da castanha superiores à testemunha, sendo que três destes ($F_1 - 63$, $F_1 - 66$, $F_1 - 23$) com médias de 11,79 g, 10,34 g e 10,16 g, respectivamente, devem ser destacados dos demais por atenderem a uma das demandas atuais da cajucultura que é castanhas com peso superior a 10 g. No entanto, segundo Barros *et al.* (2000), o maior peso de castanha nem sempre releva amêndoas também com maior peso, por este motivo, os índices de rendimento da amêndoa devem ser avaliados. Portanto, é importante que sejam realizados estudos quanto à qualidade das amêndoas nos genótipos que se destacaram visando atender às exigências do mercado consumidor.

Com relação ao peso do pedúnculo, o genitor masculino (CP 96) apresentou média de 77,87 g, não diferindo do genitor feminino (CCP 1001) com média de 77,58 g. Ambos foram inferiores à testemunha (CCP 76) que apresentou média de 142,10 g (Tabela 7). A geração F_1 apresentou média de 64,27 g, inferior à média dos genitores que foi de 77,72 g (heterose negativa). Os híbridos apresentaram uma elevada variação fenotípica para este caráter, situando-se entre 24,64 g ($F_1 - 28$) e 165,76 g ($F_1 - 63$). A exemplo do caráter peso total, os híbridos $F_1 - 63$, $F_1 - 65$, $F_1 - 66$, $F_1 - 64$, $F_1 - 26$, $F_1 - 8$, $F_1 - 50$ e $F_1 - 1$, foram considerados os mais adequados por terem as maiores médias de peso do pedúnculo. Considerando os três caracteres (PT, PC e PP) conjuntamente, além dos oitos genótipos citados acima, cinco híbridos ($F_1 - 23$, $F_1 - 9$, $F_1 - 24$, $F_1 - 56$ e $F_1 - 22$) também devem ser destacados, por não diferirem do genitor feminino (CCP 1001) quanto ao caráter peso total e serem superiores à testemunha (CCP 76) com relação ao peso da castanha.

4.1.2. Características Físico-Químicas

A Tabela 8 contém os resultados das análises de variância referentes aos caracteres físico-químicos fenólicos oligoméricos (FO), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT), relação sólidos solúveis/acidez (SST/ATT) e vitamina C (VC). Os tratamentos (genótipos) apresentaram diferenças altamente significativa ($p < 0,01$) para todas as características físico-químicas avaliadas, indicando diferenças entre os genótipos estudados. Quanto aos coeficientes de variação, foi observado o valor mínimo de 2,16 % no caráter sólidos solúveis totais e máximo de 7,74 % no caráter fenólicos oligoméricos.

Tabela 8 – Resumo das análises de variância para os caracteres fenólicos oligoméricos (FO), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT), relação sólidos solúveis/acidez (SST/ATT) e vitamina C (VC) do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE.

Fontes de variação	G.L.	Quadrados médios				
		FO	SST	ATT	SST/ATT	VC
Tratamentos	68	0,0380**	6,1245**	0,0309**	418,5099**	9203,5675**
Resíduo	138	0,0013	0,0784	0,0003	6,6500	46,4134
Média	-	0,46	12,97	0,36	39,32	243,35
Valor máximo	-	0,74	15,77	0,69	80,27	365,17
Valor mínimo	-	0,21	10,00	0,15	15,78	117,84
C.V. (%)	-	7,74	2,16	4,49	6,56	2,80

** Significativo a 1 % de probabilidade pelo teste F.

Na Tabela 9 encontram-se as médias dos 69 tratamentos referentes aos caracteres físico-químicos do pedúnculo estudados e os resultados da discriminação pelo teste de Scott e Knott (1974). A seguir serão realizadas as discussões dos resultados obtidos para cada variável.

Tabela 9 – Médias dos caracteres fenólicos oligoméricos (FO), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT), relação sólidos solúveis/acidez (SST/ATT) e vitamina C (VC) do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE¹. (Continua...)

Planta/Híbrido ²	FO (%)	Planta/Híbrido ²	SST (°Brix)	Planta/Híbrido ²	ATT (%)	Planta/Híbrido ²	SST/ATT	Planta/Híbrido ²	VC (mg/100 g)
P ₂ -CP 96	0,21 a	F ₁ - 21	15,77 a	F ₁ - 39	0,15 a	F ₁ - 39	80,27 a	F ₁ - 57	365,17 a
F ₁ - 13	0,26 a	F ₁ - 61	15,40 a	F ₁ - 3	0,19 b	F ₁ - 44	65,55 b	F ₁ - 22	361,16 a
F ₁ - 47	0,26 a	F ₁ - 20	15,37 a	F ₁ - 40	0,19 b	F ₁ - 43	64,68 b	F ₁ - 62	346,12 b
F ₁ - 9	0,29 b	F ₁ - 59	15,37 a	F ₁ - 34	0,20 b	F ₁ - 3	63,90 b	F ₁ - 20	345,26 c
F ₁ - 34	0,30 b	F ₁ - 32	15,30 a	F ₁ - 44	0,20 b	F ₁ - 40	62,29 b	F ₁ - 28	328,46 c
F ₁ - 40	0,31 b	F ₁ - 56	15,20 a	F ₁ - 2	0,20 b	T ₁ -CCP 76	59,53 c	F ₁ - 21	325,04 c
F ₁ - 30	0,32 b	F ₁ - 46	15,00 b	T ₁ -CCP 76	0,22 c	F ₁ - 41	58,55 c	F ₁ - 56	321,72 c
F ₁ - 2	0,33 b	F ₁ - 43	14,97 b	F ₁ - 43	0,23 c	F ₁ - 2	54,28 d	F ₁ - 26	318,50 d
T ₁ -CCP 76	0,33 b	F ₁ - 52	14,97 b	P ₂ -CP 96	0,23 c	F ₁ - 34	53,92 d	F ₁ - 60	311,82 d
F ₁ - 11	0,34 b	F ₁ - 28	14,93 b	F ₁ - 64	0,24 c	F ₁ - 50	53,54 d	F ₁ - 5	298,05 e
F ₁ - 54	0,34 b	F ₁ - 58	14,80 b	F ₁ - 41	0,24 c	F ₁ - 64	52,76 d	F ₁ - 6	294,49 e
F ₁ - 44	0,37 c	F ₁ - 65	14,67 b	F ₁ - 6	0,26 d	F ₁ - 49	50,60 d	F ₁ - 1	291,08 e
F ₁ - 43	0,37 c	F ₁ - 50	14,53 c	F ₁ - 16	0,26 d	F ₁ - 6	49,22 e	F ₁ - 65	288,44 e
F ₁ - 6	0,38 c	F ₁ - 26	14,50 c	F ₁ - 49	0,26 d	P ₂ -CP 96	48,85 e	F ₁ - 61	284,25 f
F ₁ - 33	0,38 c	F ₁ - 22	14,37 c	F ₁ - 50	0,27 d	F ₁ - 61	47,37 e	F ₁ - 66	282,36 f
F ₁ - 37	0,38 c	F ₁ - 41	14,20 c	F ₁ - 35	0,27 e	F ₁ - 16	45,93 e	F ₁ - 10	281,91 f
F ₁ - 39	0,39 c	F ₁ - 57	14,20 c	F ₁ - 13	0,28 e	F ₁ - 42	45,14 e	F ₁ - 59	280,71 f
F ₁ - 29	0,40 c	F ₁ - 60	13,97 d	F ₁ - 42	0,28 e	F ₁ - 46	45,08 e	F ₁ - 18	277,81 f
F ₁ - 31	0,41 c	F ₁ - 45	13,90 d	F ₁ - 30	0,29 f	F ₁ - 54	42,74 f	F ₁ - 37	277,72 f
F ₁ - 41	0,41 c	F ₁ - 62	13,87 d	F ₁ - 54	0,30 f	F ₁ - 58	42,52 f	F ₁ - 4	277,65 f
F ₁ - 50	0,41 c	F ₁ - 17	13,83 d	F ₁ - 38	0,31 f	F ₁ - 45	41,01 f	F ₁ - 15	270,37 g
F ₁ - 5	0,41 c	F ₁ - 53	13,67 d	F ₁ - 15	0,31 f	F ₁ - 38	40,99 f	F ₁ - 27	269,62 g
F ₁ - 53	0,41 c	F ₁ - 12	13,57 d	F ₁ - 10	0,32 g	F ₁ - 52	40,42 f	F ₁ - 58	267,03 g
F ₁ - 16	0,42 c	P ₁ -CCP 1001	13,27 e	F ₁ - 11	0,32 g	F ₁ - 30	40,39 f	F ₁ - 14	266,39 g

Tabela 9 – Médias dos caracteres fenólicos oligoméricos (FO), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT), relação sólidos solúveis/acidez (SST/ATT) e vitamina C (VC) do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE¹. (Continua...)

Planta/Híbrido ²	FO (%)	Planta/Híbrido ²	SST (°Brix)	Planta/Híbrido ²	ATT (%)	Planta/Híbrido ²	SST/ATT	Planta/Híbrido ²	VC (mg/100 g)
F ₁ - 25	0,42 c	F ₁ - 23	13,20 e	F ₁ - 48	0,32 g	F ₁ - 9	40,29 f	F ₁ - 38	265,60 g
F ₁ - 48	0,42 c	F ₁ - 55	13,20 e	F ₁ - 9	0,33 g	F ₁ - 65	39,69 f	F ₁ - 7	263,00 g
F ₁ - 3	0,42 c	F ₁ - 18	13,13 e	F ₁ - 61	0,33 g	F ₁ - 48	39,60 f	F ₁ - 49	260,45 g
F ₁ - 35	0,43 d	F ₁ - 29	13,13 e	F ₁ - 46	0,33 g	F ₁ - 12	39,23 f	F ₁ - 46	260,36 g
F ₁ - 8	0,43 d	F ₁ - 44	13,13 e	F ₁ - 47	0,34 g	F ₁ - 15	39,05 f	F ₁ - 31	259,68 g
F ₁ - 17	0,43 d	F ₁ - 9	13,10 e	F ₁ - 45	0,34 g	F ₁ - 17	36,83 g	F ₁ - 12	256,15 h
F ₁ - 23	0,43 d	F ₁ - 49	13,10 e	F ₁ - 12	0,34 g	F ₁ - 7	36,74 g	F ₁ - 51	254,80 h
F ₁ - 7	0,43 d	F ₁ - 54	13,00 e	F ₁ - 7	0,35 g	F ₁ - 53	36,69 g	F ₁ - 48	254,66 h
F ₁ - 42	0,43 d	F ₁ - 25	12,93 e	F ₁ - 19	0,35 g	F ₁ - 19	36,68 g	F ₁ - 55	252,30 h
F ₁ - 45	0,43 d	T ₁ -CCP 76	12,93 e	F ₁ - 63	0,35 g	F ₁ - 63	36,61 g	F ₁ - 32	250,88 h
F ₁ - 15	0,44 d	F ₁ - 24	12,87 e	F ₁ - 58	0,35 g	F ₁ - 35	36,53 g	F ₁ - 23	246,62 h
F ₁ - 24	0,44 d	F ₁ - 48	12,80 e	F ₁ - 51	0,36 h	F ₁ - 13	36,44 g	F ₁ - 64	244,32 h
F ₁ - 10	0,45 d	F ₁ - 7	12,77 e	F ₁ - 29	0,36 h	F ₁ - 29	36,37 g	F ₁ - 8	239,69 i
F ₁ - 19	0,46 d	F ₁ - 19	12,77 e	F ₁ - 5	0,37 h	F ₁ - 32	36,17 g	F ₁ - 40	236,15 i
F ₁ - 21	0,46 d	F ₁ - 42	12,77 e	F ₁ - 53	0,37 h	F ₁ - 47	36,11 g	P ₁ -CCP 1001	234,00 i
F ₁ - 36	0,46 d	F ₁ - 63	12,77 e	F ₁ - 65	0,37 h	F ₁ - 21	35,67 g	F ₁ - 44	233,71 i
F ₁ - 38	0,47 d	F ₁ - 5	12,67 f	F ₁ - 36	0,37 h	F ₁ - 56	35,49 g	F ₁ - 50	232,88 i
F ₁ - 63	0,47 d	F ₁ - 6	12,63 f	F ₁ - 52	0,37 h	F ₁ - 10	35,39 g	F ₁ - 45	229,43 i
F ₁ - 27	0,47 d	F ₁ - 64	12,60 f	F ₁ - 37	0,38 h	F ₁ - 5	34,38 g	F ₁ - 25	226,33 i
F ₁ - 64	0,48 d	F ₁ - 38	12,57 f	F ₁ - 17	0,38 h	F ₁ - 59	33,89 g	F ₁ - 53	224,47 i
F ₁ - 51	0,49 d	F ₁ - 1	12,53 f	F ₁ - 25	0,40 i	F ₁ - 11	33,81 g	F ₁ - 29	221,99 j
F ₁ - 52	0,49 d	F ₁ - 27	12,47 f	F ₁ - 27	0,41 i	F ₁ - 51	33,76 g	F ₁ - 19	218,45 j
F ₁ - 46	0,50 e	F ₁ - 15	12,20 g	F ₁ - 31	0,41 i	F ₁ - 28	33,08 g	F ₁ - 36	217,39 j
F ₁ - 49	0,50 e	F ₁ - 47	12,13 g	F ₁ - 66	0,42 j	F ₁ - 60	32,51 h	T ₁ -CCP 76	216,98 j

Tabela 9 – Médias dos caracteres fenólicos oligoméricos (FO), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT), relação sólidos solúveis/acidez (SST/ATT) e vitamina C (VC) do pedúnculo de caju, referente a 66 plantas da geração F₁, aos dois pais (CCP 1001 e CP 96) e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus, CE¹. (Continuação)

Planta/Híbrido ²	FO (%)	Planta/Híbrido ²	SST (°Brix)	Planta/Híbrido ²	ATT (%)	Planta/Híbrido ²	SST/ATT	Planta/Híbrido ²	VC (mg/100 g)
F ₁ - 1	0,51 e	F ₁ - 51	12,13 g	F ₁ - 32	0,42 j	F ₁ - 25	32,09 h	F ₁ - 3	216,23 j
F ₁ - 12	0,51 e	F ₁ - 37	12,03 g	F ₁ - 33	0,42 j	F ₁ - 22	31,76 h	F ₁ - 41	214,47 j
F ₁ - 28	0,53 f	F ₁ - 39	11,97 h	F ₁ - 1	0,42 j	F ₁ - 37	31,68 h	F ₁ - 63	214,36 j
F ₁ - 4	0,54 f	F ₁ - 3	11,93 h	F ₁ - 8	0,43 j	F ₁ - 36	31,19 h	F ₁ - 43	212,12 j
P ₁ -CCP 1001	0,54 f	F ₁ - 30	11,87 h	F ₁ - 23	0,43 j	F ₁ - 23	30,64 h	F ₁ - 39	206,12 k
F ₁ - 18	0,55 f	F ₁ - 31	11,83 h	F ₁ - 56	0,43 j	F ₁ - 20	30,42 h	F ₁ - 2	201,73 k
F ₁ - 32	0,56 f	F ₁ - 40	11,83 h	F ₁ - 60	0,43 j	F ₁ - 27	30,32 h	F ₁ - 16	187,94 l
F ₁ - 55	0,56 f	F ₁ - 16	11,73 h	F ₁ - 18	0,43 j	F ₁ - 18	30,02 h	F ₁ - 17	184,37 l
F ₁ - 66	0,58 f	F ₁ - 4	11,67 h	F ₁ - 21	0,44 k	P ₁ -CCP 1001	29,79 h	F ₁ - 13	182,16 l
F ₁ - 14	0,58 f	F ₁ - 33	11,67 h	P ₁ -CCP 1001	0,45 k	F ₁ - 1	29,63 h	F ₁ - 52	181,31 l
F ₁ - 26	0,62 g	F ₁ - 36	11,63 h	F ₁ - 22	0,45 k	F ₁ - 57	29,48 h	F ₁ - 9	176,04 l
F ₁ - 57	0,62 g	F ₁ - 8	11,50 i	F ₁ - 28	0,45 k	F ₁ - 62	28,95 h	F ₁ - 30	175,91 l
F ₁ - 62	0,62 g	P ₂ -CP 96	11,30 i	F ₁ - 59	0,45 k	F ₁ - 31	28,85 h	F ₁ - 42	173,38 m
F ₁ - 59	0,62 g	F ₁ - 10	11,27 i	F ₁ - 55	0,47 l	F ₁ - 55	28,39 i	F ₁ - 34	170,35 m
F ₁ - 20	0,63 g	F ₁ - 2	11,03 j	F ₁ - 24	0,47 l	F ₁ - 33	27,72 i	F ₁ - 33	169,00 m
F ₁ - 60	0,63 g	F ₁ - 14	10,87 j	F ₁ - 62	0,48 l	F ₁ - 24	27,69 i	F ₁ - 24	165,73 m
F ₁ - 22	0,63 g	F ₁ - 11	10,77 j	F ₁ - 57	0,48 l	F ₁ - 8	26,63 i	F ₁ - 11	162,22 m
F ₁ - 58	0,66 h	F ₁ - 34	10,53 k	F ₁ - 20	0,51 m	F ₁ - 26	25,44 i	F ₁ - 35	161,15 m
F ₁ - 61	0,67 h	F ₁ - 66	10,37 k	F ₁ - 4	0,57 n	F ₁ - 66	25,04 i	F ₁ - 47	147,33 n
F ₁ - 56	0,68 h	F ₁ - 13	10,20 k	F ₁ - 26	0,57 n	F ₁ - 4	20,68 j	F ₁ - 54	139,69 n
F ₁ - 65	0,74 i	F ₁ - 35	10,00 k	F ₁ - 14	0,69 o	F ₁ - 14	15,78 k	P ₂ -CP 96	117,84 o
\bar{X} F ₁	0,47	\bar{X} F ₁	12,99	\bar{X} F ₁	0,36	\bar{X} F ₁	39,01	\bar{X} F ₁	245,79
\bar{X} Pais	0,37	\bar{X} Pais	12,28	\bar{X} Pais	0,34	\bar{X} Pais	39,32	\bar{X} Pais	175,92
Het (%)	27,03	Het (%)	5,78	Het (%)	5,88	Het (%)	-0,79	Het (%)	39,72

¹Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente ao nível de 5 % de probabilidade pelo teste de Scott e Knott (1974)

²P₁ = genitor feminino; P₂ = genitor masculino; F₁ = híbrido (P₁ x P₂); T₁ = testemunha.

4.1.2.1. Fenólicos Oligoméricos

O genitor masculino (CP 96), com média de 0,21 % foi o genótipo que apresentou o menor teor de fenólicos oligoméricos entre todas as plantas avaliadas neste experimento, sendo superior à testemunha (CCP 76) que teve média de 0,33 %. O genitor masculino e à testemunha foram superiores ao genitor feminino (CCP 1001) que apresentou média de 0,54 %. Com relação a geração F_1 foi observada uma média de 0,47 % para este caráter, valor este bem maior que à média dos genitores que foi de 0,37 %, ou seja, foi observado vigor híbrido neste caráter no cruzamento CCP 1001 x CP 96 (Tabela 9). Resultado semelhante foi observado por Crisóstomo *et al.* (2002). Segundo os autores, o elevado vigor híbrido nos cruzamentos é um indicativo de divergência gênica nos locos que controlam o teor de fenólicos entre os genitores.

A literatura estabelece que as mudanças no sabor de muitos frutos estão relacionadas com modificações na concentração de fenólicos, sendo que a sensação de adstringência ocorre em consequência da presença de fenólicos de peso molecular intermediário, ou seja, os oligoméricos (MENEZES; ALVES, 1995). Segundo Crisóstomo *et al.* (2002) existem “impedimentos” a um maior consumo *in natura* do caju decorrente de vários fatores, alguns dos quais intrínsecos ao pseudofruto, como a adstringência, devido ao teor de fenólicos existentes no pedúnculo dos clones e de tipos comerciais produzidos por sementes, todos da espécie *Anacardium occidentale* L.

O vigor híbrido observado neste caráter é um fator complicador no cruzamento CCP 1001 x CP 96 para o programa de melhoramento visando à qualidade do pedúnculo. O ideal para este caráter seria que a média dos híbridos fosse inferior às médias dos pais, reduzindo assim o teor de fenólicos oligoméricos e, conseqüentemente, a sensação de adstringência a quem consome o pedúnculo de caju. Os híbridos apresentaram uma elevada variação fenotípica para este caráter, situando-se entre 0,26 % ($F_1 - 13$) e 0,74 % ($F_1 - 65$). Os menores teores de fenólicos oligoméricos foram observados nos híbridos $F_1 - 13$ e $F_1 - 47$, sendo superiores à testemunha. Os híbridos $F_1 - 9$, $F_1 - 34$, $F_1 - 40$, $F_1 - 30$, $F_1 - 2$, $F_1 - 11$ e $F_1 - 54$, também devem ser destacados por apresentaram teores de fenólicos oligoméricos semelhantes à testemunha, não diferindo estatisticamente desta. Os baixos teores de fenólicos observados nestes genótipos indicam que os pedúnculos são menos adstringentes, sendo uma das características mais importante, principalmente, para o mercado de consumo *in natura*. No entanto, estes genótipos devem ser melhor avaliados quanto à sensação de adstringência por meio de análise sensorial.

4.1.2.2. Sólidos Solúveis Totais

Com relação ao teor de sólidos solúveis, o genitor feminino (CCP 1001) apresentou média de 13,27 °Brix, não diferindo da testemunha (CCP 76) com média de 12,93 °Brix. No entanto, ambos foram superiores ao genitor masculino (CP 96), que apresentou média de 11,30 °Brix (Tabela 9). A geração F₁ apresentou uma média de 12,99 °Brix, sendo superior à média dos genitores (12,28 °Brix). Os híbridos apresentaram uma elevada variação fenotípica para este caráter, situando-se entre 10,00 °Brix (F₁ – 35) e 15,77 °Brix (F₁ – 21), sendo que dos 66 genótipos F₁'s estudados 23 foram superiores estatisticamente a testemunha (o que corresponde a 35 % da geração F₁).

Existe uma relação direta entre o teor de sólidos solúveis e a doçura, ou seja, quanto maior o teor de sólidos solúveis, maior será a relação SST/ATT (doçura). Neste sentido, a pesquisa deve buscar selecionar genótipos elites com elevado teor de sólidos solúveis no pedúnculo visando aumentar esta relação com o intuito de atender à demanda atual da cajucultura, com enfoque no aproveitamento do pedúnculo para o consumo *in natura* e atender as necessidades da indústria de processamento. Segundo Soares (1986), de uma forma geral os teores de sólidos solúveis totais do pedúnculo produzido nos atuais plantios comerciais e que chegam a indústria são em média 10,7 °Brix, demonstrando assim a superioridade de quase todos os genótipos aqui avaliados.

