



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA/FITOTECNIA**

FRANCISCO HERBETH COSTA DOS SANTOS

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E IDENTIFICAÇÃO DE QTLs
CANDIDATOS EM CAJUEIRO**

**FORTALEZA
2012**

FRANCISCO HERBETH COSTA DOS SANTOS

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E IDENTIFICAÇÃO DE QTLs
CANDIDATOS EM CAJUEIRO

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor em Agronomia. Área de concentração: Fitotecnia.

Orientador: Prof. Ph.D. Fanuel Pereira da Silva

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

FORTALEZA
2012

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Biblioteca de Ciências e Tecnologia

S235e Santos, Francisco Herberth Costa dos.
Estimativas de parâmetros genéticos e identificação de QTLs candidatos em cajueiro / Francisco
Herbert Costa dos Santos. – 2012.
138 f. il., color. enc. ; 30 cm.

Tese (doutorado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de
Fitotecnia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, Fortaleza, 2012.

Área de concentração: Fitotecnia.

Orientação: Prof. PhD. Fanuel Pereira da Silva.

Coorientação: Pesq. PhD. José Jaime Vasconcelos Cavalcanti.

1. Caju. 2. Melhoramento genético. 3. Cajueiro – clones. I. Título.

FRANCISCO HERBETH COSTA DOS SANTOS

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E IDENTIFICAÇÃO DE QTLs
CANDIDATOS EM CAJUEIRO

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor em Agronomia. Área de concentração: Fitotecnia.

Aprovada em 26/09/2012.

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 Algodão

Pesq. Dr. Francisco das Chagas Vidal Neto
Embrapa Agroindústria Tropical

Prof^a. Dr^a. Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini
Universidade Federal do Ceará - UFC

Pesq. Dr. Dheyne Silva Melo
Embrapa Agroindústria Tropical

Aos meus pais,
Manoel Pereira dos Santos e
Maria Goreth Costa dos Santos (*in memoriam*).

AGRADECIMENTOS

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

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

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

Aos pesquisadores Francisco das Chagas Vidal Neto e Dheyne Silva Melo, da Embrapa Agroindústria Tropical, pela participação na banca e sugestões apresentadas ao presente trabalho.

A professora Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini, da Universidade Federal do Ceará, pela participação na banca e sugestões apresentadas ao presente trabalho.

Ao engenheiro agrônomo Tomil Ricardo Maia de Sousa e funcionários dos campos experimentais da Embrapa Agroindústria Tropical, Francisco Justino de Souza, João José Silva Oliveira e Raimundo Nonato Martins de Souza, pela ajuda indispensável.

Ao pesquisador João Luís da Silva Filho, da Embrapa Algodão, pela contribuição indispensável nas análises estatísticas.

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) por possibilitar o desenvolvimento deste estudo.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação Cearense de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico (FUNCAP) pela bolsa de fomento à pesquisa concedida.

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

Obrigado!

RESUMO

O conhecimento sobre os parâmetros genéticos, a identificação de locos de características quantitativas (QTL) e a seleção assistida por marcadores têm grande importância para o melhoramento genético vegetal. Objetivou-se com o presente estudo avaliar o potencial de produção de oitenta e quatro clones de cajueiro, estimar parâmetros genéticos e identificar QTLs associados à altura da planta, diâmetro da copa, antracnose, mofo-preto, número de flores hermafroditas/panícula e peso da castanha. Considerando estes objetivos, dois experimentos foram conduzidos em dois locais (Pacajus e Paraipaba), no estado do Ceará, Brasil. Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados com duas repetições e duas plantas por parcela. As características foram avaliadas nos anos 2009, 2010 e 2011. A identificação dos QTLs candidatos foi realizada utilizando os métodos de mapeamento não-paramétrico, mapeamento por intervalo e mapeamento de QTLs múltiplos. Os resultados permitem observar presença de variabilidade genotípica na geração F_1 para todos os caracteres avaliados, com alto potencial para seleção de genótipos superiores, com resistência à antracnose e ao mofo-preto, altas produções de flor hermafrodita/panícula e de castanha. Os clones da geração F_1 : 1, 16, 17, 41, 57, 65, 76 e 78 foram considerados os mais promissores para as características analisadas. A análise conjunta indicou a presença de interação genótipo x ambiente para todas as características estudadas. Há presença de QTLs para todos os caracteres avaliados, explicando entre 2,16% a 19,47% da variação fenotípica total nos caracteres diâmetro de copa e flores hermafroditas, respectivamente. As análises de QTL ao longo dos anos e locais revelaram efeitos importantes da interação genótipo x ambiente na detecção de QTL. Este resultado concorda com as diferenças encontradas na média das características ao longo dos anos e locais, estando relacionada, entre outras causas, à alternância de alguns clones (genótipos) para as características analisadas e a quantidade de chuva por ambiente.