A qualidade de pedúnculos de caju, como matéria-prima para processamento de polpa, está regulamentada pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), através da Instrução Normativa N° 01, de 07 de janeiro de 2000, que fixa os padrões de identidade e qualidade para polpa de fruta (BRASIL, 2000). Esta norma estabelece para polpa do caju um mínimo de 10 °Brix. Como podemos observar na Tabela 9, todos os genótipos aqui estudados estão dentro dos padrões exigidos pelo MAPA para o teor de sólidos solúveis totais na polpa de caju.

4.1.2.3. Acidez Total Titulável

O genitor masculino (CP 96), com média de 0,23 % de acidez, não diferiu da testemunha (CCP 76) com média de 0,22 %. No entanto, ambos foram superiores ao genitor feminino (CCP 1001), que apresentou média de 0,45 % (Tabela 9). Com relação a geração F₁, foi observado uma média de 0,36 %, valor este maior que a média dos genitores (0,34 %). Os híbridos apresentaram uma elevada variação fenotípica para este caráter, situando-se entre

0,15 % ($F_1 - 39$) e 0,69 % ($F_1 - 14$). Os híbridos $F_1 - 39$, $F_1 - 3$, $F_1 - 40$, $F_1 - 34$, $F_1 - 44$ e $F_1 - 2$, apresentaram as menores médias de acidez e diferiram da testemunha.

Um fator relevante que deve ser abordado é a existência de uma relação inversa entre acidez e doçura, ou seja, quanto menor a acidez maior será a relação SST/ATT (doçura). Neste sentido, a pesquisa deve buscar reduzir a acidez do pedúnculo (até o nível que não cause rejeição pelo consumidor) e com isso aumentar a doçura do caju visando atender à demanda atual da cajucultura, principalmente para o mercado de consumo *in natura*. Segundo Figueiredo *et al.* (2002), a qualidade comestível ideal do caju ocorre quando o pedúnculo está completamente maduro (estágio 7), pois o mesmo apresenta baixo teor de acidez e coincide com a alta relação SST/ATT.

Os resultados médios (0,36 %) encontrados para esta característica foram semelhantes aos obtidos por Moura (1998), que avaliando a qualidade dos pedúnculos de nove clones de cajueiro anão precoce irrigados, observou uma média de 0,33 %. A acidez da testemunha avaliada neste experimento foi inferior à média do CCP 76 (0,28 %) observada por Moura (1998). No entanto, segundo Maia *et al.* (1971), a acidez total titulável em pedúnculos de caju varia entre um máximo no início do desenvolvimento para um mínimo quando os pedúnculos estão completamente maduros. Alves *et al.* (1999), avaliando o desenvolvimento e maturação do pedúnculo do clone de cajueiro anão precoce CCP 76, verificaram uma acidez de 0,21 % em ácido málico para pedúnculos maduros. Valor este semelhante ao observado neste experimento para os pedúnculos do clone CCP 76 que foi de 0,22%.

4.1.2.4. Relação Sólidos Solúveis / Acidez (SST/ATT)

A relação SST/ATT ou balanço açúcares/ácidos indica o grau de doçura de um determinado material, sendo um dos índices mais utilizados para avaliar a maturação de frutos e, conseqüentemente, o sabor dos mesmos. Neste estudo foi observada uma relação SST/ATT de 48,85 no genitor masculino (CP 96), sendo superior ao genitor feminino (CCP 1001) com média de 29,79. Ambos os genitores foram inferiores à testemunha (CCP 76) que teve média de 59,53 para este caráter (Tabela 9). A média de doçura dos pedúnculos de caju da geração F_1 foi de 39,01, sendo ligeiramente inferior à média dos genitores (39,32). Os híbridos apresentaram uma elevada variação fenotípica para este caráter, situando-se entre 15,78 ($F_1 - 14$) e 80,27 ($F_1 - 39$).

A elevada relação SST/ATT observada no híbrido $F_1 - 39$ pode ser atribuída a menor média de acidez (0,15 %) observada neste estudo, enquanto a baixa relação SST/ATT

observada no híbrido $F_1 - 14$ pode ser atribuída a maior média de acidez (0,69 %) e um dos menores teores de sólidos solúveis (10,87 °Brix). Segundo Chitarra e Chitarra (2005), a relação SST/ATT é mais representativa que a medição isolada de açúcares ou da acidez, pois essa relação dá uma boa idéia do equilíbrio entre esses dois componentes. Deve-se ressaltar que alguns produtos insípidos, contendo ATT e SST muito baixos, apresentam relação elevada entre esses componentes, o que pode conduzir a interpretações errôneas sobre a qualidade comestível. A relação aumenta com o amadurecimento devido ao decréscimo na ATT, fato que permite uma relação elevada em frutas contendo baixo teor de SST. Por este motivo, o híbrido $F_1 - 39$ deve ser melhor avaliado por meio de análise sensorial quanto ao sabor de seu pedúnculo. A relação SST/ATT elevada é desejável tanto para o mercado de mesa (*in natura*) quanto para indústria de processamento. Neste sentido, os híbridos $F_1 - 44$, $F_1 - 43$, $F_1 - 3$, $F_1 - 40$, $F_1 - 41$, $F_1 - 2$, $F_1 - 34$, $F_1 - 50$, $F_1 - 64$ e $F_1 - 49$ foram considerados os mais adequados ao consumo *in natura* e processamento por apresentarem uma relação SST/ATT semelhante à testemunha (CCP 76).

4.1.2.5. Vitamina C

Com relação ao teor de Vitamina C, o genitor feminino (CCP 1001) apresentou média de 234,00 mg/100 g, valor superior ao da testemunha (CCP 76) com média de 216,98 mg/100 g. O genitor masculino (CP 96) foi o que apresentou a menor média (117,87 mg/100g) entre todos os genótipos estudados neste experimento (Tabela 9). A geração F_1 apresentou uma elevada média (245,79 mg/100 g) de vitamina C, sendo bem superior à média dos genitores que foi de 175,92 mg/100 g (heterose positiva). O vigor híbrido observado é um indicativo de divergência gênica entre os locos que controlam esta característica nos genitores, como já foi mencionado anteriormente. Os híbridos apresentaram uma elevada variação fenotípica para este caráter, situando-se entre 139,69 mg/100 g ($F_1 - 54$) e 365,17 mg/100 g ($F_1 - 57$). Dos 66 genótipos F_1 's estudados, 43 foram superiores à testemunha (o que corresponde a 65 % da geração F_1). Os genótipos $F_1 - 57$, $F_1 - 22$, $F_1 - 62$, $F_1 - 20$, $F_1 - 28$, $F_1 - 21$, $F_1 - 56$, $F_1 - 26$ e $F_1 - 60$ se destacaram por terem apresentado valores médios de vitamina C acima de 300 mg/100 g. Este valor é superior ao valor máximo (251,86 mg/100 g) observado por Moura (1998), ao avaliar o teor de vitamina C em pedúnculos de nove clones de cajueiro anão precoce sob cultivo irrigado. Todas as plantas da geração F_1 avaliadas atendem aos padrões do MAPA (BRASIL, 2000), que estabelece o mínimo de 80 mg/100g de vitamina C para o processamento de polpa de caju.

O estudo da natureza e magnitude das relações existentes entre caracteres é importante no melhoramento em geral, pois estamos preocupados em aprimorar o material genético não para caracteres isolados, mas para um conjunto destes, simultaneamente. Além disso, é sempre importante saber como o melhoramento de uma característica pode causar alterações em outras, sendo o grau de associação entre caracteres medido quantitativamente pelo coeficiente de correlação (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Foi observado um fator complicador no cruzamento entre o clone de cajueiro anão precoce CCP 1001 e o genótipo gigante CP 96 com relação à qualidade do pedúnculo de caju. Os caracteres teor de vitamina C e o teor de fenólicos oligoméricos apresentaram correlação positiva e alta ($r = 0,71^{**}$), sendo um indicativo da possibilidade dos genes (QTLs) que controlam estas características estarem ligados. Este fato dificulta o processo de melhoramento visando à qualidade do pedúnculo, pois os genótipos que apresentaram os maiores teores de vitamina C, também apresentaram um elevado teor de fenólicos oligoméricos o que é um indicativo de elevada sensação de adstringência ao consumir os pedúnculos de caju destas plantas. Um exemplo claro desta correlação pode ser observado no genitor masculino (CP 96) que apresentou a menor média de fenólicos oligoméricos (desejado), mas também apresentou o menor teor de vitamina C no pedúnculo de caju de todos os genótipos estudados (indesejado).

Vale ressaltar que o cruzamento entre o clone de cajueiro anão precoce CCP 1001 e a matriz de cajueiro comum CP 96 foi originalmente concebido em função de apresentarem os maiores contrastes para os caracteres altura de planta, peso de castanha e resistência às doenças antracnose e mofo preto, com o intuito de maximizar a variabilidade genética na geração F_1 . Além desses caracteres, os genitores também apresentam contrastes para as características do pedúnculo, como observado nos resultados aqui apresentados. Para fins de melhoramento, novos cruzamentos podem ser feitos procurando explorar a variabilidade existente entre os genitores com os melhores indivíduos da população segregante. Para isto, os genótipos F_1 -50, F_1 -9, F_1 -24, F_1 -42, F_1 -63, F_1 -64 e F_1 -66 se destacam por reunir as melhores características para a comercialização *in natura*. No entanto, faz-se necessário a realização de outros estudos, incluindo análise sensorial dos pedúnculos com o uso de provadores treinados para a característica adstringência.

4.2. Identificação e Mapeamento de QTLs

4.2.1. Características Físicas

4.2.1.1. Análise dos Dados

Todos os caracteres físicos estudados apresentaram um padrão contínuo de distribuição na população F_1 mapeada (Tabela 10 e Figuras 4 e 5). Segundo Tanksley (1993), a grande maioria das características herdáveis de importância econômica são poligênicas, quantitativas ou complexas. Os fenótipos resultantes apresentam uma variação contínua na população em vez de classes discretas. Esse tipo de herança é determinado pela segregação de vários locos, cada um com um pequeno efeito no fenótipo. Neste sentido, o padrão contínuo de distribuição observado nas características físicas sugere que estes caracteres estão sob ação de muitos genes (QTLs).

Não foi observado desvio significativo da normalidade para luminosidade (L), intensidade de vermelho (a), intensidade de amarelo (b), diâmetro apical (DA), diâmetro basal (DB), comprimento do pedúnculo (CP), e peso da castanha (PC) ($p > 0,05$, teste Shapiro-Wilk) embora peso do pedúnculo (PP) tenham apresentado diferenças significativas. Para os caracteres DA, CP, PC e PP, as frequências de indivíduos acima da média da população mapeada foram um pouco maior em relação à frequência de indivíduos abaixo da média. O caráter intensidade de amarelo apresentou a mesma frequência de indivíduos acima e abaixo da média da população mapeada. Por outro lado, nos caracteres L, a e DB as frequências de indivíduos abaixo da média da população foram um pouco maior em relação à frequência de indivíduos acima da média. Com relação à medida de curtose, que mede o grau de achatamento da distribuição de dados, foi observado um valor mínimo de -0,87 para o caráter intensidade de vermelho (a), indicando que dentre os caracteres físicos estudados este foi o que apresentou a maior variabilidade, e um valor máximo de 2,91 para o caráter peso do pedúnculo, indicando que a distribuição de frequências está mais concentrada em torno da média (alta homogeneidade), ou seja, este caráter apresentou a menor variabilidade, como podemos observar nas Figuras 4 e 5.

Tabela 10 – Análise dos dados das características luminosidade (L), intensidade de vermelho (a), intensidade de amarelo (b), diâmetro apical (DA), diâmetro basal (DB), comprimento do pedúnculo (CP), peso da castanha (PC) e peso do pedúnculo (PP).

PARÂMETROS	Caracteres							
	L	a	b	DA (mm)	DB (mm)	CP (mm)	PC (g)	PP (g)
População F ₁ (média ± erro padrão)	63,64 ± 1,08	17,78 ± 1,48	37,86 ± 1,41	30,58 ± 0,88	43,96 ± 0,92	62,45 ± 1,70	7,22 ± 0,22	64,27 ± 4,08
% indivíduos < média	43,94	46,97	50,00	54,55	43,94	56,06	54,55	54,55
% indivíduos > média	56,06	53,03	50,00	45,45	56,06	43,94	45,45	45,45
Assimetria	-0,4216	0,0305	-0,0113	0,4549	0,1493	0,6195	0,5888	1,3172
Curtose	-0,0557	-0,8739	-0,3340	1,1620	0,1831	0,3477	0,2796	2,9128
Teste de normalidade (Shapiro-Wilk)	0,9797 ^{ns}	0,9816 ^{ns}	0,9974 ^{ns}	0,9862 ^{ns}	0,9964 ^{ns}	0,9758 ^{ns}	0,9768 ^{ns}	0,9195*

^{ns} Não significativo e * Significativo a 5 % de probabilidade pelo teste Shapiro-Wilk.

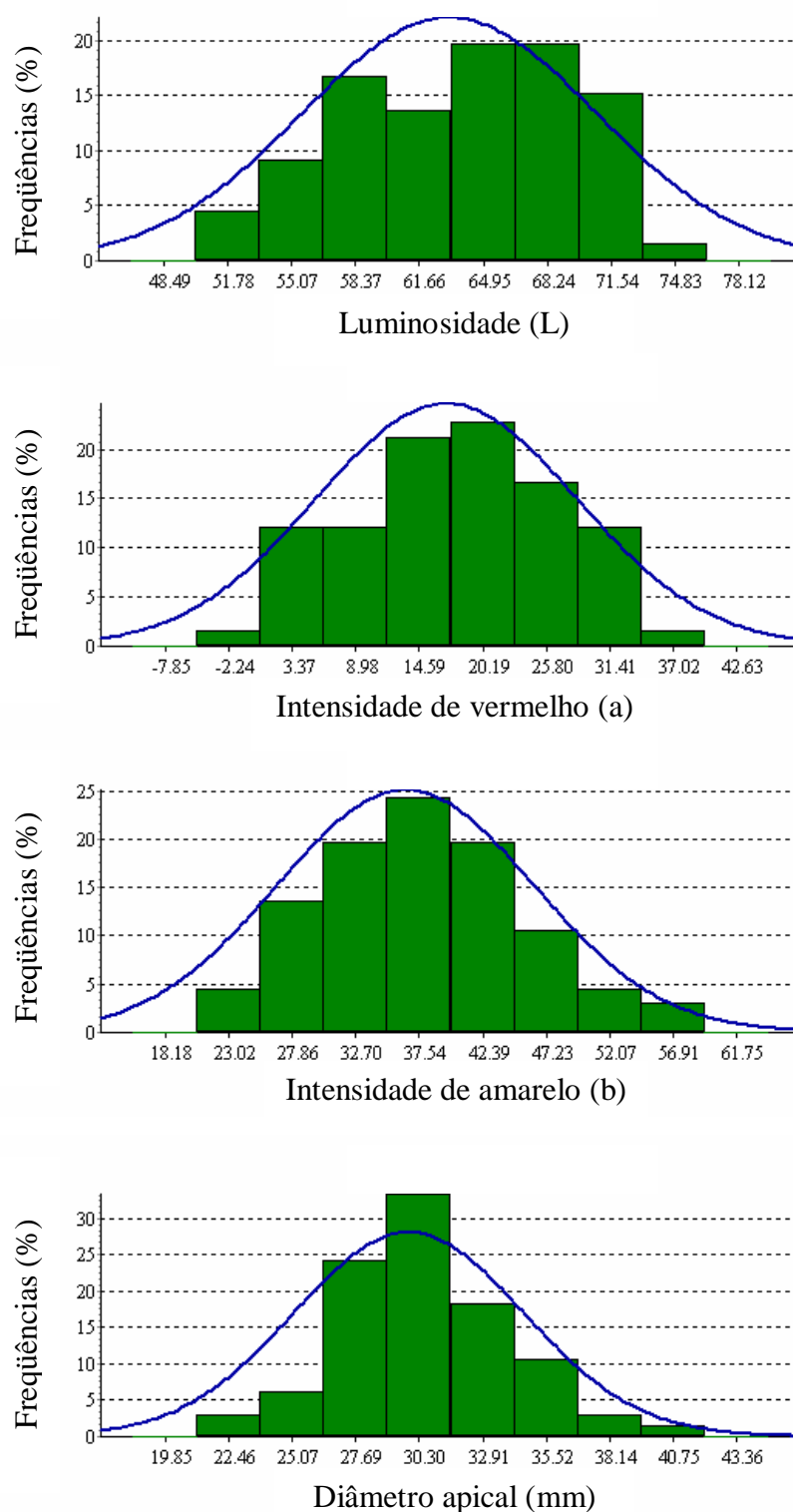


Figura 4 - Distribuição de médias para as variáveis luminosidade, intensidade de vermelho, intensidade de amarelo e diâmetro apical do pedúnculo de caju, referente a 66 genótipos da geração F_1 entre CCP 1001 e CP 96.

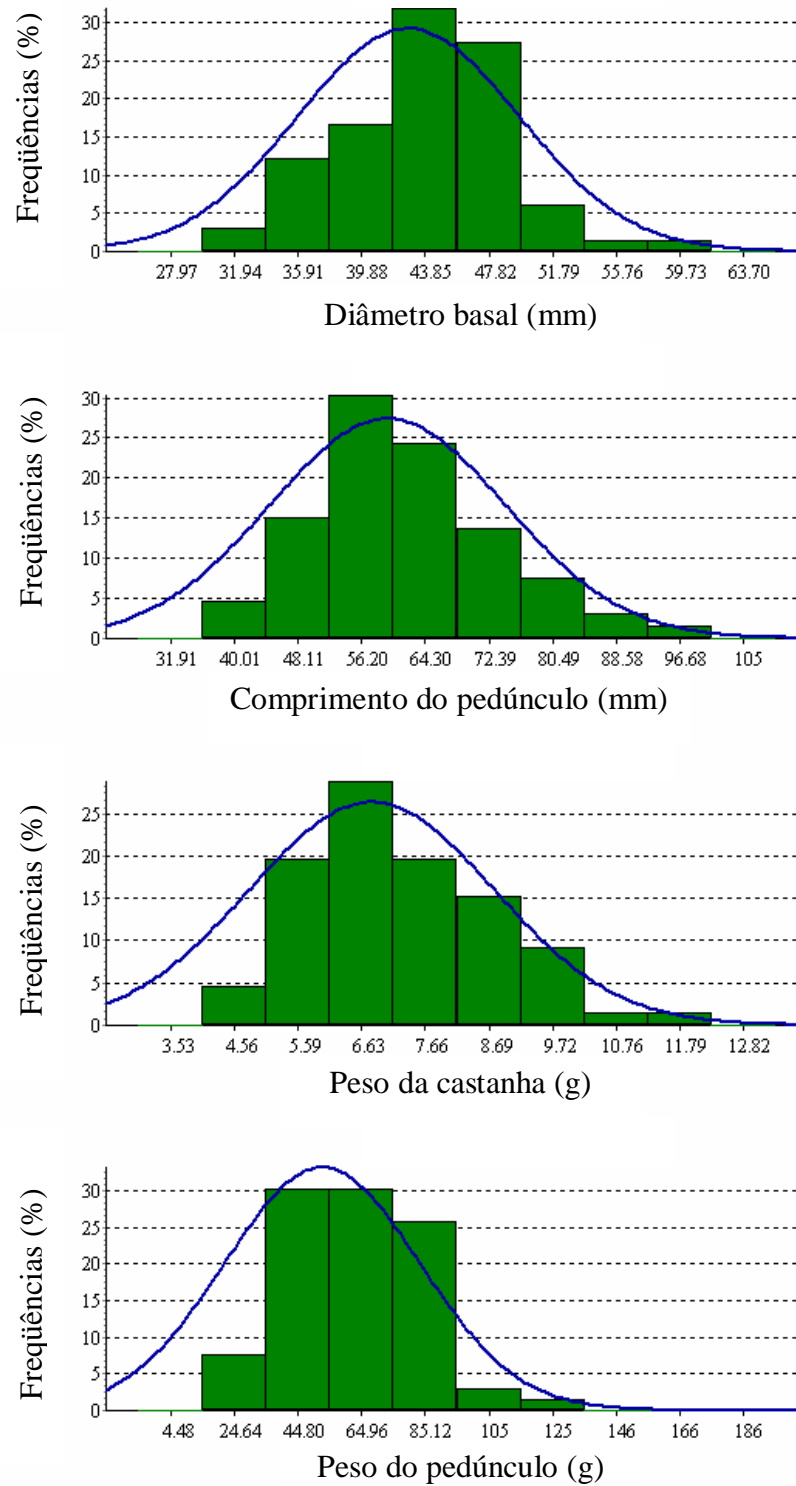


Figura 5 - Distribuição de médias para as variáveis diâmetro basal, comprimento do pedúnculo, peso da castanha e peso do pedúnculo, referente a 66 genótipos da geração F_1 entre CCP 1001 e CP 96.

4.2.1.2. Análise de QTL para Coloração da Película do Pedúnculo

O critério do LOD score mínimo igual a 3,0 permitiu identificar dois QTLs candidatos para luminosidade (*lu-1f* e *lu-3m*). No entanto, o loco 26CB045 apresentou forte associação pelo método não paramétrico ($p < 0,001$), tendo um LOD máximo de 2,94 na análise MQM, valor este muito próximo ao LOD crítico adotado neste estudo. Por estas razões, o marcador 26CB045 foi considerado associado a um QTL candidato, denominado *lu-2f* (Tabela 11 e Figura 6). Segundo Kenis *et al.* (2008), a utilidade do QTL não depende somente de sua significância (LOD score), mas também da percentagem de explicação da variação fenotípica observada na população. Neste sentido, dentre os três QTLs candidatos identificados para o caráter luminosidade, o QTL *lu-2f* foi o segundo maior em relação a explicação da variação fenotípica ($R^2 = 16,20\%$). Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenótipos variando entre -7,84 e 10,13 %, ou seja, para o caráter luminosidade a população formada pelos genótipos que possuem o marcador associado ao QTL apresentou média inferior ou superior em relação a média da população composta pelos genótipos que não o possuem. Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 3,15 e 21,33 % da variação fenotípica total (R^2). Segundo Anderson *et al.* (2007), a proporção da variação do caráter explicada por um QTL individual é provavelmente a barreira mais importante para a implantação da seleção assistida por marcadores (SAM). A maioria dos estudos de QTL revela efeitos moderados (R^2 de 10 a 20%) em um ou poucos locos e vários outros locos explicando menos que 10 % da variação.

Tabela 11 - Descrição dos QTLs candidatos para a característica luminosidade na película do pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>lu-1f</i>	F10	21,51	4,19	21,33	Aocc23	0,00	10,13	15,42 ****
<i>lu-2f</i>	F12	0,00	2,94	16,20	26CB045	0,00	-7,84	10,40 ****
<i>lu-3m</i>	M11	2,06	3,69	3,15	25CY020	0,00	4,00	1,82 ^{ns}

Em negrito QTL com LOD score $\geq 3,0$ e significativo ($p < 0,005$) pelo teste não paramétrico (teste Kruskal-Wallis).

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Percentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde os níveis de significância são: ^{ns} = não significativo e **** = 0,001.

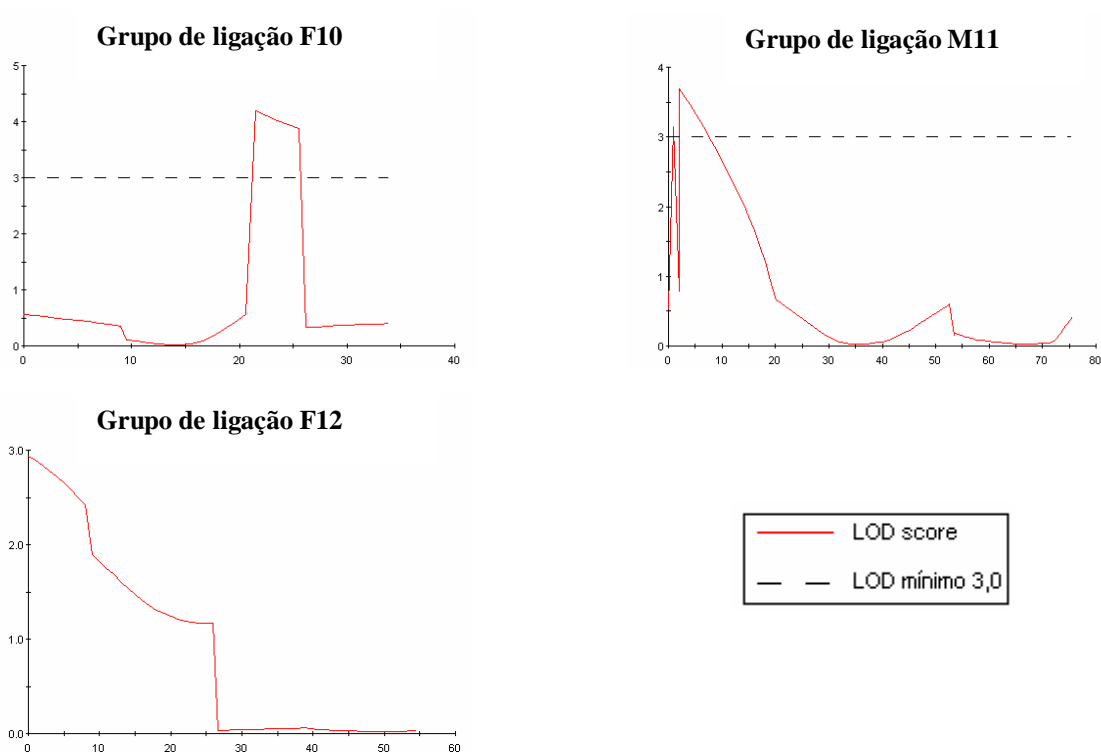


Figura 6 – Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter luminosidade na película do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

Os marcadores Aocc23 e 26CB045 associados aos QTLs *lu-1f* e *lu-2f* são os que têm maior potencial para a seleção assistida por marcadores para o caráter luminosidade devido apresentarem as maiores explicações da variação fenotípica ($R^2 > 16\%$) e os maiores efeitos fenotípicos ($> 7\%$). O marcador Aocc23 próximo ao QTL candidato *lu-1f* explicou 21,33 % da variância fenotípica total, podendo ser considerado um QTL “maior”. Comparando a média da população composta pelos indivíduos que possuem o marcador (68,24) com a média da população formada pelos indivíduos sem o marcador (61,96) foi observada uma diferença de 6,28, ou seja, a presença do marcador Aocc23 associado ao QTL *lu-1f* conferiu um acréscimo no caráter luminosidade que equivale a 10,13 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Deve-se ressaltar que este marcador também apresentou elevada significância ($p < 0,001$) pelo método não paramétrico, para associação com o caráter luminosidade. Quando a presença do marcador foi avaliada individualmente na população, somente um indivíduo dentre os vinte genótipos com luminosidade inferior a 60,01 possui o marcador (Figura 7).

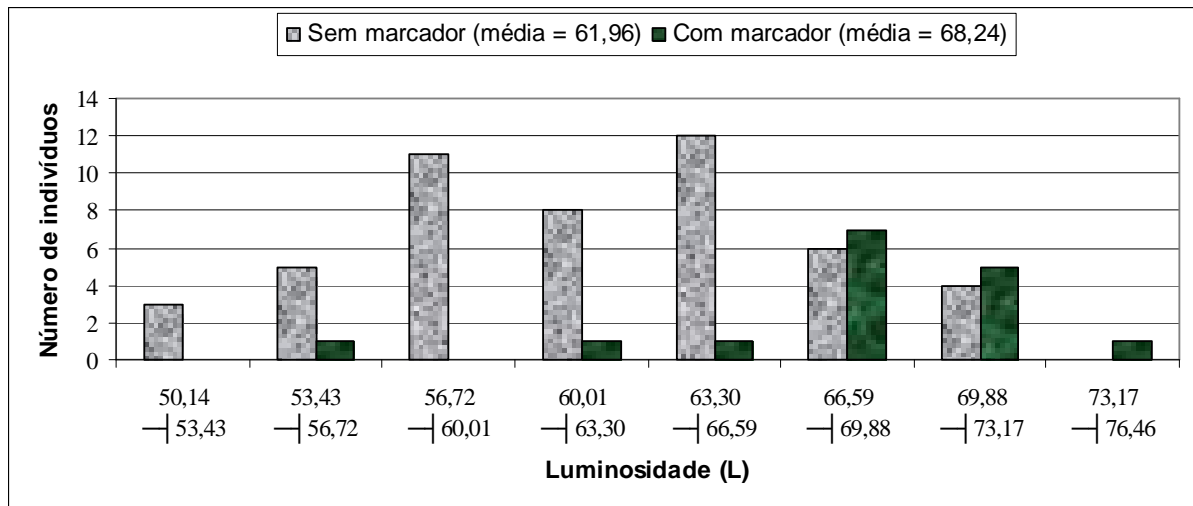


Figura 7 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador Aocc23 na população mapeada para o caráter luminosidade na película do pedúnculo de caju.

Com relação ao caráter intensidade de vermelho, foram detectados apenas dois QTLs candidatos, sendo que um está localizado no mapa do genitor feminino (*iv-1f*) e o outro no mapa do genitor masculino (*iv-2m*). Os QTLs candidatos *iv-1f* e *iv-2m*, identificados pelo método MQM, estão associados aos marcadores Aocc23 e 26CB045, respectivamente (Tabela 12 e Figura 8). Deve-se destacar que estes dois marcadores foram detectados no nível de significância 0,005 pelo método não paramétrico, indicando que estes locos estão associados à característica intensidade de vermelho. Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenótipos variando entre -42,51% (*iv-1f*) e 34,54% (*iv-2m*), ou seja, a presença dos marcadores associados aos QTLs conferiram um decréscimo ou acréscimo na intensidade de vermelho em relação a média dos genótipos que não o possuem. Segundo Broman (2001), efeito fenotípico diferente de zero entre os grupos de indivíduos marcados indica ligação entre marcador e QTL. Os marcadores próximos aos QTLs *iv-1f* e *iv-2m* explicaram 17,10 e 11,15% da variação fenotípica total, respectivamente, sendo considerados QTLs de efeitos moderados. Estes QTLs têm potencial para a seleção assistida por marcadores devido apresentarem explicações da variação fenotípica (R^2) superior a 11% e elevado efeito fenotípico (> 34%).

Tabela 12 - Descrição de QTLs candidatos para o caráter intensidade de vermelho na película do pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>iv-1f</i>	F10	21,51	3,19	17,10	Aocc23	0,00	-42,51	12,49 ***
<i>iv-2m</i>	M12	0,00	4,13	11,15	26CB045	0,00	34,54	7,42 ***

Em negrito QTL com LOD score $\geq 3,0$ e significativo ($p < 0,005$) pelo teste não paramétrico (teste Kruskal-Wallis).

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde o nível de significância *** = 0,005.

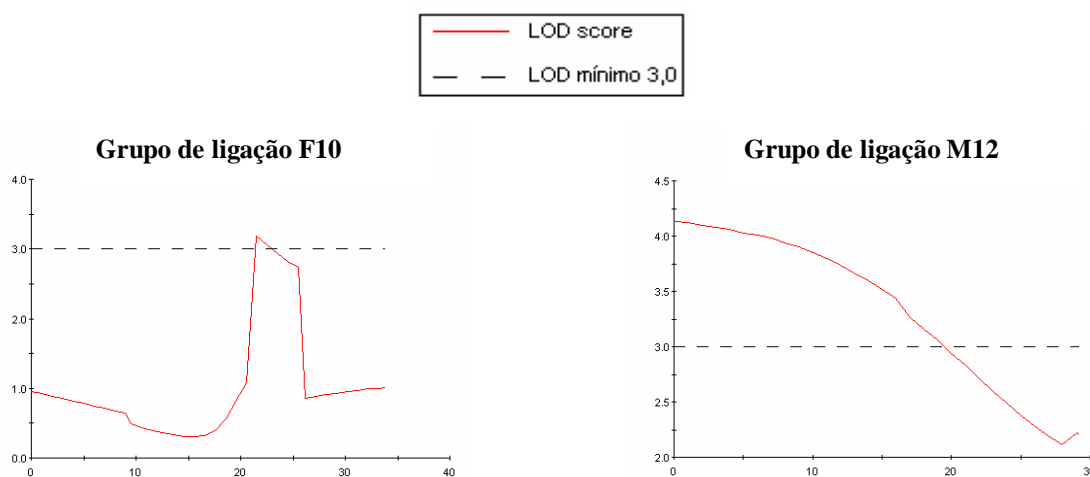


Figura 8 – Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter intensidade de vermelho na película do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

Para o caráter intensidade de vermelho, a população formada pelos genótipos que possuem o marcador Aocc23 associado ao QTL *iv-1f* apresentou média de 11,56, enquanto a média da população composta pelos genótipos que não o possuem foi de 20,11, uma diferença de -8,55, ou seja, a presença do marcador Aocc23 associado ao QTL *iv-1f* conferiu um decréscimo no caráter intensidade de vermelho que equivale a -42,51 % (efeito fenotípico) em relação à média dos genótipos que não o possuem. Vale ressaltar que, quando a presença do marcador Aocc23 foi avaliada individualmente na população, somente um dos indivíduos dentre os vinte genótipos com média de intensidade de vermelho superior a 23,00 possui o marcador (Figura 9).

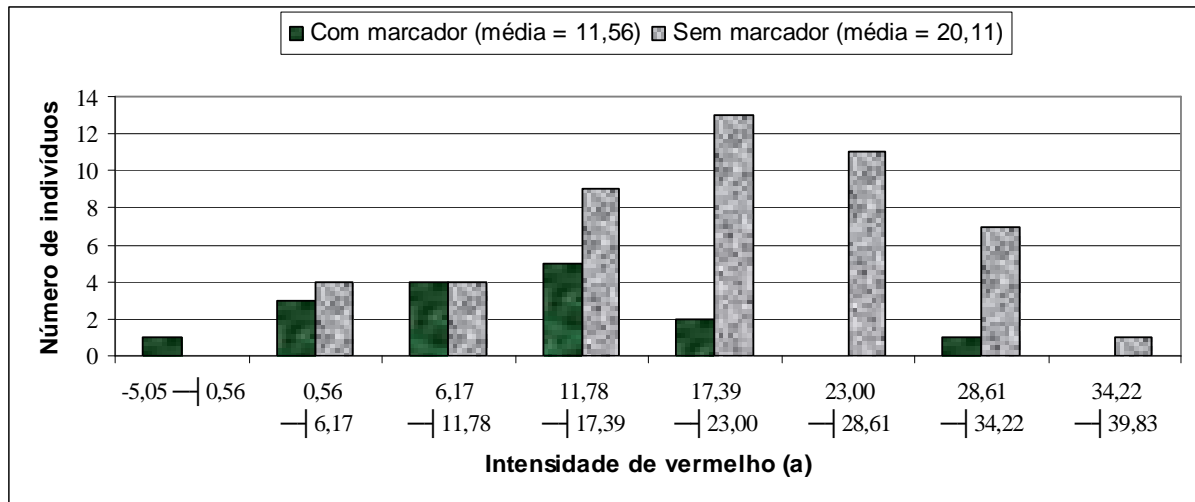


Figura 9 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador Aocc23 na população mapeada para intensidade de vermelho na película do pedúnculo de caju.

Com relação à característica intensidade de amarelo, foram detectados três QTLs candidatos pelo método de mapeamento MQM, sendo um no mapa do genitor feminino (*ia-1f*) e dois no mapa do genitor masculino (*ia-2m* e *ia-3m*) (Tabela 13 e Figura 10). Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 3,85 e 13,48 % da variação fenotípica total, sendo considerados QTLs de efeito menor e moderado. Os marcadores associados a estes QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -7,67 e 17,82 %. Vale ressaltar que efeito fenotípico diferente de zero entre os grupos de indivíduos marcados indica ligação entre marcador e QTL. Dentre os QTLs identificados para o caráter intensidade de amarelo, o QTL *ia-1f* tem o maior potencial para a seleção assistida por marcadores devido apresentar a maior explicação da variação fenotípica ($R^2 > 13\%$) e o maior efeito fenotípico ($> 17\%$), sendo considerado um QTL de efeito moderado.

Tabela 13 - Descrição dos QTLs candidatos para a característica intensidade de amarelo na película do pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>ia-1f</i>	F10	25,51	3,08	13,48	Aocc23	4,00	17,82	10,97 **
<i>ia-2m</i>	M4	29,91	4,78	7,69	20Bg011	0,00	11,86	3,68 *
<i>ia-3m</i>	M6	0,00	4,42	3,85	01Bg016	0,00	-7,67	2,68 ^{ns}

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde os níveis de significância são: ^{ns} = não significativo, * = 0,05 e ** = 0,01.

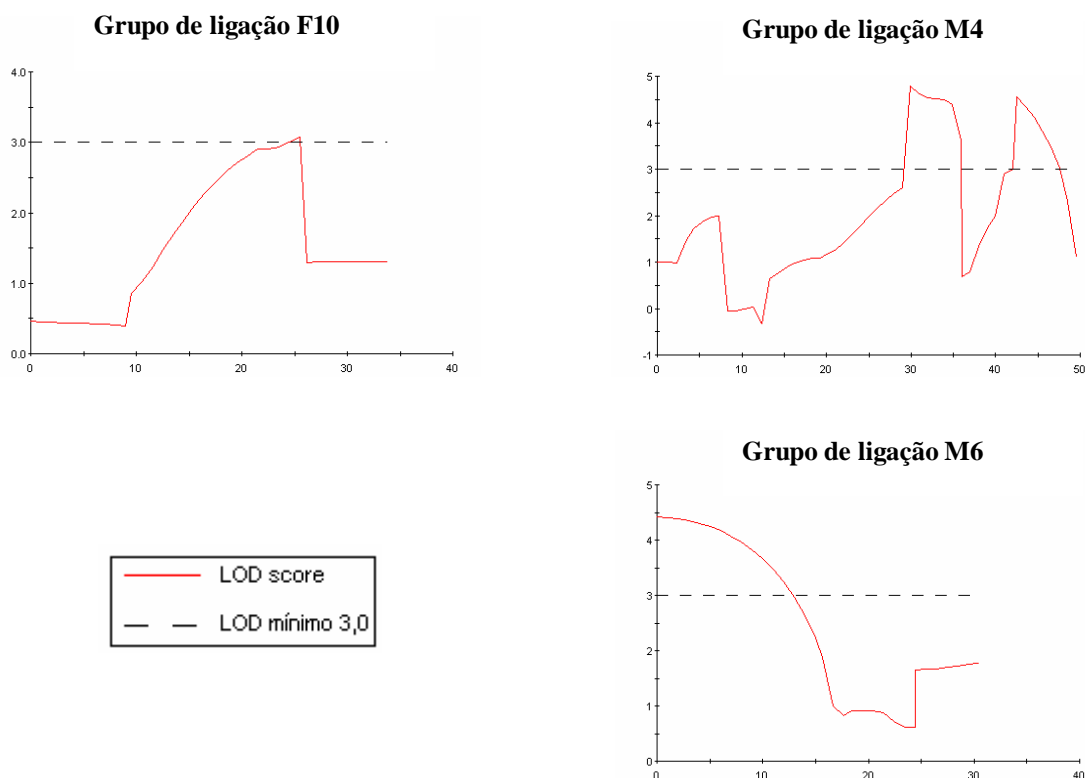


Figura 10 – Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter intensidade de amarelo na película do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

Para o caráter intensidade de amarelo a população formada pelos genótipos que possuem o marcador Aocc23 associado ao QTL *ia-1f* apresentou média de 42,52, enquanto a média da população composta pelos genótipos que não o possuem foi de 36,09, uma diferença de 6,43, ou seja, a presença do marcador Aocc23 associado ao QTL *ia-1f* conferiu um acréscimo no caráter intensidade de amarelo que equivale a 17,82 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Quando a presença do marcador Aocc23 foi avaliada individualmente na população, somente dois indivíduos dentre os 25 genótipos com média de intensidade de amarelo inferior a 35,12 possuem o marcador (Figura 11).

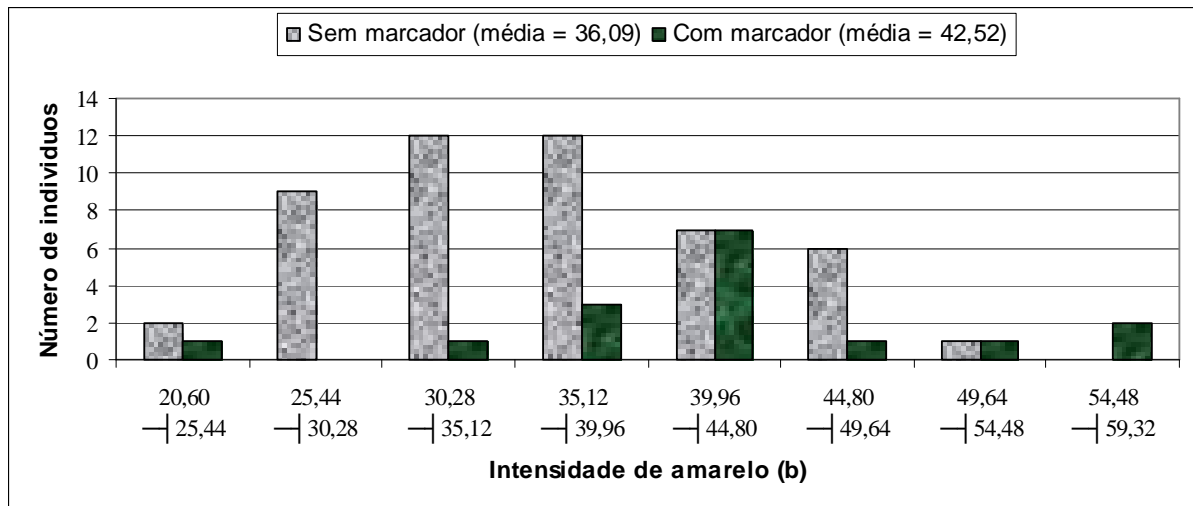


Figura 11 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador Aocc23 na população mapeada para intensidade de amarelo na película do pedúnculo de caju.

Considerando os três caracteres relacionados à coloração (luminosidade, intensidade de vermelho e amarelo), podemos observar que existe um forte indício de que há presença de genes responsáveis pela produção de pigmentos na película do pedúnculo de caju no grupo de ligação 10, próximo a região 21,51 cM, pois os QTLs com maior explicação da variação fenotípica, detectados neste experimento, para os caracteres luminosidade, intensidade de vermelho e intensidade de amarelo estão todos associados ao marcador Aocc23, ou seja, na mesma região cromossômica. Além deste, muito provavelmente, o loco 26CB045 está associado a outro gene que controla a produção de pigmentos, embora este não tenha sido significativo pela análise de mapeamento MQM para o caráter intensidade de amarelo. Deve-se destacar que o marcador 26CB045 foi um dos poucos que apresentou significância ($p < 0,01$) pelo teste não paramétrico para o caráter intensidade de amarelo, indicando que existe associação entre o loco e o caráter. Vale ressaltar que foram observadas correlações entre os três caracteres relacionados à coloração, sendo que a luminosidade apresentou correlação positiva com o caráter intensidade de amarelo ($r = 0,85^{**}$) e correlações negativas entre luminosidade e intensidade de vermelho ($r = -0,82^{**}$) e entre a intensidade de vermelho e intensidade de amarelo ($r = -0,80^{**}$). Segundo Causse *et al.* (2002), QTLs para características correlacionadas frequentemente tem posição similar no mapa. Estes resultados reforçam a hipótese de que estes caracteres são controlados pelos mesmos genes.

4.2.1.3. Análise de QTL para o Tamanho do Pedúnculo de Caju

Para a característica diâmetro apical foram identificados três QTLs candidatos no mapa do genitor feminino CCP 1001, denominados *da-1f*, *da-2f* e *da-3f*, sendo que a explicação da variação fenotípica total foi de 8,50, 7,63 e 4,84 %, respectivamente. Com relação ao mapa do genitor masculino CP 96, nenhum QTL candidato foi detectado pela análise de mapeamento MQM para este caráter (Tabela 14 e Figura 12). O diâmetro apical foi a variável onde os QTL candidatos identificados apresentaram a menor explicação da variação fenotípica total dentre todos as características analisadas neste estudo, sendo os três QTLs identificados para este caráter de efeito menor. Os marcadores associados aos QTLs candidatos apresentaram efeitos fenotípicos variando entre 5,60 e 7,44 %, ou seja, a presença dos marcadores associados a esses QTLs conferiram um acréscimo no diâmetro apical em relação a média dos genótipos que não o possuem.

Tabela 14 - Descrição dos QTLs candidatos para a característica diâmetro apical do pedúnculo de caju detectados no mapa do genitor feminino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>da-1f</i>	F5	24,90	3,48	8,50	10Ab195	3,00	7,44	6,21 **
<i>da-2f</i>	F9	33,33	4,50	7,63	01Ab084	7,00	6,89	4,76 **
<i>da-3f</i>	F4	32,03	3,65	4,84	22Ab121	0,00	5,60	4,32 **

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Percentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde o nível de significância ** = 0,01.