Palavras-chave: *Anacardium occidentale* L. Melhoramento genético. Locos de características quantitativas. Clones de cajueiro.

ABSTRACT

Knowledge about genetic parameters, identification of quantitative trait loci (QTL) and marker-assisted selection have great interest for genetic improvement. The objectives of this research were to evaluate the yield potential of eighty four clones of cashew, to estimate their genetic parameters and to identify QTLs associated with plant height, canopy diameter, anthracnose, black mold, number of hermaphrodite flower/panicle and nut weight. Considering these objectives, two trials were planted in two different countries (Pacajús and Paraipaba), state of Ceará, Brazil. The experimental phase was conducted in a randomized block design with two replications, two plants per plot. Apart the traits were evaluated during years 2009, 2010 and 2011. Detection of candidate QTLs were realized using the methods non-parametric mapping, interval mapping and multiple QTL mapping. The evidence of genotypic variability was detected in F₁ generation to all characters analyzed. The high potential for the selection of genotypes with the best characteristics to resistance to anthracnose and black mold, hermaphrodite flower and yield. The generation F₁ clones named as: 1, 16, 17, 41, 57, 65, 76 and 78 were considered the most promising materials for breeding propose. The joint analysis indicated significant genotype by environment interaction for all traits studied. QTLs for traits of agronomic importance were identified with potential for marker-assisted selection. There is presence of QTLs for all traits, explaining between 2.16 to 19.47% of the total phenotypic variation in the traits canopy diameter and hermaphrodite flowers, respectively. QTL analysis over years and places revealed important effects of genotype by environment interaction on QTL detection. This result agrees with the differences found for the average trait among years and places related, among other causes, the alternation of some clones (genotypes) for traits analyzed and the amount of rain for the environment.

Keywords: *Anacardium occidentale* L. Genetic improvement. Quantitative trait loci. Cashew clones.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. 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).....42
- Figura 2. 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).....43
- Figura 3. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o caráter altura de planta em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence.....52
- Figura 4. Localização dos QTLs identificados para altura de planta no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.56
- Figura 5. Localização dos QTLs identificados para altura de planta no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.57
- Figura 6. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o caráter diâmetro de copa em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence.....64
- Figura 7. Localização dos QTLs identificados para diâmetro de copa no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.67
- Figura 8. Localização dos QTLs identificados para diâmetro de copa no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.68
- Figura 9. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o caráter antracnose em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence.....75

- Figura 10. Localização dos QTLs identificados para antracnose no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente. 78
- Figura 11. Localização dos QTLs identificados para antracnose no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente. 79
- Figura 12. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o carácter mofo-preto em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence..... 86
- Figura 13. Localização dos QTLs identificados para mofo-preto no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente. 89
- Figura 14. Localização dos QTLs identificados para mofo-preto no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente. 90
- Figura 15. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o carácter flores hermafroditas em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence..... 98
- Figura 16. Localização dos QTLs identificados para flores hermafroditas no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente. 100
- Figura 17. Localização dos QTLs identificados para flores hermafroditas no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente. 101
- Figura 18. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o carácter peso da castanha em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence..... 108

- Figura 19. Localização dos QTLs identificados para peso da castanha no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente. 110
- Figura 20. Localização dos QTLs identificados para peso da castanha no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente. 111
- Figura 21. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o carácter produtividade em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence..... 116
- Figura 22. Valores médios dos seis ambientes para as características altura de planta, diâmetro de copa, antracnose, mofo-preto, flores hermafroditas, peso da castanha e produtividade dos oito clones selecionados na geração F₁ e da testemunha. *clone-testemunha CCP 76 (tratamento 84). 124

LISTA DE TABELAS

Tabela 1.	Produção mundial de castanha de caju (em toneladas) por ano no período entre 2006 e 2010.	17
Tabela 2.	Médias mensais da precipitação pluvial (em mm), registrada durante a condução do experimento no período de janeiro de 2009 a dezembro de 2011 nos Campos Experimentais de Pacajus e Paraipaba.....	36
Tabela 3.	Esquema da análise de variância para ensaio com genótipos (G) e uma única testemunha (Te).	39
Tabela 4.	Resumo das análises de variância para a característica altura de planta, referente a 83 clones da geração F ₁ e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	46
Tabela 5.	Parâmetros genéticos para a característica altura de planta, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	47
Tabela 6.	Análise de variância conjunta para altura de planta (m) de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	49
Tabela 7.	Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F ₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica altura de planta (AP).	50
Tabela 8.	Descrição dos QTLs candidatos para a característica altura de planta detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos. (Continua...)	54
Tabela 9.	Resumo das análises de variância para a característica diâmetro de copa, referente a 83 clones da geração F ₁ e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	59
Tabela 10.	Parâmetros genéticos para a característica diâmetro de copa, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	60
Tabela 11.	Análise de variância conjunta para diâmetro de copa (m) de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	61
Tabela 12.	Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F ₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica diâmetro de copa (DC).....	63
Tabela 13.	Descrição dos QTLs candidatos para a característica diâmetro de copa detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos.....	66
Tabela 14.	Resumo das análises de variância para a característica antracnose, referente a 83 clones da geração F ₁ e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011. ¹	70
Tabela 15.	Parâmetros genéticos para a característica antracnose, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.	71