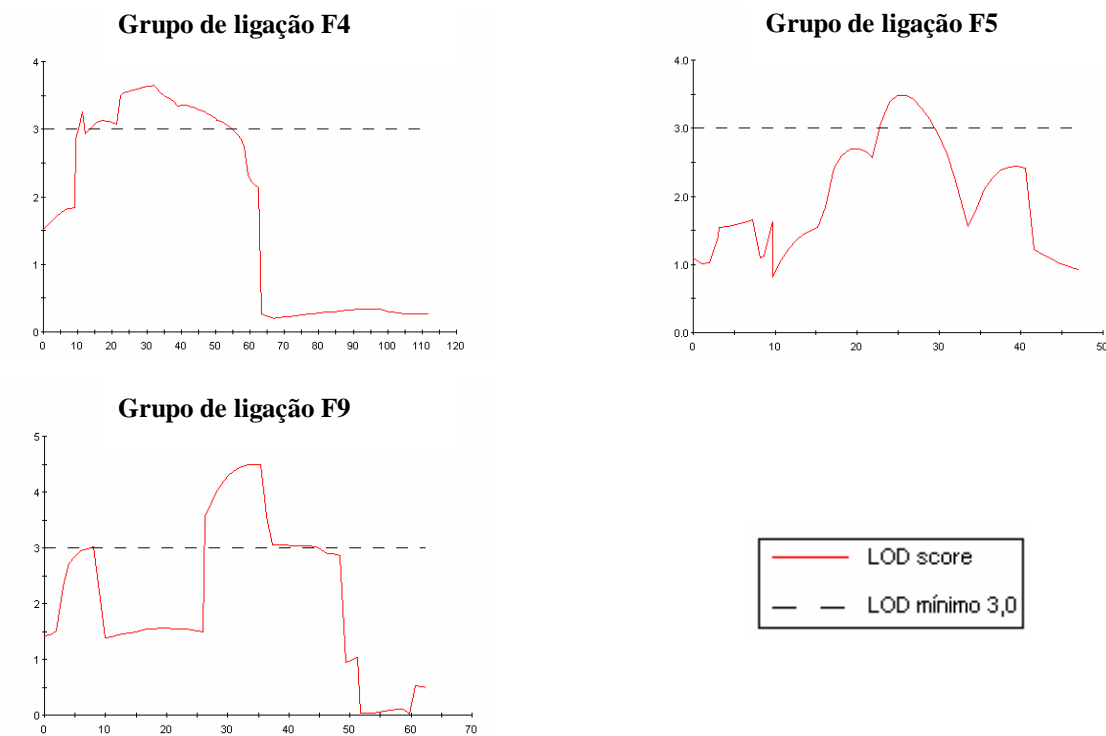


Figura 12 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter diâmetro apical do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

Para o caráter diâmetro apical, a população formada pelos genótipos que possuem o marcador 10Ab195, associado ao QTL *da-1f* apresentou média de 31,73 mm enquanto a média da população composta pelos genótipos que não o possuem foi de 29,53 mm, uma diferença de 2,2 mm, ou seja, a presença do marcador 10Ab195 associado ao QTL *da-1f* conferiu um acréscimo no caráter diâmetro apical que equivale a 7,44 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Quando a presença do marcador 10Ab195 foi avaliada individualmente na população, sete indivíduos dentre os 22 genótipos com média de diâmetro apical superior a 31,60 mm não possuem o marcador (Figura 13).

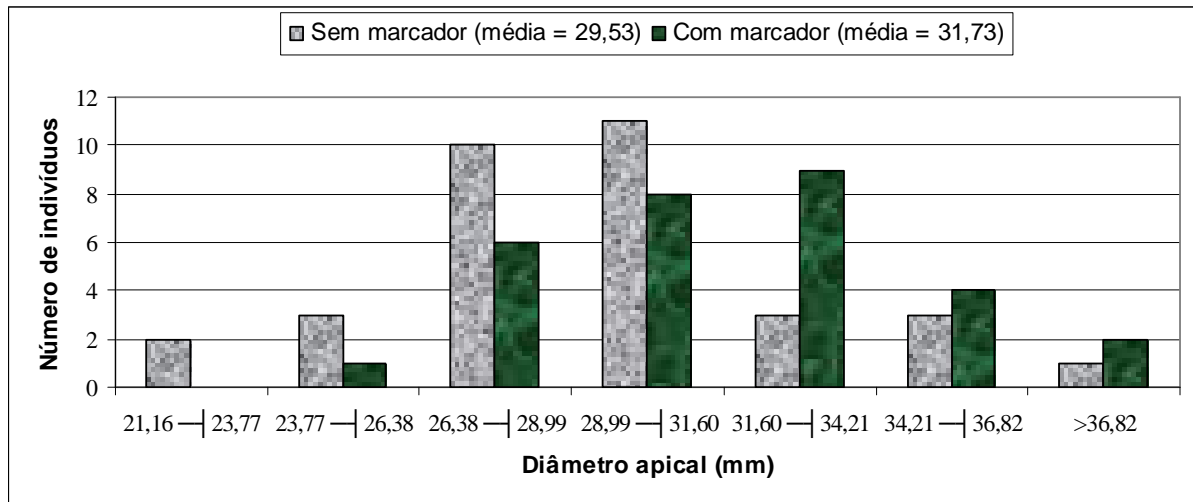


Figura 13 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 10Ab195 na população mapeada para o diâmetro apical do pedúnculo de caju.

Com relação ao caráter diâmetro basal, foram identificados pelo método MQM no grupo de ligação 4 no mapa do genitor feminino, dois QTLs candidatos denominados *db-1f* e *db-2*, sendo os QTLs com maior explicação da variação fenotípica total para este caráter (Tabela 15 e Figura 14). Além destes, foram detectados mais quatro QTLs candidatos, dos quais dois foram localizados no mapa do genitor feminino (*db-3f* e *db-4f*) e dois no mapa do genitor masculino (*db-5m* e *db-6m*). Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -7,24 e 9,84 %, ou seja, a presença desses marcadores conferiram um decréscimo ou acréscimo no diâmetro basal em relação a média dos genótipos que não o possuem. Deve-se ressaltar que o marcador 22Ab121, próximo ao QTL candidato *db-1f*, apresentou elevada significância ($p < 0,001$) para a associação entre o loco 22Ab121 e a característica diâmetro basal do pedúnculo pelo método não paramétrico, indicando que este loco está fortemente associado a característica. Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 5,69 e 13,76 % da variação fenotípica total. Dentre os QTLs identificados para o caráter diâmetro basal, o QTL *db-1f* é o que tem o maior potencial para a seleção assistida por marcadores devido apresentar a maior explicação da variação fenotípica ($R^2 > 13$ %) e o maior efeito fenotípico (> 9 %), sendo considerado um QTL de efeito moderado.

Tabela 15 - Descrição dos QTLs candidatos para diâmetro basal do pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>db-1f</i>	F4	30,29	6,40	13,76	22Ab121	1,75	9,84	9,60 ****
<i>db-2f</i>	F4	51,43	4,09	8,69	05Ag114	1,00	7,63	5,48 **
<i>db-3f</i>	F10	33,86	3,29	7,87	04CG132	0,00	8,35	4,62 **
<i>db-4f</i>	F5	19,16	3,15	6,61	10Ab195	2,00	6,61	3,56 *
<i>db-5m</i>	M4	0,00	3,03	7,99	04CG035	0,00	-7,24	7,55 ***
<i>db-6m</i>	M11	72,34	3,19	5,69	03Bb087	2,00	5,48	4,18 **

Em negrito QTL com LOD score $\geq 3,0$ e significativo ($p < 0,005$) pelo teste não paramétrico (teste Kruskal-Wallis).

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴Valores baseados na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde os níveis de significância são: * = 0,05; ** = 0,01, *** = 0,005 e **** = 0,001

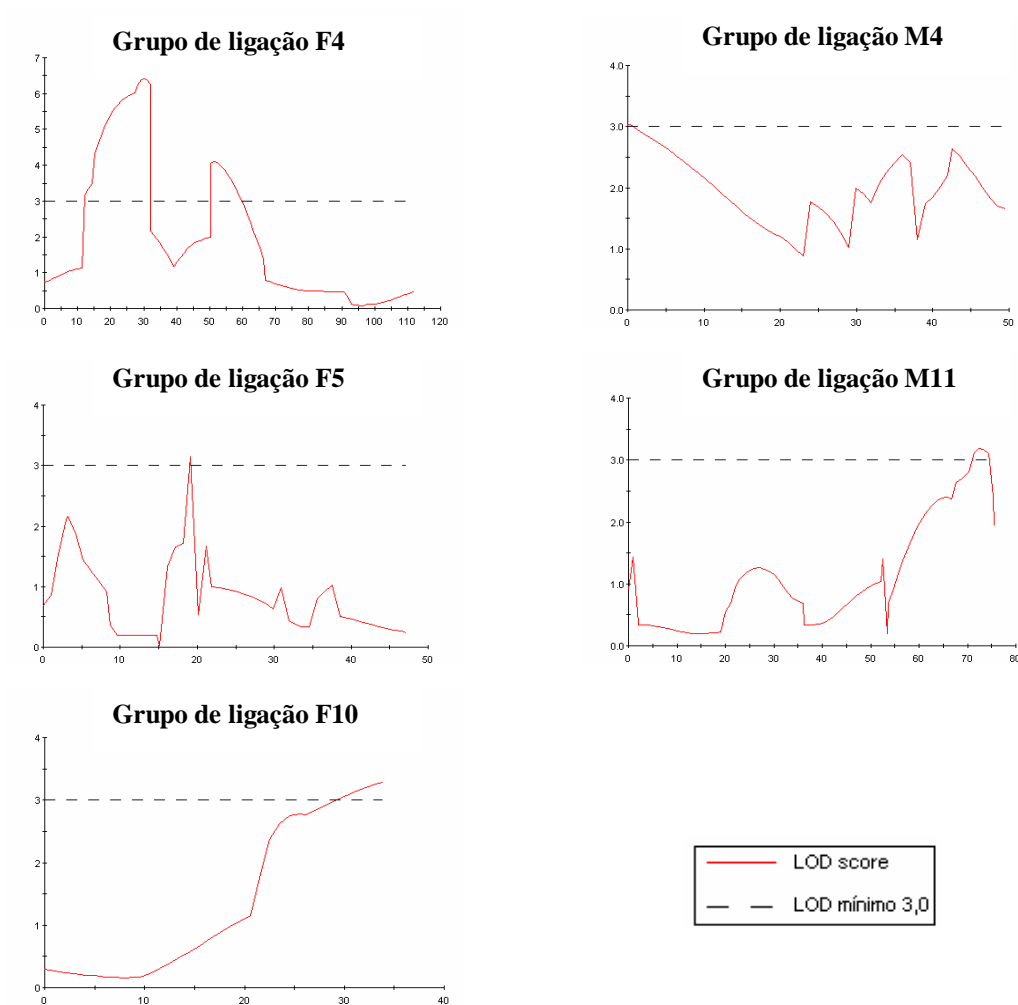


Figura 14 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter diâmetro basal do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

O marcador 22Ab121, próximo ao QTL candidato *db-1f*, explicou 13,76 % da variância fenotípica total. Comparando a média da população composta pelos indivíduos que possuem o marcador (45,79 mm), com a média da população formada pelos indivíduos sem o marcador (41,69 mm) foi observada uma diferença 4,10 mm, ou seja, a presença do marcador 22Ab121 associado ao QTL *db-1f* conferiu um acréscimo no caráter diâmetro basal que equivale a 9,84 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Quando a presença do marcador 22Ab121 foi avaliada individualmente na população, apenas seis indivíduos dentre os 21 genótipos com média de diâmetro basal superior a 45,84 mm não possuem o marcador (Figura 15).

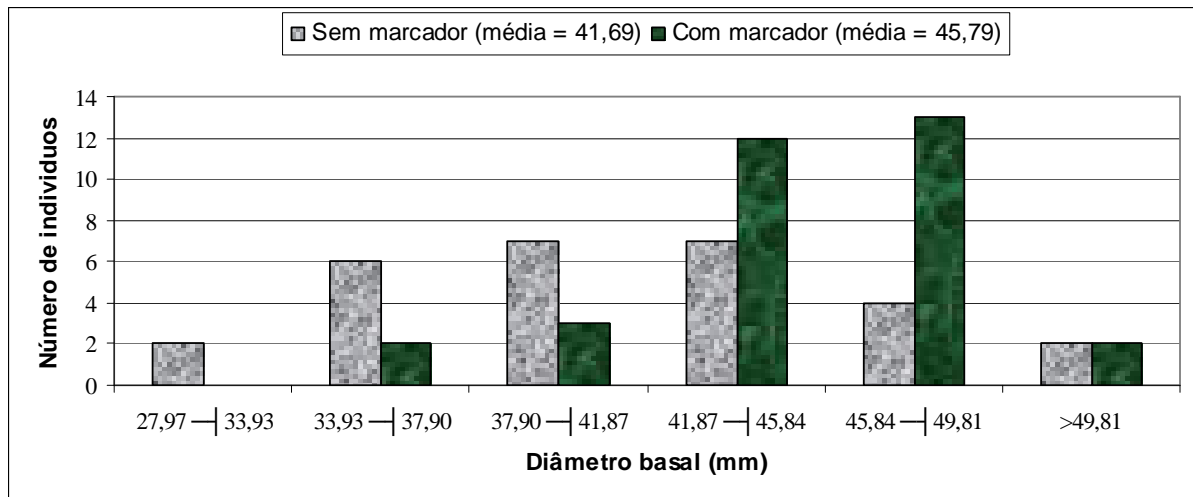


Figura 15 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 22Ab121 na população mapeada para o caráter diâmetro basal do pedúnculo de caju.

Com relação à análise de mapeamento MQM para a característica comprimento do pedúnculo, os QTLs candidatos apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -11,22 e 18,08 %, ou seja, a presença dos marcadores associados aos QTLs conferiram um decréscimo ou acréscimo no comprimento do pedúnculo em relação a média dos genótipos que não o possuem (Tabela 16 e Figura 16). Foram identificados seis QTLs candidatos, sendo cinco no mapa do genitor feminino (*cp-1f*, *cp-2f*, *cp-3f*, *cp-4f* e *cp-5f*) e um no mapa do genitor masculino (*cp-6m*). Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 7,27 e 12,35 % da variação fenotípica total, ou seja, os QTLs são de efeito menor e moderado. O marcador 21CB002, próximo ao QTL candidato *cp-1f*, se destacou dos demais por ter a maior explicação da variação fenotípica total. Deve-se ressaltar que este loco apresentou elevada significância para associação com o comprimento do pedúnculo pelo método não paramétrico, sendo significativo a 0,005. Além deste, os QTLs *cp-2f*, *cp-3f*, *cp-4f* e *cp-6m*, têm potencial para a seleção assistida por marcadores devido apresentarem as maiores explicações da variação ($R^2 > 10\%$) e elevado efeito fenotípico ($> 11\%$), todos considerados como QTLs de efeito moderado.

Tabela 16 - Descrição dos QTLs candidatos para o caráter comprimento do pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>cp-1f</i>	F1	85,85	3,42	12,35	21CB002	0,00	16,99	7,71 ***
<i>cp-2f</i>	F3	64,84	3,74	11,39	22Ag026	4,46	13,95	8,42 ***
<i>cp-3f</i>	F1	66,31	5,55	10,13	04CY014	2,35	18,08	6,22 **
<i>cp-4f</i>	F4	66,43	5,19	10,09	Aocc42	0,36	-11,22	7,25 ***
<i>cp-5f</i>	F4	35,05	3,61	7,27	04Ag060	3,00	10,67	5,88 **
<i>cp-6m</i>	M11	70,34	3,69	12,28	03Bb087	0,00	13,70	6,50 **

Em negrito QTL com LOD score $\geq 3,0$ e significativo ($p < 0,005$) pelo teste não paramétrico (teste Kruskal-Wallis).

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde os níveis de significância são: ** = 0,01 e *** = 0,005.

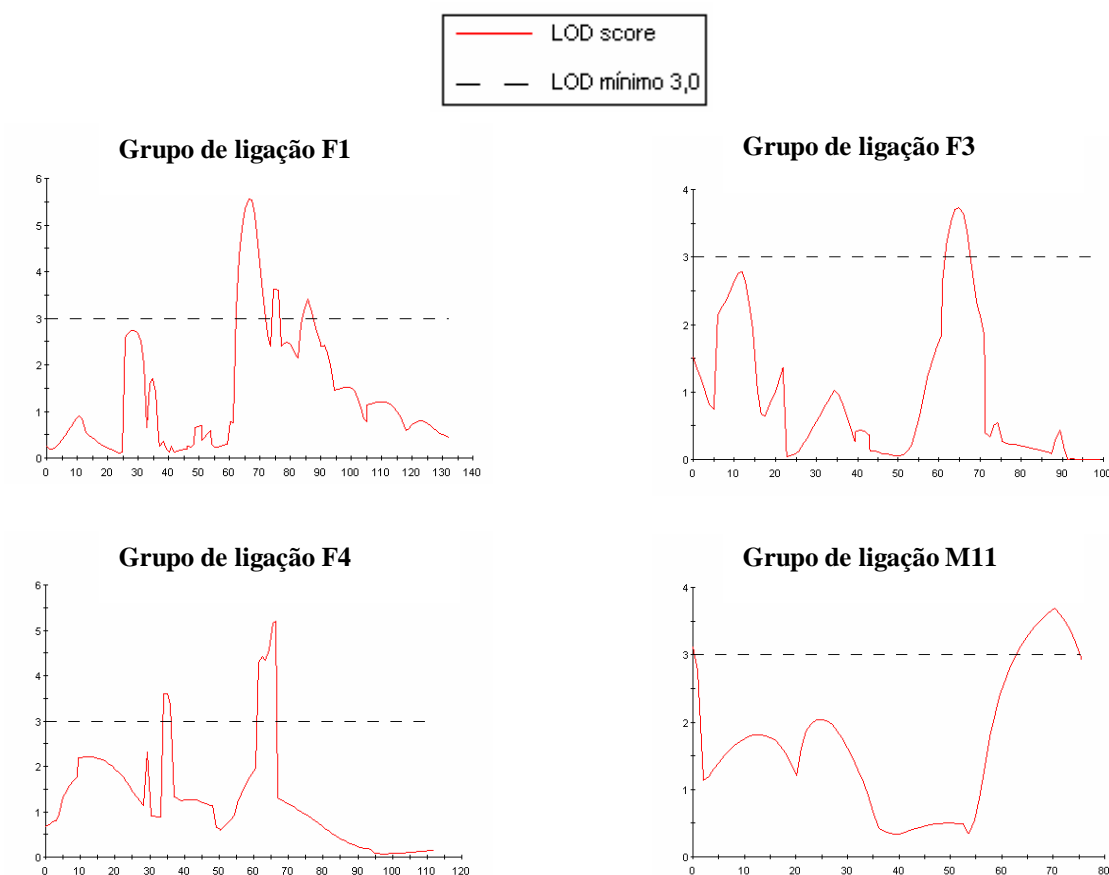


Figura 16 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter comprimento do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

O marcador 21CB002, próximo ao QTL candidato *cp-1f*, explicou 12,35 % da variância fenotípica total. Comparando a média da população composta pelos indivíduos que possuem o marcador (64,81 mm), com a média da população formada pelos indivíduos sem o marcador (55,40 mm) foi observada uma diferença 9,41 mm, ou seja, a presença do marcador 21CB002 associado ao QTL *cp-1f* conferiu um acréscimo no caráter comprimento do pedúnculo que equivale a 16,99 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Quando a presença do marcador 21CB002 foi avaliada individualmente na população, somente um indivíduo dentre os 16 genótipos com média de comprimento do pedúnculo superior a 68,36 mm não possui o marcador (Figura 17).

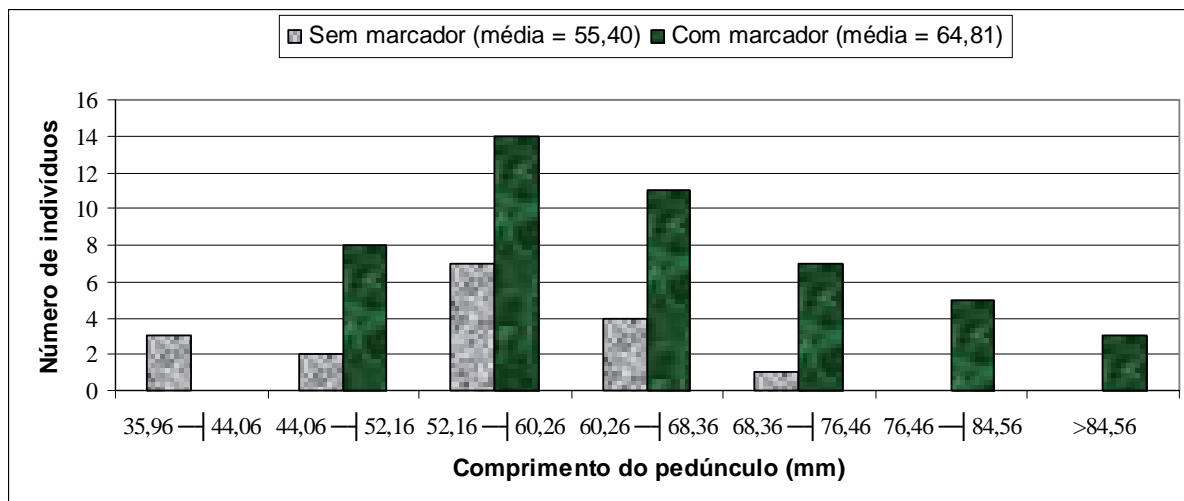


Figura 17 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 21CB002 na população mapeada para o caráter comprimento do pedúnculo de caju

4.2.1.4. Análise de QTL para o Peso da Castanha e do Pedúnculo de Caju

Com relação ao caráter peso da castanha, foram identificados pelo método MQM no grupo de ligação 4 no mapa do genitor feminino, dois QTLs candidatos denominados *pc-1f* e *pc-4f*, com destaque para o QTL *pc-1f* por ter apresentado a maior explicação da variação fenotípica total para a característica peso da castanha observado neste estudo, sendo considerado um QTL de efeito moderado (Tabela 17 e Figura 18). Além destes, foram detectados mais quatro QTLs candidatos, sendo dois no mapa do genitor feminino (*pc-2f* e *pc-3f*) e dois no mapa do genitor masculino (*pc-5m* e *pc-6m*). Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre 8,18 e 19,14 %, ou seja, a presença desses marcadores conferiram um acréscimo no peso da castanha em relação a média dos genótipos que não o possuem. Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 3,47 % e 15,43 % da variação fenotípica total, sendo considerados QTLs de efeito menor e moderado, respectivamente. Dentre os QTLs identificados para o caráter peso da castanha, o QTL *pc-1f* é o que tem o maior potencial para a seleção assistida por marcadores devido apresentar a maior explicação da variação fenotípica ($R^2 > 15\%$) e o maior efeito fenotípico ($> 19\%$), como podemos observar na Tabela 17.

Tabela 17 - Descrição dos QTLs candidatos para a característica peso da castanha detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>pc-1f</i>	F4	32,03	3,85	15,43	22Ab121	0,00	19,14	10,13 ****
<i>pc-2f</i>	F5	15,16	4,25	7,82	04Ag192	0,00	12,98	6,48 **
<i>pc-3f</i>	F2	61,03	3,44	5,95	13Ay226	0,00	10,46	4,02 **
<i>pc-4f</i>	F4	50,43	3,28	3,82	05Ag114	0,00	8,95	1,18 ^{ns}
<i>pc-5m</i>	M2b	22,50	3,32	7,86	22By086	2,74	12,94	4,36 **
<i>pc-6m</i>	M18	29,00	3,31	3,47	26Bb083	3,65	8,18	1,38 ^{ns}

Em negrito QTL com LOD score $\geq 3,0$ e significativo ($p < 0,005$) pelo teste não paramétrico (teste Kruskal-Wallis).

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde os níveis de significância são: ^{ns} = não significativo, ** = 0,01 e **** = 0,001.

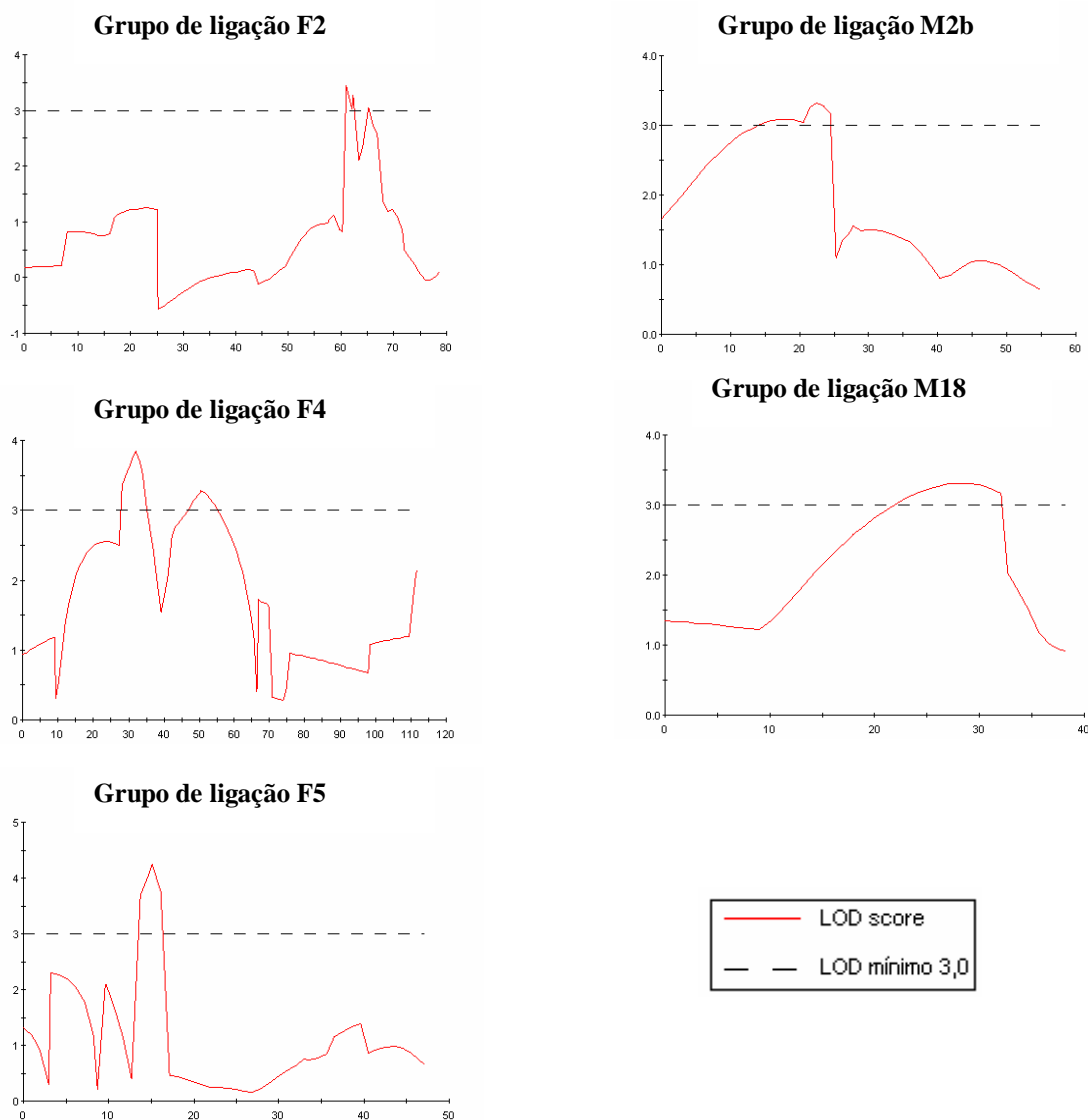


Figura 18 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter peso da castanha de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

O marcador 22Ab121 próximo ao QTL candidato *pc-1f* explicou 15,43 % da variância fenotípica total. Para o caráter peso da castanha a população formada pelos genótipos que possuem o marcador 22Ab121 associado ao QTL *pc-1f* apresentou média de 7,78 g enquanto a média da população composta pelos genótipos que não o possuem foi de 6,53 g uma diferença de 1,25 g, ou seja, a presença do marcador 22Ab121 conferiu um acréscimo no caráter peso da castanha que equivale a 19,14 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Deve-se ressaltar que este marcador apresentou elevada significância ($p < 0,001$), pelo método não paramétrico, para associação com o caráter peso da castanha. Quando a presença do marcador 22Ab121 foi avaliada individualmente na população, somente três indivíduos dentre os dezessete genótipos com média de peso da castanha superior a 8,17 g não possuem o marcador (Figura 19).

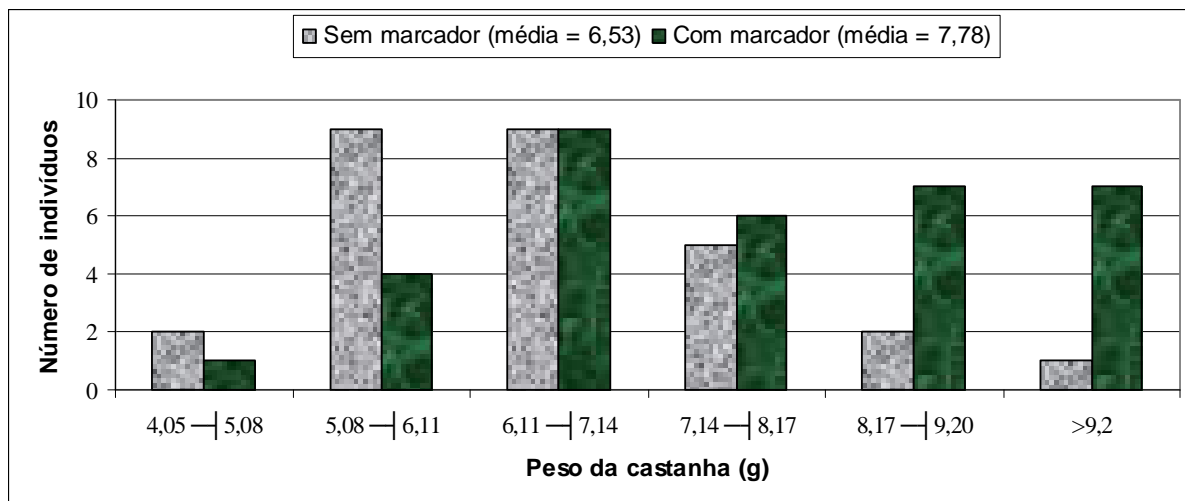


Figura 19 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 22Ab121 na população mapeada para o caráter peso da castanha de caju.

Com relação ao caráter peso do pedúnculo, foram detectados sete QTLs candidatos pelo método de mapeamento MQM, sendo quatro no mapa do genitor feminino (*pp-1f*, *pp-2f*, *pp-3f* e *pp-4f*) e três no mapa do genitor masculino (*pp-5m*, *pp-6m* e *pp-7m*) (Tabela 18 e Figura 20). Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -20,15 e 34,74 %, indicando associação entre marcador e QTL. Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 5,49 e 14,30 % da variação fenotípica total, com destaque para o marcador 22Ab121 próximo ao QTL candidato *pp-1f* por ter apresentado a maior explicação da variância fenotípica total, sendo considerado um QTL de efeito moderado. Deve-se ressaltar que este loco apresentou elevada significância ($p < 0,001$) para associação com o caráter peso do pedúnculo pelo método não paramétrico e também está fortemente associado ao caráter peso da castanha. Dentre os QTLs identificados para o caráter peso do pedúnculo, o QTL *pp-1f* é o que tem o maior potencial para a seleção assistida por marcadores devido apresentar a maior explicação da variação fenotípica ($R^2 > 14$ %) e o maior efeito fenotípico (> 34 %), como podemos observar na Tabela 18.

Tabela 18 - Descrição dos QTLs candidatos para o caráter peso do pedúnculo detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>pp-1f</i>	F4	32,03	6,21	14,30	22Ab121	0,00	34,74	10,31 ****
<i>pp-2f</i>	F4	51,43	6,36	9,06	05Ag114	1,00	26,14	4,99 **
<i>pp-3f</i>	F10	25,51	3,37	6,18	04CG131	0,66	-20,15	1,45 ns
<i>pp-4f</i>	F1	93,29	4,10	5,49	12CY005	2,00	27,99	4,05 **
<i>pp-5m</i>	M7	1,00	4,67	8,98	06By008	1,00	25,27	5,34 **
<i>pp-6m</i>	M1	83,21	6,13	8,09	21CB002	0,00	29,01	5,85 **
<i>pp-7m</i>	M11	69,72	5,18	7,42	03Bb087	0,62	18,82	5,38 **

Em negrito QTL com LOD score $\geq 3,0$ e significativo ($p < 0,005$) pelo teste não paramétrico (teste Kruskal-Wallis).

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde os níveis de significância são: ns = não significativo, ** = 0,01 e **** = 0,001.

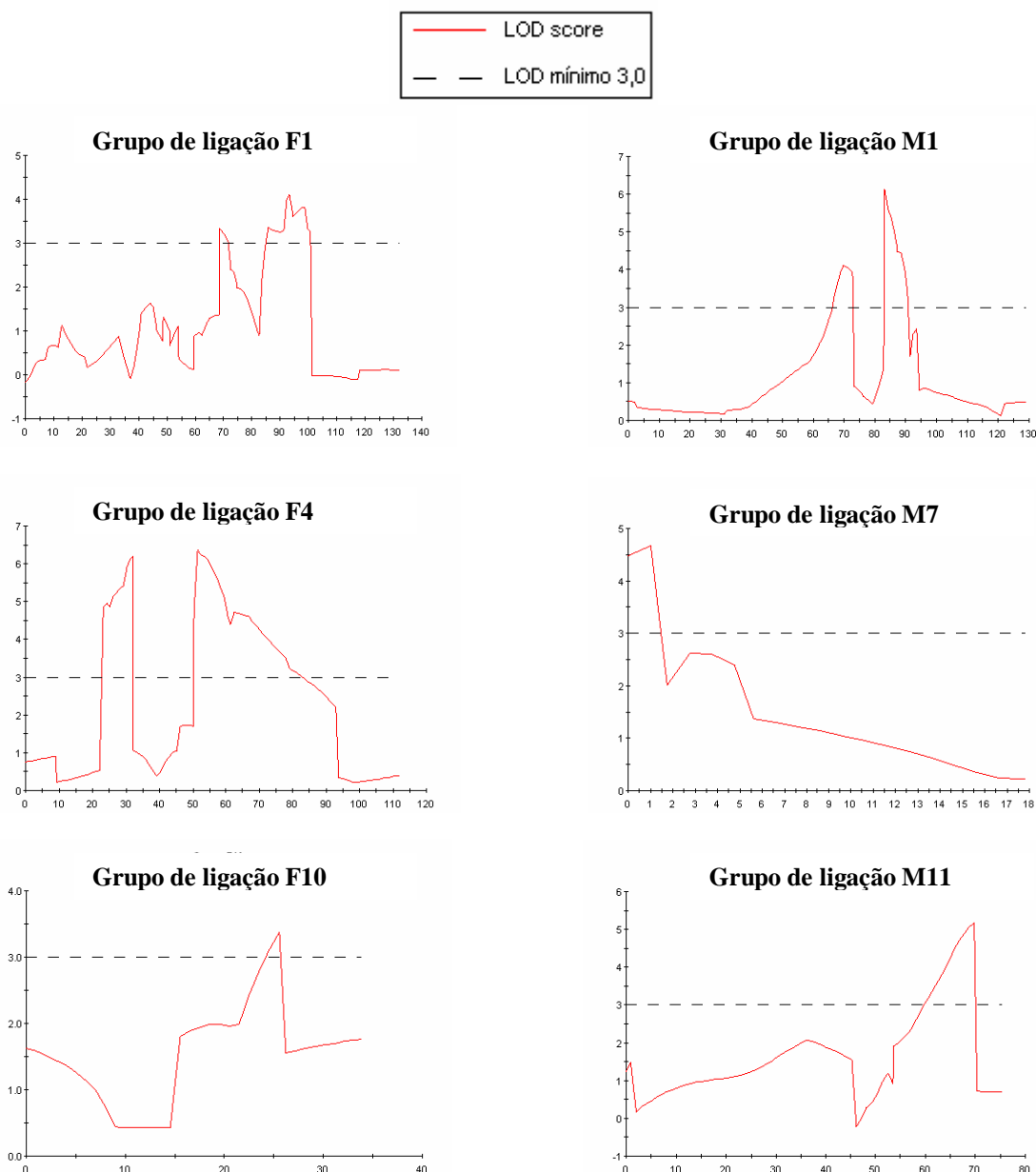


Figura 20 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter peso do pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

O marcador 22Ab121 próximo ao QTL candidato *pp-1f* explicou 14,30 % da variância fenotípica total. Comparando a média da população composta pelos indivíduos que possuem o marcador (72,94 g) com a média da população formada pelos indivíduos sem o marcador (54,14 g) foi observada uma diferença 18,80 g, ou seja, a presença do marcador 22Ab121 associado ao QTL *pp-1f* conferiu um acréscimo no caráter peso do pedúnculo que equivale a 34,74 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Quando a presença do marcador foi avaliada individualmente na população, apenas cinco indivíduos dentre os 21 genótipos com peso do pedúnculo superior a 75,04 g não possuem o marcador (Figura 21).

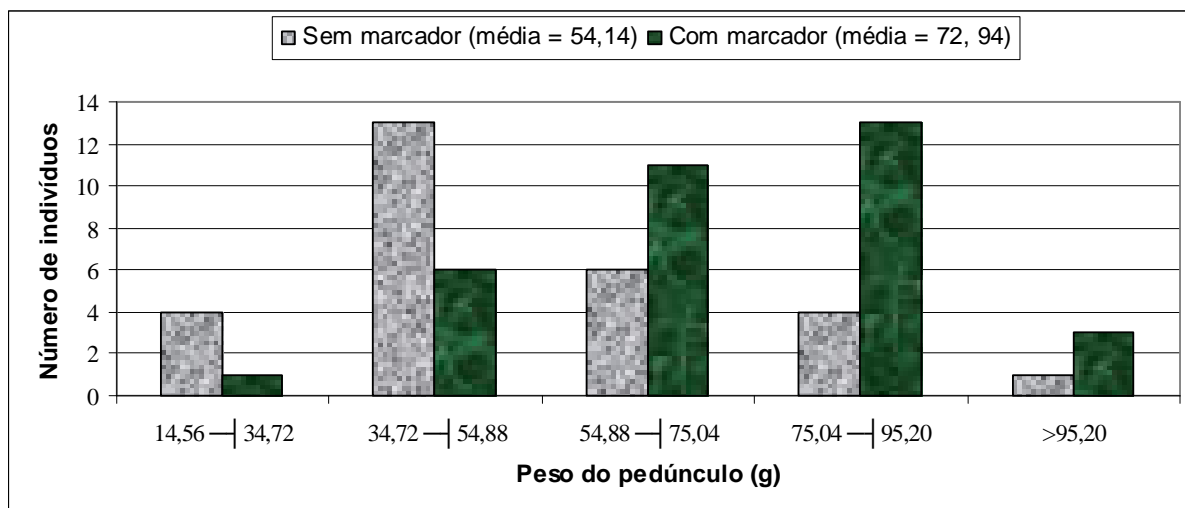


Figura 21 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 22Ab121 na população mapeada para o caráter peso do pedúnculo de caju.

4.2.2. Características Físico-Químicas

4.2.2.1. Análise dos Dados

Todos os caracteres físico-químicos apresentaram um padrão contínuo de distribuição na população F_1 mapeada, típico de caracteres quantitativos (Tabela 19 e Figura 22). Segundo Causse *et al.* (2002), a variação genética de caracteres que apresentam variação fenotípica contínua é atribuída a ação de vários genes (QTLs) que podem ser mapeados no genoma com uso de marcadores moleculares.

Não foi observado desvio significativo da normalidade para fenólicos oligoméricos (FO), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT) e vitamina C (VC) ($p > 0,05$, teste Shapiro-Wilk). Nos caracteres FO e SST, a frequência de indivíduos acima da média da população mapeada foi maior em relação à frequência de indivíduos abaixo da média. Por outro lado, no caráter VC a frequência de indivíduos abaixo da média dos indivíduos F_1 's foi superior à frequência de indivíduos acima da média. O caráter ATT apresentou a mesma frequência de indivíduos acima e abaixo da média da população F_1 . Com relação à medida de curtose, foi observado um valor mínimo de -0,77 para o caráter SST indicando que esta característica apresentou a maior variabilidade dentre os caracteres físico-químicos estudados e um valor máximo de 0,77 para o caráter ATT, indicando que a distribuição de frequências está mais concentrada em torno da média (alta homogeneidade), como podemos observar na Figura 22.

Tabela 19 – Análise dos dados das características fenólicas oligoméricas (FO), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT) e vitamina C (VC).

PARÂMETROS	Caracteres			
	FO	SST	ATT	VC
População F ₁ (média ± desvio padrão)	0,47 ± 0,02	12,99 ± 0,16	0,36 ± 0,01	245,79 ± 3,83
% indivíduos < média	57,58	53,03	50,00	46,97
% indivíduos > média	42,42	46,97	50,00	53,03
Assimetria	0,3725	0,0256	0,4217	0,1087
Curtose	-0,2598	-0,7684	0,7660	-0,5500
Teste de normalidade (Shapiro-Wilk)	0,9811 ^{ns}	0,9774 ^{ns}	0,9791 ^{ns}	0,9825 ^{ns}

^{ns} Não significativo pelo teste Shapiro-Wilk.

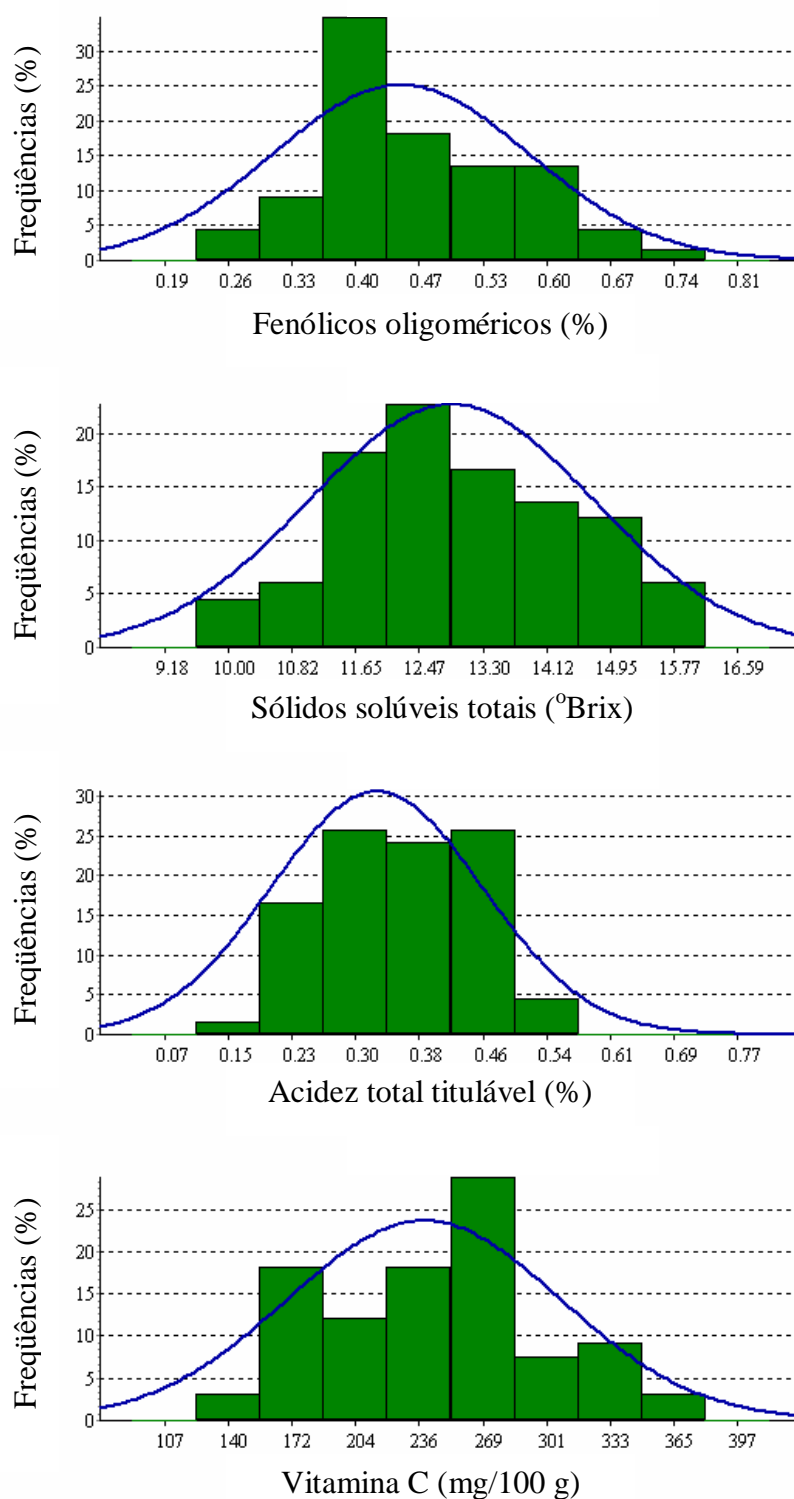


Figura 22 - Distribuição de médias para as variáveis fenólicos oligoméricos, sólidos solúveis totais, acidez total titulável e teor de vitamina C, referentes a 66 genótipos da geração F₁ entre CCP 1001 e CP 96.

4.2.2.2. Fenólicos Oligoméricos

Para a característica fenólicos oligoméricos, foram detectados três QTLs candidatos pelo método de mapeamento MQM, sendo dois no mapa do genitor feminino (*fo-1f* e *fo-2f*) e um no mapa do genitor masculino (*fo-3m*), com destaque para o QTL candidato *fo-1f*, associados ao marcador 02CB110 por ter sido o QTL que apresentou a maior explicação da variação fenotípica total nesta característica, sendo considerado um QTL de efeito moderado (Tabela 20 e Figura 23). Os marcadores associados aos QTLs candidatos apresentaram efeitos fenotípicos variando entre 9,69 e 19,51 %, o que indica associação entre marcadores e QTLs. Vale ressaltar que o loco 02CB110 foi selecionado para descrever o teor de fenólicos oligoméricos no nível de significância 0,005 pelo método não paramétrico. Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 3,90 e 11,66 % da variação fenotípica total. Dentre os QTLs identificados para o caráter fenólicos oligoméricos, o QTL *fo-1f* é o que tem o maior potencial para a seleção assistida por marcadores devido apresentar a maior explicação da variação fenotípica ($R^2 > 11\%$) e o maior efeito fenotípico ($> 19\%$), como podemos observar na Tabela 20.

Tabela 20 - Descrição dos QTLs candidatos para o caráter teor de fenólicos oligoméricos no pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>fo-1f</i>	F2	66,83	3,21	11,66	02CB110	0,00	19,51	7,50 ***
<i>fo-2f</i>	F4	111,95	4,55	3,90	13Ab032	0,00	9,69	2,92 *
<i>fo-3m</i>	M14	0,00	3,47	7,27	13Bb220	0,00	13,67	4,47 **

Em negrito QTL com LOD score $\geq 3,0$ e significativo ($p < 0,005$) pelo teste não paramétrico (teste Kruskal-Wallis).

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde os níveis de significância são: * = 0,05, ** = 0,01 e *** = 0,005.

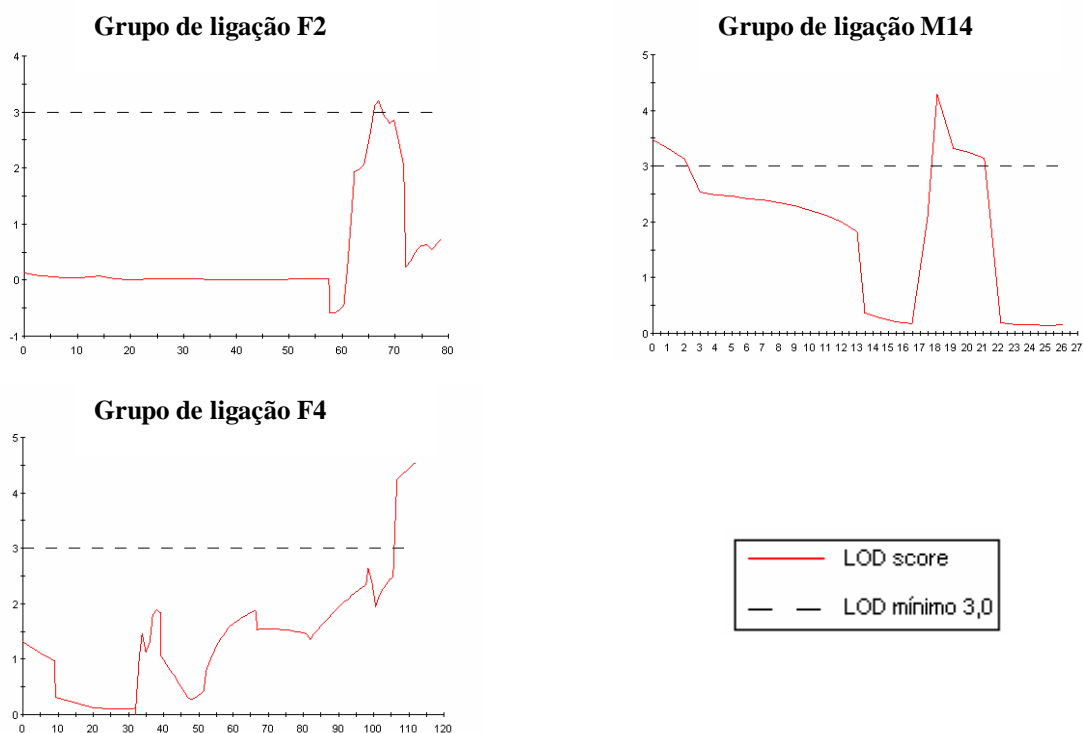


Figura 23 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter teor de fenólicos oligoméricos no pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

O marcador 02CB110 próximo ao QTL candidato *fo-If* explicou 11,16 % da variância fenotípica total. Comparando a média da população composta pelos indivíduos que possuem o marcador (0,49 %) com a média da população formada pelos indivíduos sem o marcador (0,41 %) foi observada uma diferença 0,08 no caráter fenólicos oligoméricos, ou seja, a presença do marcador 02CB110 associado ao QTL *fo-If* conferiu um acréscimo no caráter que equivale a 19,51 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Quando a presença do marcador foi avaliada individualmente na população, somente dois indivíduos entre dezoito genótipos com teor de fenólicos oligoméricos superior a 0,51 % não possuem o marcador (Figura 24).

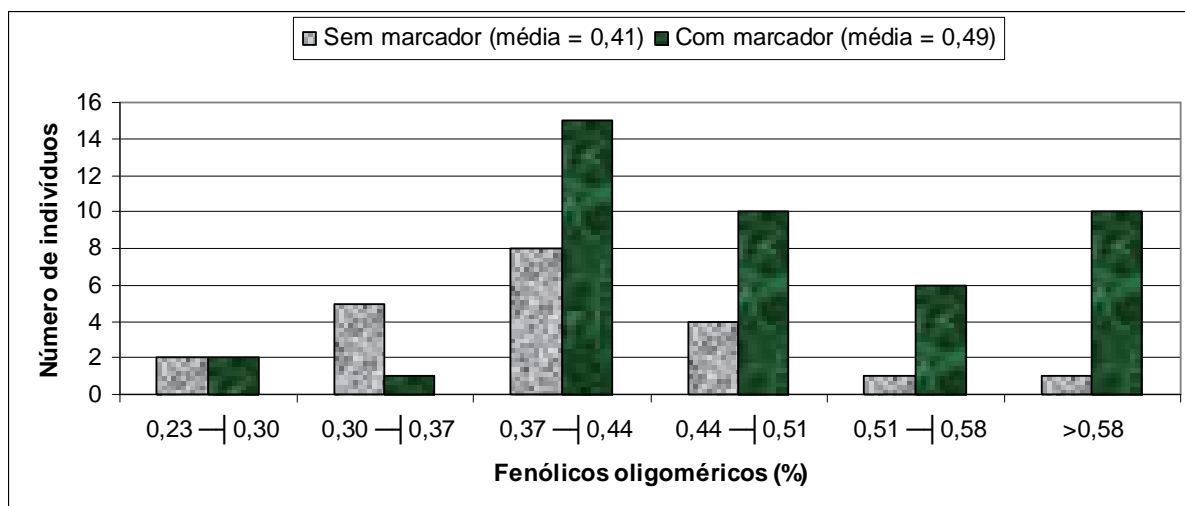


Figura 24 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 02CB110 na população mapeada para o caráter teor de fenólicos oligoméricos no pedúnculo de caju.

4.2.2.3. Sólidos Solúveis Totais

Com relação à característica teor de sólidos solúveis totais (SST) foram detectados cinco QTLs candidatos pelo método de mapeamento MQM, sendo dois no mapa do genitor feminino (*sst-1f* e *sst-2f*) e três no mapa do genitor masculino (*sst-3m*, *sst-4m* e *sst-5m*) (Tabela 21 e Figura 25). Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -10,09 e 10,69 %, ou seja, a presença desses marcadores conferiram um decréscimo ou acréscimo ao teor de sólidos solúveis no pedúnculo em relação a média dos genótipos que não o possuem. Deve-se ressaltar que os locos 07CY003 e 04CG035 apresentaram elevada significância ($p < 0,005$) para associação com o caráter SST pelo método não paramétrico. Estes marcadores estão associados aos QTLs *sst-1f* e *sst-3m* os quais são considerados QTLs de efeitos moderados. Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 3,48 e 16,29 % da variação fenotípica total. Dentre os QTLs identificados para o caráter sólidos solúveis totais, os QTLs *sst-1f* e *sst-3m* são os que têm o maior potencial para a seleção assistida por marcadores devido apresentarem as maiores explicações da variação fenotípica ($R^2 > 12$ %) e os maiores efeitos fenotípicos (> 10 %), como podemos observar na Tabela 21.

Tabela 21 - Descrição dos QTLs candidatos para o caráter teor de sólidos solúveis totais no pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>sst-1f</i>	F1	94,66	4,74	12,96	07CY003	0,00	-10,09	6,99 ***
<i>sst-2f</i>	F3	58,24	4,32	3,48	22Ag026	2,15	-4,08	2,20 ^{ns}
<i>sst-3m</i>	M4	0,00	4,34	16,29	04CG035	0,00	10,69	11,19 *****
<i>sst-4m</i>	M1	29,18	3,73	6,39	12CY062	0,00	-6,34	4,56 **
<i>sst-5m</i>	M2a	87,19	5,73	4,76	05Bg131	0,00	-4,79	3,92 **

Em negrito QTL com LOD score $\geq 3,0$ e significativo ($p < 0,005$) pelo teste não paramétrico (teste Kruskal-Wallis).

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde os níveis de significância são: ^{ns} = não significativo, ** = 0,01, *** = 0,005 e *****=0,0005.

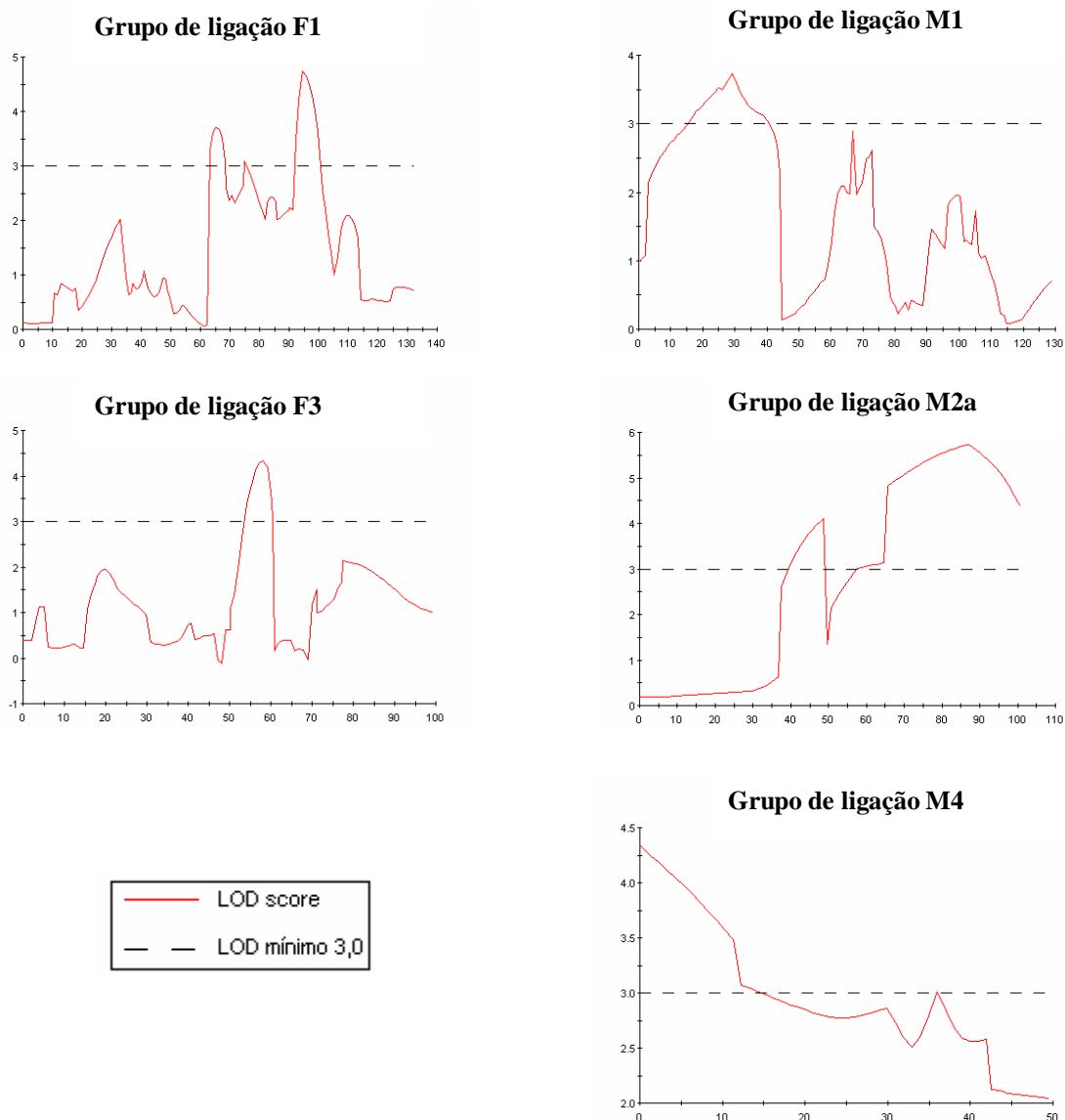


Figura 25 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter teor de sólidos solúveis totais no pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

O marcador 04CG035 próximo ao QTL candidato *sst-3m* explicou 16,29 % da variância fenotípica total. Comparando a média da população composta pelos indivíduos que possuem o marcador (13,33 °Brix) com a média da população formada pelos indivíduos sem o marcador (12,05 °Brix) foi observada uma diferença 1,28 °Brix, ou seja, a presença do marcador 04CG035 associado ao QTL *sst-3m* conferiu um acréscimo no caráter teor de sólidos solúveis totais que equivale a 10,69 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Quando a presença do marcador 04CG035 foi avaliada individualmente na população, somente dois indivíduos dentre os vinte genótipos com teor de sólidos solúveis totais superior a 13,69 °Brix não possuem o marcador (Figura 26).

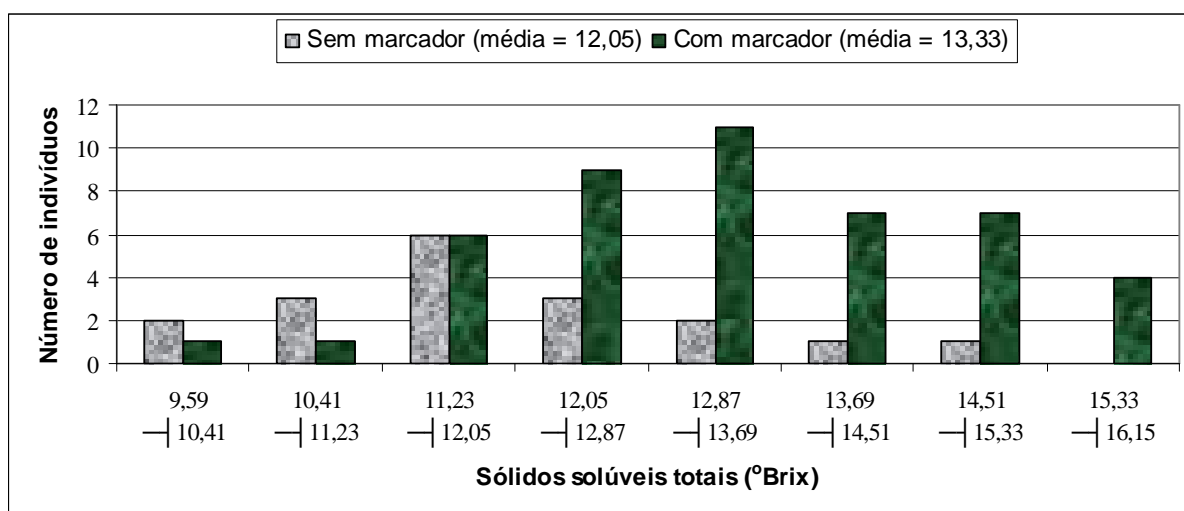


Figura 26 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 04CG035 na população mapeada para a característica teor de sólidos solúveis totais no pedúnculo de caju.

4.2.2.4. Acidez Total Titulável

Para a característica acidez total titulável, foram detectados seis QTLs candidatos pelo método de mapeamento MQM, sendo três no mapa do genitor feminino (*att-1f*, *att-2f* e *att-3f*) e três no mapa do genitor masculino (*att-4m*, *att-5m* e *att-6m*) (Tabela 22 e Figura 27). Os marcadores associados aos QTLs candidatos apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -17,95 e 16,71 %, indicando associação entre marcadores e QTLs. Destacando-se os QTLs candidatos *att-1f* e *att-4m* associados aos marcadores 12Ab188 e 20Bg011, por terem apresentado as maiores explicações da variação fenotípica total nesta característica, sendo considerados QTLs de efeito moderado. Vale ressaltar que os locos 12Ab188 e 20Bg011 foram selecionados para descrever o caráter ATT no nível de significância 0,001 pelo método não paramétrico. Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 4,17 % e 13,08 % da

variação fenotípica total, sendo considerados QTLs de efeito menor e moderado. Dentre os QTLs identificados para o caráter acidez total titulável, os QTLs *att-1f* e *att-4m* são os que têm o maior potencial para a seleção assistida por marcadores devido apresentarem as maiores explicações da variação fenotípica ($R^2 > 11\%$) e os maiores efeitos fenotípicos ($\geq 17\%$), como podemos observar na Tabela 22.

Tabela 22 - Descrição dos QTLs candidatos para o caráter acidez total titulável detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>att-1f</i>	F14	3,00	3,65	11,35	12Ab188	3,00	-17,00	9,89 ****
<i>att-2f</i>	F12	1,00	3,17	4,23	26CB045	1,00	-11,58	3,20 *
<i>att-3f</i>	F6	48,73	8,42	4,17	22Ab094	0,93	12,16	3,95 **
<i>att-4m</i>	M4	31,91	4,85	13,08	20Bg011	2,00	-17,95	8,81 ****
<i>att-5m</i>	M13	16,17	3,67	7,66	01Bb245	0,00	16,71	5,91 **
<i>att-6m</i>	M11	1,00	4,95	5,53	21CB024	1,00	15,69	3,80 *

Em negrito QTL com LOD score $\geq 3,0$ e significativo ($p < 0,005$) pelo teste não paramétrico (teste Kruskal-Wallis).

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde os níveis de significância são: * = 0,05, ** = 0,01 e **** = 0,001.

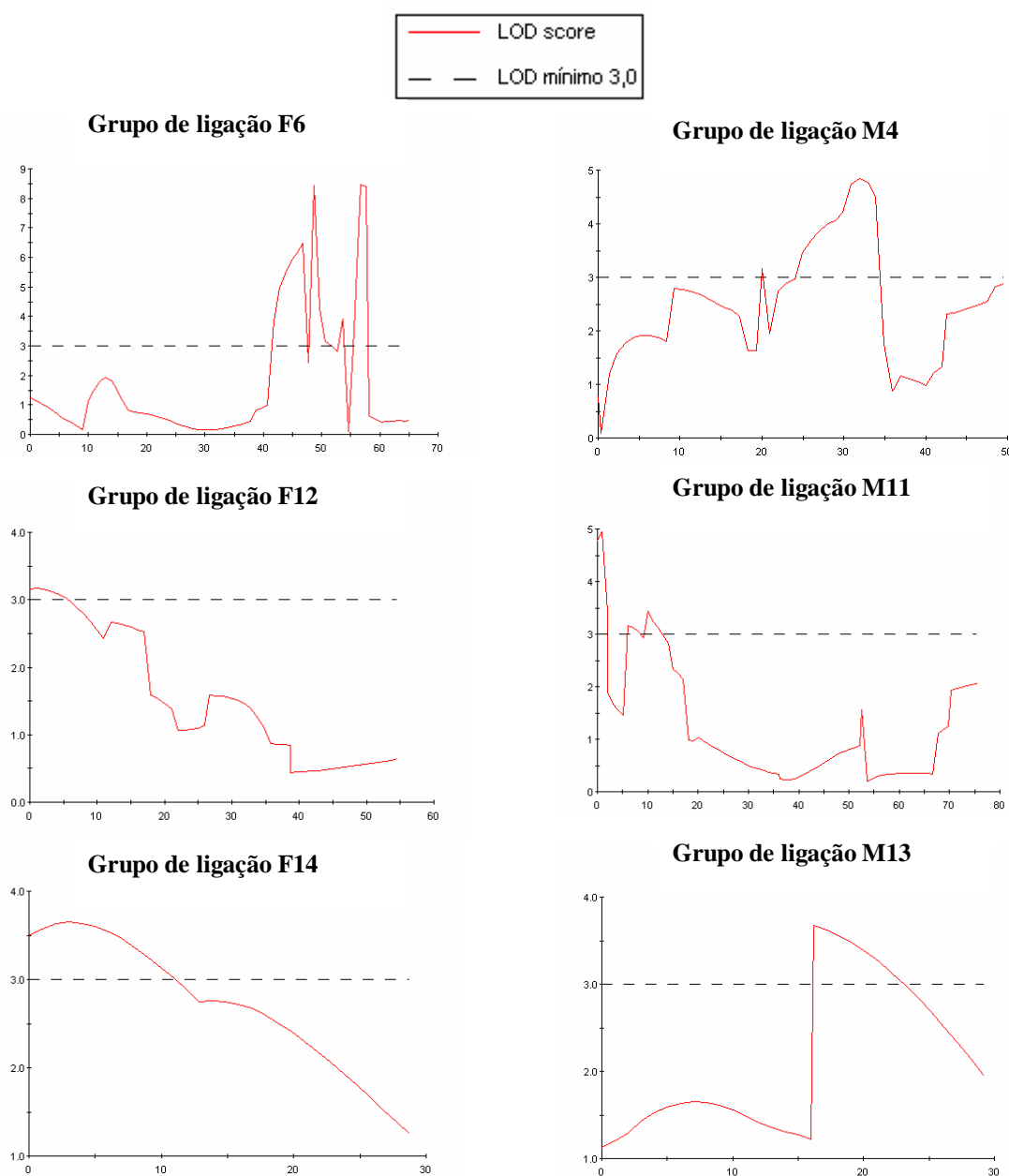


Figura 27 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados a característica acidez total titulável no pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

O marcador 20Bg011 próximo ao QTL candidato *att-4m* explicou 13,08 % da variância fenotípica total. Comparando a média da população composta pelos indivíduos que possuem o marcador (0,32 %) com a média da população formada pelos indivíduos sem o marcador (0,39 %) foi observada uma diferença -0,07, ou seja, a presença do marcador 20Bg011 associado ao QTL *att-4m* conferiu um decréscimo no caráter acidez total titulável que equivale a -17,95 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Quando a presença do marcador foi avaliada individualmente na população, todos os genótipos com acidez total titulável superior a 0,43 % não possuem o marcador (Figura 28).

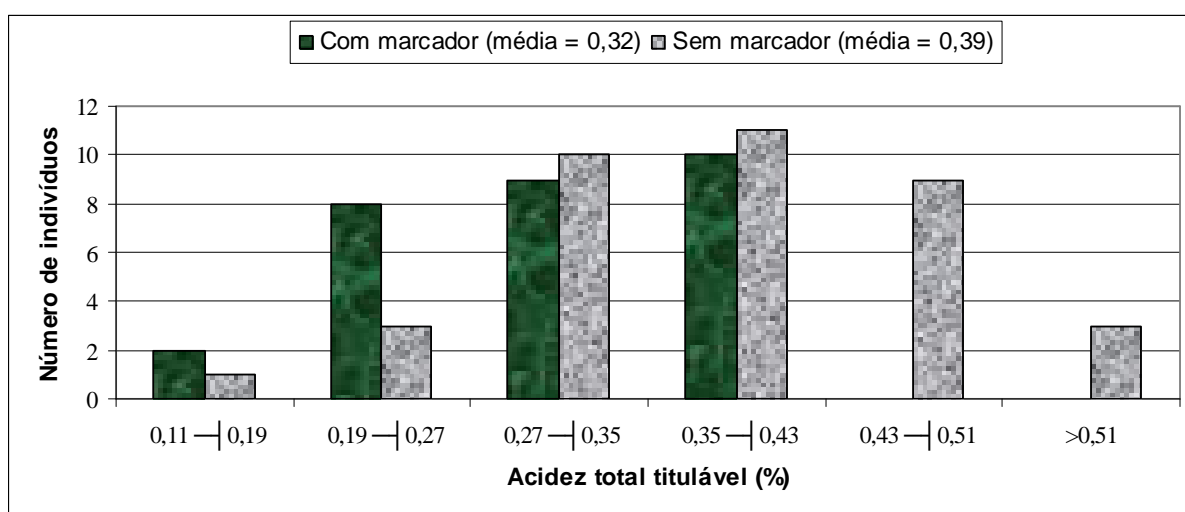


Figura 28 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 20Bg011 na população mapeada para a característica acidez total titulável.

4.2.2.5. Vitamina C

Com relação à característica teor de vitamina C, quatro QTLs candidatos foram detectados pelo método de mapeamento MQM, sendo dois no mapa do genitor feminino (*vc-1f* e *vc-2f*) e dois no mapa do genitor masculino (*vc-3m* e *vc-4m*) (Tabela 23 e Figura 29). Os marcadores associados aos QTLs candidatos apresentaram efeitos fenotípicos variando entre 14,19 e 20,76 %, ou seja, a presença dos marcadores associados aos QTLs conferiram um acréscimo no teor de vitamina C do pedúnculo em relação a média dos genótipos que não o possuem. Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 9,19 e 15,36 % da variação fenotípica total. Deve-se ressaltar que o método não paramétrico detectou elevada significância ($p < 0,005$) para a associação entre os locos 02CB110, 13Ab032 e Aocc11 e o teor de vitamina C no pedúnculo. Estes marcadores estão associados aos QTLs *vc-1f*, *vc-2f* e

vc-3m, respectivamente, os quais apresentaram as maiores explicações da variação fenotípica. Dentre os QTLs identificados para o caráter teor de vitamina C, os QTLs *vc-1f* e *vc-2f* são os que têm o maior potencial para a seleção assistida por marcadores devido apresentarem as maiores explicações da variação fenotípica ($R^2 > 11\%$) e os maiores efeitos fenotípicos ($> 16\%$), sendo considerados QTLs de efeito moderado.

Tabela 23 - Descrição dos QTLs candidatos para a característica teor de vitamina C no pedúnculo de caju detectados nos mapas dos genitores feminino e masculino usando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo	Posição (cM) ¹	Pico do LOD	R ² (%) ²	Marcador próximo	Distância QTL-marcador	Efeito fenotípico (%) ³	Teste não paramétrico ⁴
<i>vc-1f</i>	F2	67,83	3,73	15,36	02CB110	1,04	20,76	9,70 ****
<i>vc-2f</i>	F4	108,48	4,63	11,65	13Ab032	3,48	16,19	7,49 ***
<i>vc-3m</i>	M17	0,00	3,31	9,44	Aocc11	0,00	14,49	7,90 ****
<i>vc-4m</i>	M14	0,00	3,74	9,19	13Bb220	0,00	14,19	4,18 **

Em negrito QTL com LOD score $\geq 3,0$ e significativo ($p < 0,005$) pelo teste não paramétrico (teste Kruskal-Wallis).

¹Posição do QTL baseada região onde ocorreu o valor mais significativo do LOD.

²Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

³Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL.

⁴valores baseado na estatística do teste de Kruskal-Wallis, onde os níveis de significância são: ** = 0,01, *** = 0,005 e **** = 0,001.

Vale ressaltar que os marcadores 02CB110, 13Ab032 e 13Bb220 associados aos QTLs do caráter teor de vitamina C *vc-1f*, *vc-2f* e *vc-4m*, respectivamente, foram justamente os mesmos associados aos três QTLs do caráter fenólicos oligoméricos *fo-1f*, *fo-2f* e *fo-3m*, detectados neste estudo. Como foi discutido no item 4.1.2.5 os caracteres teor de vitamina C e fenólicos oligoméricos apresentaram correlação positiva e alta ($r = 0,71^{**}$), sendo um indicativo de que os QTLs que controlam a produção de vitamina C estão ligados aos QTLs que controlam a produção de fenólicos oligoméricos no pedúnculo de caju. Os resultados da análise de QTL confirmaram esta hipótese, pois todos os marcadores associados a QTLs identificados no caráter fenólicos oligoméricos estão associados a QTLs de grande efeito no caráter teor de vitamina C, ou seja, os QTLs que controlam estas características estão na mesma região cromossômica.

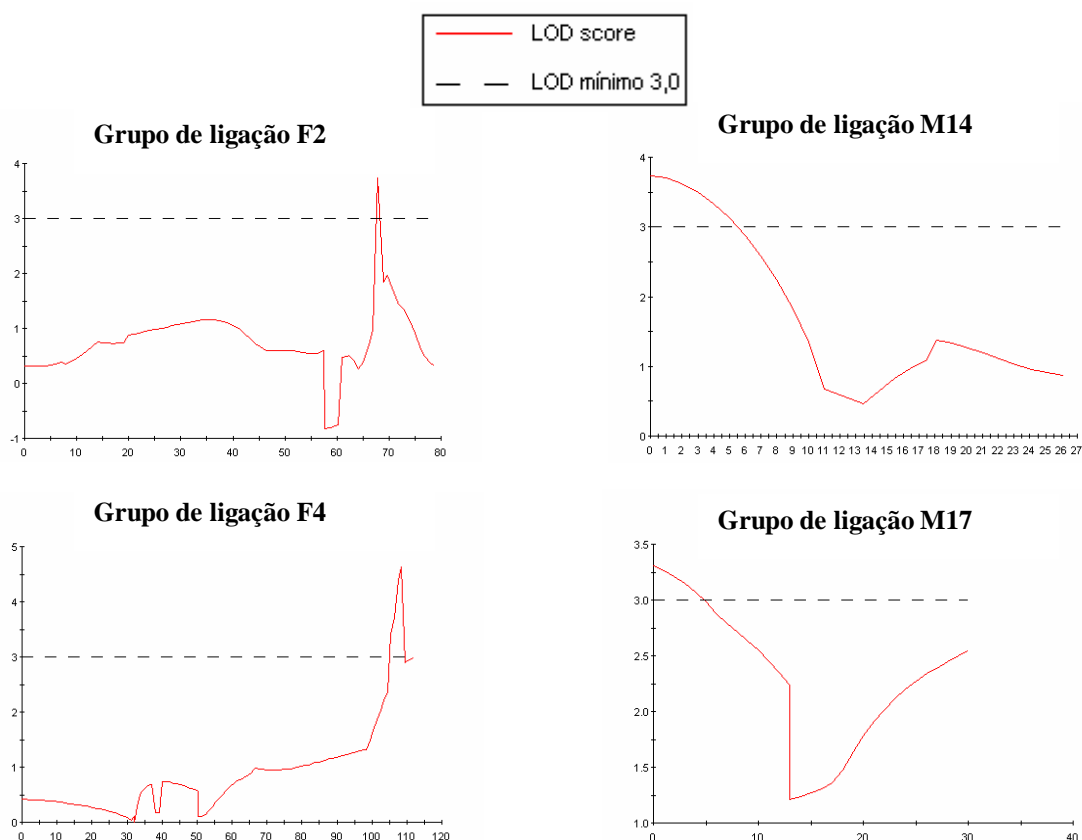


Figura 29 - Grupos de ligação com QTLs candidatos, detectados pelo mapeamento MQM, associados ao caráter teor de vitamina C no pedúnculo de caju nos mapas do genitor feminino (F) e masculino (M).

O marcador 02CB110 próximo ao QTL candidato *vc-If* explicou 15,36 % da variância fenotípica total. Comparando a média da população composta pelos indivíduos que possuem o marcador (261,38 mg/100 g) com a média da população formada pelos indivíduos sem o marcador (216,45 mg/100 g) foi observada uma diferença 44,93 mg/100 g, ou seja, a presença do marcador 02CB110 associado ao QTL *vc-If* conferiu um acréscimo no caráter teor de vitamina C que equivale a 20,76 % (efeito fenotípico) em relação a média dos genótipos que não o possuem. Quando a presença do marcador foi avaliada individualmente na população, todos os genótipos com teor de vitamina C superior a 321,50 mg/100 g possuem o marcador (Figura 30).

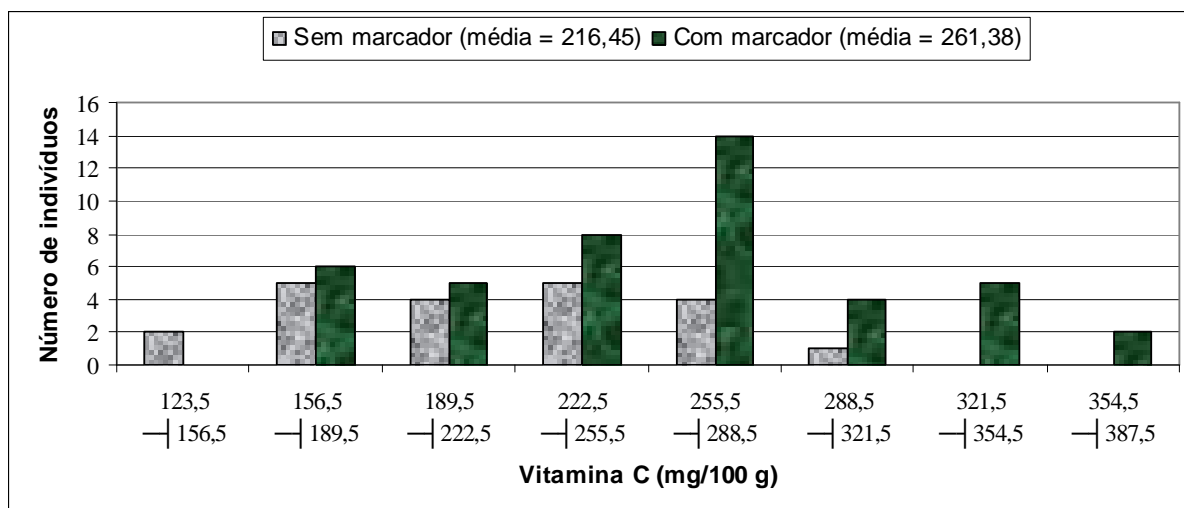


Figura 30 - Distribuição dos indivíduos em relação ao marcador 12Ab188 na população mapeada para o caráter teor de vitamina C no pedúnculo de caju.

4.2.3. Considerações Finais em Relação à Análise de QTLs

As análises de QTLs proporcionam importantes informações para assistir trabalhos de vários programas de melhoramento de plantas e animais. Este estudo concentrou-se na identificação e caracterização de QTLs associados a qualidade do pedúnculo de caju para uma possível aplicação na seleção assistida por marcadores pelo programa de melhoramento do cajueiro.

Três aproximações foram aplicadas para este propósito: mapeamento não paramétrico, mapeamento de intervalo e mapeamento de QTL múltiplos (MQM). O mapeamento não paramétrico foi aplicado para detectar associações significativas entre o marcador e o caráter, pois segundo Van Ooijen (2004), associações com nível de significância $p < 0,005$ são consideradas como fornecendo forte evidências da existência de um QTL na região marcada. Em seguida, os QTLs candidatos foram detectados pela análise de mapeamento de intervalo para identificar QTLs com efeitos principais significativos. O mapeamento MQM foi então utilizado para detectar possíveis QTLs não detectados pela análise de mapeamento de intervalo. Um LOD score crítico igual a 3,0 foi aplicado para detectar QTL candidato pela análise de mapeamento MQM. LOD score igual a 3 indica que a ocorrência de ligação entre um QTL e o marcador é 1000 vezes mais provável que a de segregação independente. Baseado neste critério foi possível identificar 54 locos associados à QTLs e denominados como “QTL candidatos”. Os resultados observados neste estudo confirmam a natureza quantitativa de todas as características analisadas, pois de maneira geral mais de um QTL candidato foi detectado por caráter, incluindo dois para intensidade de

vermelho; três para luminosidade, intensidade de amarelo, diâmetro apical e fenólicos oligoméricos; quatro para teor de vitamina C; cinco para teor de sólidos solúveis totais; seis para diâmetro basal, comprimento do pedúnculo, peso da castanha e acidez total titulável; e sete para o peso do pedúnculo de caju.

A percentagem da variação fenotípica (R^2) individual explicada por um QTL em relação a todos os caracteres estudados situou-se entre 3,15 % e 21,33 %, ambos identificados no caráter luminosidade. Geralmente, uma distinção é realizada entre QTLs “maior” que explica mais de 20 % da variação fenotípica total, QTLs “moderado” com explicação entre 10 e 20 % da variação observada na população para o caráter e QTLs “menor” que explica menos de 10 % da variação fenotípica total (ANDERSON *et al.*, 2007). Neste sentido, somente o QTL candidato para luminosidade (*lu-1f*) localizado no grupo de ligação F10 pode ser considerado como QTL maior. 19 QTLs candidatos apresentaram um R^2 entre 10 % e 20 %, sendo considerados como QTLs de efeito moderado e 34 QTLs candidatos apresentaram um R^2 menor que 10 %, sendo considerados QTLs de efeito menor. Vale ressaltar que a explicação da variação fenotípica vai depender do número de QTLs associados ao caráter. Neste sentido, QTLs de maior efeito estão associados a caracteres controlados por poucos genes (QTLs).

Com relação aos grupos de ligação, deve-se destacar o grupo 4 por ter apresentado o maior número de QTLs candidatos e está fortemente associado aos caracteres diâmetro basal, peso do pedúnculo e da castanha. Este fato já era esperado, pois as características diâmetro basal, peso da castanha e peso do pedúnculo apresentaram correlações positivas e altas ($r > 0,65^{**}$), sendo um indicativo que os QTLs que controlam esses caracteres estão na mesma região cromossômica (KENIS *et al.*, 2008). Neste sentido, o loco 22Ab121 tem grande potencial de aplicação na seleção assistida por marcadores, pois está associado aos QTLs *pc-1f*, *pp-1f* e *db-1f*, os quais apresentaram as maiores explicações da variação fenotípica total e os maiores efeitos fenotípicos nos caracteres peso da castanha, peso do pedúnculo e diâmetro basal, respectivamente.

Combinando as informações fornecidas pelos métodos não paramétrico e mapeamento MQM foi possível observar que 18 QTLs candidatos (*lu-1f*; *iv-1f* e *iv-2m*; *db-1f* e *db-5m*; *cp-1f*, *cp-2f* e *cp-5f*; *pc-1f*; *pp-1f*; *fo-1f*; *sst-1f* e *sst-3m*; *att-1f* e *att-4m*; *vc-1f*, *vc-2f* e *vc-3m*) detectados pelo mapeamento MQM também apresentando marcadores fortemente ligados com elevado nível de significância ($p < 0,005$) no método não paramétrico. Deve-se ressaltar que estes QTLs candidatos explicaram entre 8,0 % e 21,3% da variância fenotípica total e mostraram efeito fenotípico variando entre -42,51 % a 34,54 %, tendo grande potencial

de serem utilizados na seleção assistida por marcadores como ferramenta para aumentar a eficiência de um programa de melhoramento.

Comparando as explicações das variações fenotípicas (R^2) observadas neste estudo para os QTLs candidatos associados à qualidade do pedúnculo (3,15 a 21,33%) com os resultados obtidos em pesquisas dentro de outras espécies avaliando QTLs associados a qualidade do fruto, podemos observar similar variação nos valores. Por exemplo, Wang *et al.* (2000), mapeando QTLs associados a qualidade do fruto da cerejeira (*Prunus cerasus* L.), identificaram dois QTL para o peso do fruto (*fw1* e *fw2*) e dois para o teor de sólidos solúveis totais (*ssc1* e *ssc2*), sendo que as explicações das variações fenotípicas para estes caracteres situou-se entre 13,10 e 16,50 %. Saliba-Colombani *et al.* (2001) identificaram QTLs associados a qualidade do fruto do tomateiro (*Lycopersicon esculentum*), onde os autores observaram a presença de 23 QTLs associados aos caracteres diâmetro do fruto, luminosidade, intensidade de amarelo, intensidade de vermelho, sólidos solúveis e acidez titulável com explicação da variação fenotípica situando-se entre 8,3 e 38,3 % para estes caracteres. Zalapa *et al.* (2007), mapeando QTLs para qualidade do fruto do meloeiro (*Cucumis melo* L.), observaram a presença de 16 QTLs associados ao peso do fruto, onde estes QTLs explicaram entre 6 e 20 % da variação fenotípica total.

Segundo Kenis *et al.* (2008) marcadores moleculares podem ser utilizados em estágio precoce (viveiro) na seleção de indivíduos com combinações favoráveis de várias características de interesse econômico do fruto, sendo particularmente promissora no melhoramento de árvores frutíferas, onde o longo período juvenil dessas espécies e a natureza poligênica das características de qualidade do fruto são o maior gargalo em programas de melhoramento convencional, devido a progênie resultante de um cruzamento precisar ser mantida por um longo período de tempo antes que as características de qualidade do fruto possam ser avaliadas. Neste sentido, os QTLs identificados no presente estudo para peso da castanha, peso do pedúnculo, intensidade de vermelho, teor de vitamina C, sólidos solúveis e acidez, tem grande potencial para seleção assistida por marcadores moleculares, permitindo selecionar ainda na fase de viveiro os materiais mais promissores podendo reduzir significativamente o número de indivíduos indesejáveis transferidos para o campo. Com isso um expressivo ganho genético, redução da área experimental e, conseqüentemente, custos e tempo podem ser alcançados.

Ambos os mapas genéticos parentais foram aptos a identificar QTLs para os caracteres avaliados. Segundo Cavalcanti (2004), apesar dos marcadores AFLPs serem dominantes, contribuíram grandemente para identificação e localização de QTLs. No entanto,

problemas com diferença de posição entre o alelo do QTL e marcadores AFLP (principalmente segregação na relação 3:1, não diferencia o heterozigoto do homozigoto) causam distorções na estimação e interpretação dos parâmetros. Futura produção de um mapa saturado com mais marcadores co-dominantes semelhantes ao SSR (microsatélites) deve aumentar substancialmente a eficiência da análise de QTL e fornecer melhor informação para seleção assistida por marcadores nesta espécie.

O número de indivíduos (66) usados para detecção de QTLs reduziu o poder da análise de QTL, pois é recomendável o uso de uma grande população e mais repetições fenotípicas para fornecer melhoria na precisão dos dados obtidos. Segundo Grattapaglia *et al.* (1995) o aumento no número de genótipos pode determinar a precisão e aumentar substancialmente o poder de detecção de QTL. Está pratica minimizará os problemas estatísticos devido à influência ambiental e aumentará o poder da análise genética, facilitando a identificação de QTLs com eficiência e acurácia.

O melhoramento do cajueiro visando à qualidade do pedúnculo necessita dos critérios eficiência e facilidade de estimação da qualidade do caju. A caracterização física e físico-química pode ser uma alternativa de aproximação rotineira na mensuração dos caracteres relacionados à qualidade do pedúnculo, mas marcadores moleculares fornecem uma ferramenta muito mais eficiente. Os QTLs candidatos detectados nestes estudo, estão em processo de validação para que possam ser utilizados na seleção assistida por marcadores em programas de melhoramento genético do cajueiro.

Por fim, cabe salientar que as informações obtidas com o presente trabalho são inéditas para a espécie e deverão fornecer subsídios para futuros trabalhos de melhoramento do cajueiro visando obter genótipos com maior qualidade do pedúnculo.

5. CONCLUSÕES

Há elevada variação fenotípica na geração F_1 resultante do cruzamento CCP 1001 x CP 96 para todos os caracteres relacionados à qualidade do pedúnculo analisados neste estudo e esta reflete efeitos genéticos, ambientais e suas interações e, neste caso, não se pode isolar cada um dos efeitos. Mesmo assim há forte evidencia de variabilidade genética, decorrente da segregação genética e de novas recombinações favorecidas pelo cruzamento, evidenciando a possibilidade de ganhos genéticos por meio da seleção.

O genótipo F_1 -50 se destaca em relação aos demais por reunir as melhores características para a comercialização *in natura*. Além deste, também devem receber atenção especial os genótipos F_1 -9, F_1 -24, F_1 -42, F_1 -63, F_1 -64 e F_1 -66. No entanto, faz-se necessário a realização de outros estudos, incluindo análise sensorial dos pedúnculos com o uso de provadores treinados para a característica adstringência.

Há presença de QTLs para todos os caracteres avaliados, explicando de 3,15 a 21,33 % da variação fenotípica total, sendo o menor número de QTLs candidatos detectado na característica intensidade de vermelho (dois), e o maior número no caráter peso do pedúnculo (sete). Esses QTLs podem ser utilizados na seleção assistida por marcadores. No entanto, faz-se necessário a realização de outros estudos visando validar os QTLs candidatos identificados neste trabalho usando outras populações de cajueiro.

6. REFERÊNCIAS

ALIYU, O.M.; AWOPETU, J.A. Chromosome studies in cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Afr. J. Biotechnol.**, v.6, n.2, p.131-136, 2007.

ALMEIDA, J.I.L.; BARROS, L.M.; LOPES, J.G.V.; ARAÚJO, F.E. Estudos sobre o crescimento do fruto e pseudofruto do cajueiro (*Anacardium occidentale* L.) do tipo anão precoce. **Rev. Bras. Frutic.**, v. 9, n. 3, p. 21-30, 1987.

ALVES, R.E.; BEZERRA, F.C.; ABREU, F.A.P.; FILGUEIRAS, H.A.C. Development and maturation of the apple of early dwarf cashew tree CCP 76. **Acta Hortic.**, Leuven, v.485, p.25-30, 1999.

ALVES, R.E.; FILGUEIRAS, H.A.C. **Caju: pós-colheita**. Brasília/Fortaleza: Embrapa Informação Tecnológica/Embrapa Agroindústria Tropical, 2002. 36p. (Frutas do Brasil, 31).

ANDERSON, J.A.; CHAO, S.; LIU, S. Molecular breeding using a major QTL for *fusarium* head blight resistance in wheat. **Crop Sci.**, v.47, p.S112-S119, dez. 2007. Suplemento.

AOAC. ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTRY. **Official methods of Analysis of the Association of Official Analytical Chemistry**. 11. ed. Washington, 1992. 1115p.

ARCHAK, S.; GAIKWAD, A.B.; GAUTAM, D.; RAO, E.V.V.B.; SWAMY, K.R.; KARIHALOO, J.L. Comparative assessment of DNA fingerprinting techniques (RAPD, ISSR and AFLP) for genetic analysis of cashew (*Anacardium occidentale* L.) accessions of India. **Genome**, v.46, p.362-369, 2003a.

ARCHAK, S.; GAIKWAD, A.B.; GAUTAM, D.; RAO, E.V.V.B.; SWAMY, K.R.; KARIHALOO, J.L. DNA fingerprinting of India cashew (*Anacardium occidentale* L.) varieties using RAPD and AFLP techniques. **Euphytica**, v.130, n.3, p.397-404, 2003b.

BAILEY, L.H. **Manual of cultivated plants**. 8.ed., 1964. 1116p.

BARROS, L.M. Biologia floral, colheita e rendimento. In: LIMA, V.P.M.S. **A cultura do cajueiro no Nordeste do Brasil**. Fortaleza: BNB/ETENE, 1988a. p.301-319. (BNB/ETENE. Estudos Econômicos e Sociais, 35).

BARROS, L.M. Melhoramento. In: LIMA, V.P.M.S. **A cultura do cajueiro no Nordeste do Brasil**. Fortaleza: BNB/ETENE, 1988b. p.321-356. (BNB/ETENE. Estudos Econômicos e Sociais, 35).

BARROS, L.M.; ARAÚJO, F.E.; ALMEIDA, J.I.L.; TEIXEIRA, L.M.S. **A cultura do cajueiro anão**. Fortaleza: EPACE, 1984. 67 p. (EPACE. Documentos, 3).

BARROS, L.M.; CAVALCANTI, J.J.V.; PAIVA, J.R.; CRISÓSTOMO, J.R. CORRÊA, M.P.F.; LIMA, A.C. Seleção de clones de cajueiro-anão para o plantio comercial no Estado do Ceará. **Pesqui. Agropecu. Bras.**, Brasília, v. 35, n.11, p.2197-2204, 2000.

BARROS, L.M.; CRISÓSTOMO, J.R. Melhoramento genético do cajueiro. In: ARAÚJO, J.P.P.; SILVA, V.V. (Org.). **Cajucultura: modernas técnicas de produção**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 1995. p. 73-93.

BARROS, L.M.; PAIVA, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V.; ARAÚJO, J.P.P. Cajueiro. In: BRUCKNER, C.H. (Ed.). **Melhoramento de fruteiras tropicais**. Viçosa: UFV, 2002. p. 159-176.

BARROS, L.M.; PIMENTEL, C.R.M.; CORRÊA, M.P.F.; MESQUITA, A.L.M. **Recomendações técnicas para a cultura do cajueiro anão precoce**. Fortaleza: EMBRAPA-CNPAT, 1993. 65p. (EMBRAPA-CNPAT. Circular Técnica, 1).

BRASIL. Instrução Normativa nº 01, de 07 de janeiro de 2000. Anexo I. **Diário Oficial da União**, Poder Executivo, Brasília, DF, 10 jan. 2000. Seção 1. p.54. Disponível em: <<http://extranet.agricultura.gov.br/sislegis-consulta/consultarLegislacao.do?jsessionid=c0a8017a30d69388e86a9b784c308f4ad2be84a52172.e3uQb3eQb3ySe3yLbxmKaxqSay0?operao=visualizar&id=7777>>. Acesso em: 19 jan. 2008.

BROMAN, K.W. Review of statistical methods for QTL mapping in experimental crosses. **Lab Animal**, v.30, n.7, p.44-52, 2001.

CARNEIRO, M.S.; VIEIRA, M.L.C. Mapas genéticos em plantas. **Bragantia**, Campinas, v.61, n.2, p.89-100, 2002.

CAUSSE, M.; SALIBA-COLOMBANI, V.; LECOMTE, L.; DUFFÉ, P.; ROUSSELLE, P.; BURET, M. QTL analysis of fruit quality in fresh market tomato: a few chromosome regions control the variation of sensory and instrumental traits. **J. Exp. Bot.**, v.53, n.377, p.2089-2098, oct., 2002.

CAVALCANTI, J.J.V. **Genetic mapping and QTL identification in cashew (*Anacardium occidentale* L.)**. 2004. 178 p. Tese de PhD - Reading: University of Reading, Reading, Inglaterra, 2004.

CAVALCANTI, J.J.V. WILKINSON, M.J. The first genetic maps of cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Euphytica**, v.157, p.131-143, 2007.

CHITARRA, M. I. F.; CHITARRA, A. B. **Pós-colheita de frutas e hortaliças: fisiologia e manuseio**. 2. ed. rev. e ampl. Lavras: UFLA, 2005. 785 p.

CHITARRA, M.I.F.; CHITARRA, A.B. **Pós-colheita de frutos e hortaliças: fisiologia e manuseio**. Lavras: ESAL/FAEPE, 1990. 320p.

CRISÓSTOMO, J.R.; ALMEIDA, J.I.L.; GADELHA, J.W.R.; FELIPE, E.M. **Orientação para o plantio de cajueiro em relação aos pontos cardeais**. Fortaleza: UFCE, 1992. 2p. (Comunicado Técnico, 3).

CRISÓSTOMO, J.R.; BARROS, L.M.; PAIVA, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V. Melhoramento genético do cajueiro. In: QUEIROZ, M.A.; GOEDERT, C.O.; RAMOS, S.R.R. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste Brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semi-Árido/Embrapa /Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1999. Disponível em: <<http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livroorg/cajumelhoramento.pdf>>. Acesso em: 19 jan. 2008.

CRISÓSTOMO, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V.; BARROS, L. de M.; ALVES, R.E.; FREITAS, J.G.; OLIVEIRA, J.N. Melhoramento do cajueiro-anão-precoce: avaliação da qualidade do pedúnculo e a heterose dos seus híbridos. **Rev. Bras. Frutic.**, Jaboticabal, v. 24, n. 2, p. 477-480, 2002.

CRISTOFANI, M.; MACHADO, M.A.; GRATTAPAGLIA, D. Genetic linkage maps of *Citrus sunki* Hort. ex. Tan. and *Poncirus trifoliata* (L.) Raf. and mapping of citrus tristeza vírus resistance gene. **Euphytica**, v.109, p.25-32, 1999.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV. Disponível em: <www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm>. Acesso em: 12 nov. 2007.

DAMASCENO JÚNIOR, J.A.; BEZERRA, F.C. Qualidade de pedúnculos de cajueiro anão-precoce cultivados sob irrigação e submetidos a diferentes sistemas de condução e espaçamento. **Rev. Bras. Frutic.**, Jaboticabal, v. 24, n. 1, p. 258-262, abr. 2002.

DETTORI, M.T.; QUARTA, R.; VERDE, I. A peach linkage map integrating RFLPs, SSRs, RAPDs, and morphological markers. **Genome**, v.44, p.783-790, 2001.

DHANARAJ, A.L.; RAO, E.V.V.B.; SWAMY, K.R.M.; BHAT, M.G.; PRASAD, D.T.; SONDUR, S.N. Using RAPDs to assess the diversity in India cashew (*Anacardium occidentale* L.) germplasm. **J. Hortic. Sci. Biotechnol.**, v.77, p.41-47, 2002.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567>>. Acesso em: 19 jan. 2008.

FERREIRA, D.F. **SISVAR**: versão 4.6. Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2000.

FERREIRA, D.F.; MUNIZ, J.A.; AQUINO, L.H. Comparações múltiplas em experimentos com grande número de tratamentos – utilização do teste de Scott Knott. **Cienc. Agrotec.**, Lavras, v. 23, n. 3, p. 745-752, 1999.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1998. 220p.

FIEC. Federação das Indústrias do Estado do Ceará. Disponível em:
<www.sfiec.org.br/portaltv2/sites/cin/home.php?st=inicio#>. Acesso em: 23 jan. 2008.

FIGUEIREDO, R.M.F.; QUEIROZ, A.J.M.; MARTUCCI, E.T. Alterações de cor da acerola em pó sob condições controladas. **Rev. Bras. Prod. Agroind.**, Campina Grande, v.7, n.1, p.49-57, 2005.

FIGUEIREDO, R.W.; LAJOLO, F.M.; ALVES, R.A.; FILGUEIRAS, H.A.C. Physical-chemical changes in early cashew pseudofruits during development and maturation. **Food Chem.**, v.77, p.343-347, 2002.

FIGUEIREDO, R.W.; LAJOLO, F.M.; ALVES, R.E.; FILGUEIRAS, H.A.C.; MAIA, G.A.; SOUSA, P.H.M. Qualidade de pedúnculos de caju submetidos à aplicação pós-colheita de cálcio e armazenados sob refrigeração. **Pesqui. Agropecu. Bras.**, Brasília, v.42, n.4, p.475-482, 2007.

FILGUEIRAS, H.A.C.; ALVES, R.E.; MOSCA, J.L.; MENEZES, J.B. Cashew apple for fresh consumption: research on harvest and postharvest handling technology in Brazil. **Acta Hort.**, Leuven, v. 485, p.155-160, 1999.

FROTA, P.C.E.; BUENO, D.M.; RAMOS, A.D. Estudos exploratórios do sistema radicular do cajueiro comum, cultivado sob as condições de solo e clima do litoral cearense – Brasil. **Rev. Bras. Frutic.**, v. 13, n. 4, p. 293-294, 1991.

FROTA, P.C.E.; PARENTE, J.I.G. Clima e fenologia. In: ARAÚJO, J.P.P.; SILVA, V.V. (Ed.) **Cajucultura**: modernas técnicas de produção. Fortaleza: EMBRAPA-CNPAT, 1995. p.43-54.

GELDERMANN, H. Investigations on inheritance of quantitative characters in animals by gene markers. **Theor. Appl. Genet.**, v. 46, p. 319-330, 1975.

GOLDSTEIN, J. L.; SWAIN, T. Changes in tannins in ripening fruits. **Phytochemistry**, Oxford, v. 2, n. 4, p. 371-383, 1963.

GRATTAPAGLIA, D.; BERTOLUCCI, F.L.; SEDEROFF, R.R. Genetic mapping of QTLs controlling vegetative propagation in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla* using a pseudo-testcross strategy and RAPD markers. **Theor. Appl. Genet.**, v. 90, p. 933-947, 1995.

GRATTAPAGLIA, D.; BERTOLUCCI, F.L.G.; PENCHEL, R.; SEDEROFF, R.R. Genetic mapping of quantitative trait loci controlling growth and wood quality traits in *Eucalyptus grandis* using a maternal half-sib family and RAPD markers. **Genetics**, v. 144, p. 1205-1214, 1996.

GRATTAPAGLIA, D.; SEDEROFF, R. Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-testcross: mapping strategy and RAPD markers. **Genetics**, n. 137, p. 1121-1137, 1994.

HAMINIUK, C.W.I.; OLIVEIRA, C.R.G.; BAGGIO, E.C.R.; MASSON, M.L. Efeito de pré-tratamentos no escurecimento das cultivares de maçã fuji e gala após o congelamento. **Cienc. Agrotec.**, Lavras, v.29, n.5, p.1029-1033, set./out., 2005.

HEMMAT, M.; WEEDEN, N.F.; MANGANARIS, A.G.; LAWSON, D.M. Molecular marker linkage map for apple. **J. Heredity**, v. 85, p. 4-11, 1994.

IAL. INSTITUTO ADOLFO LUTZ. **Normas analíticas, métodos químicos e físicos para análise de alimentos**. 3. Ed. São Paulo: IAL, v. 1, 1985.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Disponível em: <www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?z=t&o=18&i=p&c=1618>. Acesso em: 19 jan. 2008.

JANSEN, R.C. Controlling the type I and type II errors in mapping quantitative trait loci. **Genetics**, v.138, p.871-881, 1994.

JANSEN, R.C. Interval mapping of multiple quantitative trait loci. **Genetics**, v.135, p.205-211, 1993.

JANSEN, R.C.; STAM, P. High resolution of quantitative traits into multiple loci via interval mapping. **Genetics**, v.136, p.1447-1455, 1994.

KEARSEY, M.J.; FARQUHAR, A.G.L. QTL analysis in plants; where are we now. **J. Heredity**, v. 80, p. 137-142, 1998.

KENIS, K.; KEULEMANS, J. Genetic linkage maps of two apple cultivars (*Malus x domestica* Borkh.) based on AFLP and microsatellite markers. **Mol. Breed.**, v.15, p.205-219, 2005.

KENIS, K.; KEULEMANS, J.; DAVEY, M.W. Identification and stability of QTLs for fruit quality traits in apple. **Tree Genet. Genomes**, 2008.

KHOSLA, P.K; SAREEN, T.S; MEHRA, P.N. Cytological studies on Himalayan anacardiaceae. **Nucleous**, n.4, p.205-209, 1973.

LANDE, R.; THOMPSON, R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. **Genetics**, v. 124, p.743-756, 1990.

LANDER, E. S.; BOTSTEIN, D. Mapping Mendelian factors underlying quantitative trait using RFLP linkage maps. **Genetics**, Bethesda, v. 121, n. 1, p. 185-199, 1989.

LANZA, M. A.; GUIMARÃES, C. T.; SCHUSTER, I. Aplicação de marcadores moleculares no melhoramento genético. **Inf. Agropecu.**, Belo Horizonte, v. 21, n. 204, p. 97-108, maio/jun. 2000.

LEITE, L.A.S.; PESSOA, P.F.A.P. Aspectos sócio-econômicos. In: BARROS, L.M. (Ed) **Caju**. Produção: Aspectos técnicos. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. p. 15-17. (Frutas do Brasil, 30).

LIMA, V.P.M.S. **Fruteiras**: uma opção para o reflorestamento do Nordeste. Fortaleza: BNB/ETENE, 1986. 95p.

MACHADO, O. Estudos novos sobre uma planta velha - o cajueiro (*Anacardium occidentale* L.). **Rodriguesia**, n.8, p.19-48, 1944.

MAIA, G.A.; HOLANDA, L.F.F.; MARTINS, C.B. Características físicas e químicas do caju. **Cienc. Agron.**, Fortaleza: v.1, n.2, p.115-120, 1971.

MAIA, G.A.; SOUZA FILHO, M.S.M.; FIGUEIREDO, F.W.; BRASIL, E.M. Caracterização química de pedúnculos de diferentes clones de cajueiro anão precoce (*Anacardium occidentale* L.). **Cienc. Agron.**, Fortaleza, v. 35, número especial, p. 272-278, out. 2004.

MENDES, R.M.O. **Caracterização e avaliação da erva-mate (*Ilex paraguariensis* st. Hil.), beneficiada no Estado de Santa Catarina**. 2005. 119f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Química) – Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.

MENEZES, J.B.; ALVES, R.E. **Fisiologia e tecnologia pós-colheita do pedúnculo do caju**. Fortaleza: EMBRAPA-CNPAT, 1995. 20p. (Documentos, 17).

MNENEY, E.E.; MANTELL, S.H.; BENNETT, M. Use of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers to reveal genetic diversity within and between populations of cashew (*Anacardium occidentale* L.). **J. Hort. Sci. Biotechnol.**, v.76, p.375-383, 2001.

MORAIS, A.S.; MAIA, G.A.; FIGUEIREDO, R.W.; ALVES, R.E.; FILGUEIRAS, H.A.C.; MOURA, C.F.H. Armazenamento refrigerado sob atmosfera modificada de pedúnculos de cajueiro-anão-precoce dos clones CCP 76, END 157, END 183 e END 189. **Rev. Bras. Frutic.** Jaboticabal, v.24, n.3, p.647-650, 2002.

MOREIRA, J.U.V. **Mapeamento de QTLs para reação á doença mancha de *Phaeosphaeria* em milho**. 2004. 102f. Tese (Doutor em Agronomia, Área de Concentração: Genética e Melhoramento de plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

MORETTI, C.L.; **Protocolos de avaliação da qualidade química e física de tomate**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2006. 12p. (Comunicado técnico, 32).

MOURA FÉ, J.A.; HOLANDA, L.F.F. de; MARTINS, C.B.; MAIA, G.A. Características químicas do hipocarpo do caju (*Anacardium occidentale*, L.). **Cienc. Agron.**, Fortaleza, v. 2, n. 2, p. 103-108, 1972.

MOURA, C. F. H. **Qualidade de pedúnculos de clones de cajueiro anão-precoce (*Anacardium occidentale* L. var. *nanum*) irrigados**. 1998. 96f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza.

MOURA, C.F.H.; ALVES, R.E.; INNECCO, R.; FILGUEIRAS, H.A.C.; MOSCA, J.L.; PINTO, S.A.A. Características físicas de pedúnculos de cajueiro para comercialização *in natura*. **Rev. Bras. Frutic.**, Jaboticabal, v.23, n.3, p.537-540, 2001.

MOURA, C.F.H.; FIGUEIREDO, R.W.; ALVES, R.E.; SILVA, E.O.; ARAÚJO, P.G.L. Aparência e cor da película de pedúnculos de clones de cajueiro anão precoce para o consumo *in natura* armazenados sob diferentes camadas de PVC. **Cienc. Agron.**, Fortaleza, v.36, n.3, p.371-375, 2005.

OLIVEIRA, R.P.; CRISTOFANI, M. MACHADO, M.A. Genetic linkage maps of ‘Pera’ sweet orange and ‘Cravo’ mandarin with RAPD markers. **Pesqui. Agropecu. Bras.**, Brasília, v.39, n.2, p.159-165, fev. 2004.

PAIVA, J. R.; ALVES, R. E.; BARROS, L.M.; CAVALCANTI, J.J.V.; ALMEIDA, J.H.S.; MOURA, C. F. H. **Produção e qualidade de pedúnculos de clones de cajueiro-anão-precoce sob cultivo irrigado**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 1998. 5p. (Embrapa Agroindústria Tropical. Comunicado Técnico, 19).

PAIVA, J.R.; BARROS, L.M. **Clones de cajueiro**: obtenção, características e perspectivas. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2004. 26p. (Embrapa Agroindústria Tropical. Documentos, 82).

PAIVA, J.R.; CRISÓSTOMO, J.R.; BARROS, L.M. **Recursos genéticos do cajueiro**: coleta, conservação, caracterização e utilização. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2003. 43p. (Embrapa Agroindústria Tropical. Documentos, 65).

PARENTE, J.I.G.; FROTA, P.C.E.; MELO, F.I.O.; COSTA, J.T.A. Comportamento de crescimento e desenvolvimento de cajueiros precoce e comum no litoral do Ceará. **Rev. Bras. Frutic.**, Cruz das Almas, v.13, n.2, p.107-111, out., 1991.

PINTO, S.A.A. **Qualidade de pedúnculos de clones de cajueiro anão precoce (*Anacardium occidentale* L. var. *nanum*) cultivados em condições de sequeiro**. 1999. 69f. Trabalho de conclusão de curso (Graduação em Agronomia) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 1999.

PRICE, R.L.; HOLANDA, L.L.F.; MOURA FÉ, J.A.; MAIA, G.A.; MARTINS, C.B. Constituents of brazilian cashew apple juice. **Cienc. Agron.**, Fortaleza, v.5, n.1-2, p.61-65, 1975.

REICHER, F.; SIERAKOWSKI, M.R.; CORRÊA, J.B.C. Determinação espectrofotométrica de taninos pelo reativo, fosfotúngstico-fosfomolibdico. **Arq. Biol. Tecnol.**, Curitiba, v. 24, n. 4, p. 401-411, 1981.

RUFINO, M.S.M. **Qualidade e potencial de utilização de cajuís (*Anacardium spp.*) oriundos da vegetação litorânea do Piauí**. 2004. 92f. Dissertação (Mestrado em Desenvolvimento e Meio Ambiente) – Universidade Federal do Piauí, Teresina.

SALES, J.R. de; TAVARES, J.C. Vida útil pós-colheita de manga (*Mangifera indica* L.) cv. Tommy Atkins: Influência da temperatura e do estágio de maturação. **Rev. Bras. Frutic.**, Jaboticabal, v.21.n.2. p.171-176. 1999.

SALIBA-COLOMBANI, V.; CAUSSE, M.; LANGLOIS, D.; PHILOUZE, J.; BURET, M. Genetic analysis of organoleptic quality in fresh market tomato. 1. Mapping QTLs for physical and chemical traits. **Theor. Appl. Genet.**, v.102, p.259-272, 2001.

SAX, K. The association of size differences with seed coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. **Genetics**, v.8, p.552-560, 1923.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, n. 2, p. 507-512, 1974.

SILVA JÚNIOR, A.; PAIVA, F.F.A. **Estudos físico e físico-químico de clones de cajueiro-anão precoce**. Fortaleza: EPACE, 1994. 19p. (Boletim de pesquisa, 23).

SILVA, M.R.; SILVA, M.S.; OLIVEIRA, J.S. Estabilidade de ácido ascórbico em pseudofruto de caju-do-cerrado refrigerados e congelados. **Pesqui. Agropecu. Trop.**, v.34, n.1, p.9-14, 2004.

SOARES, J.B. **Conservação do caju in natura**. Fortaleza: BNB, 1975. 41p. (Folheto).

SOARES, J.B. O caju. In: **O caju: aspectos tecnológicos**. Fortaleza: BNB, 1986. p.37-123.

STAUB, J.E.; SERQUEN, F.C.; GUPTA, M. Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. **Hortscience**, v.31, p.729-741, 1996.

STROHECKER, R., HENNING, H.M. **Analisis de vitaminas: métodos comprobados**. Madrid: Paz Montalvo, 1967. 428p.

TANKSLEY, S. D. Mapping polygenes. **Ann. Rev. Genet.**, v. 27, p. 205-233, 1993.

TREVISAN, R.; GONÇALVES, E.D.; COUTINHO, E.F. Qualidade de pêsego em pomares conduzidos de forma convencional e integrada. **Cienc. Rural**, v.34, n.6, p.1747-1751, 2004.

UKRAINETZ, N.K.; RITLAND, K.; MANSFIELD, S.D. Identification of quantitative trait loci for wood quality and growth across eight full-sib coastal Douglas-fir families. **Tree Genet. Genome**, v.4, p.159-170, 2008.

VAN OOIJEN, J.W. **MapQTL® 5: Software for mapping of quatitative trait loci in experimental populations**. Wageningen, Kyazma B.V. 2004.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.

WANG, D.; KARLE, R.; IEZZONI, A.F. QTL analysis of flower and fruit traits in sour cherry. **Theor. Appl. Genet.**, v.100, p.535-544, 2000.

WILLIAMS, A.H. The simpler phenolic substances of plants. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, London, v. 8, n. 7, p. 385-389, 1957.

YAMAMOTO, T.; KIMURA, T.; SHODA, M.; IMAI, T.; SAITO, T.; SAWAMURA, Y.; KOTOBUKI, K.; HAYASHI, T.; MATSUTA, N. Genetic linkage maps constructed by using

an interspecific cross between Japanese and European pears. **Theor. Appl. Genet.**, v. 106, p. 9-18, 2002.

ZALAPA, J.E.; STAUB, J.E.; MCCREIGHT, J.D.; CHUNG, S.M.; CUEVAS, H. Detection of QTL for yield-related traits using recombinant inbred lines derived from exotic and elite US Western Shipping melon germplasm. **Theor. Appl. Genet.**, v.114, p.1185-1201, 2007.