Tabela 16.	Análise de variância conjunta para antracnose de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011. ¹	72
Tabela 17.	Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F ₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica antracnose (ANT).....	73
Tabela 18.	Descrição dos QTLs candidatos para a característica antracnose detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos.....	76
Tabela 19.	Resumo das análises de variância para a característica mofo-preto, referente a 83 clones da geração F ₁ e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011. ¹	81
Tabela 20.	Parâmetros genéticos para a característica mofo-preto, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	82
Tabela 21.	Análise de variância conjunta para mofo-preto de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011. ¹	83
Tabela 22.	Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F ₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica mofo-preto (MP).	84
Tabela 23.	Descrição dos QTLs candidatos para a característica mofo-preto detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos.....	88
Tabela 24.	Resumo das análises de variância para o caráter flores hermafroditas, referente a 83 clones da geração F ₁ e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	92
Tabela 25.	Parâmetros genéticos para o caráter flores hermafroditas, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	93
Tabela 26.	Análise de variância conjunta para flores hermafroditas de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	94
Tabela 27.	Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F ₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica flores hermafroditas (FH).....	96
Tabela 28.	Descrição dos QTLs candidatos para a característica flores hermafroditas detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos.....	99
Tabela 29.	Resumo da análise de variância para o caráter peso da castanha, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2010 e 2011.	103
Tabela 30.	Parâmetros genéticos para o caráter peso da castanha, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2010 e 2011.	104
Tabela 31.	Análise de variância conjunta para peso da castanha de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2010 e 2011.....	105

Tabela 32.	Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F ₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica peso da castanha (PC).	106
Tabela 33.	Descrição dos QTLs candidatos para a característica peso da castanha detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos.....	109
Tabela 34.	Resumo da análise de variância para o caráter produtividade (kg/ha), conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011. ¹	114
Tabela 35.	Parâmetros genéticos para as características produtividade, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.....	115
Tabela 36.	Análise de variância conjunta para produção de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011. ¹	117
Tabela 37.	Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F ₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica produtividade (PROD).	118
Tabela 38.	Somatória dos valores da classificação (r) dos clones de cajueiro da geração F ₁ e do clone-testemunha CCP 76 para os caracteres altura de planta (AP), diâmetro de copa (DC), antracnose (ANT), mofo-preto (MP), flores hermafroditas (FH), peso da castanha (PC) e produtividade (PROD). (Continua.....)	121

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	14
2. REVISÃO DE LITERATURA	17
2.1. Importância da cajucultura	17
2.2. O cajueiro	19
2.3. Parâmetros genéticos	23
2.4. Mapeamento genético	23
2.5. Mapeamento de QTLs	29
2.6. Melhoramento assistido por marcadores	33
3. MATERIAL E MÉTODOS	35
3.1. Localização e caracterização da área experimental	35
3.2. Material genético	36
3.3. Características avaliadas	37
3.3.1. Altura de planta	37
3.3.2. Diâmetro de copa	37
3.3.3. Antracnose e mofo-preto	37
3.3.4. Flores hermafroditas	37
3.3.5. Peso da castanha	37
3.3.6. Produtividade	38
3.4. Delineamento experimental	38
3.5. Seleção de genótipos elites	40
3.6. Mapeamento QTL	41
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	45
4.1. Altura de Planta	45
4.2. Diâmetro de copa	58
4.3. Antracnose	69
4.4. Mofo-preto	80
4.5. Flores hermafroditas	91
4.6. Peso da castanha	102
4.7. Produtividade	112
4.8. Seleção de genótipos elite	119
4.9. Considerações finais	125
5. CONCLUSÕES	127

REFERÊNCIAS.....	128
-------------------------	------------

1. INTRODUÇÃO

A seleção de clones de cajueiro (*Anacardium occidentale* L.) adaptados e portadores de atributos agronômicos desejáveis é de fundamental importância para a cajucultura do Nordeste brasileiro, no qual a maioria dos produtores tem capital limitado e poucos investem em tecnologias de produção. Nesse contexto, a obtenção de clones proporciona melhorias substanciais nos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais, predominantes na região, aumentando a produtividade, reduzindo custo e impactos ambientais.

A maioria dos programas de melhoramento dispõe de um conjunto de genótipos para o desenvolvimento de combinações genéticas favoráveis. O avanço de gerações permite, por meio de cruzamentos entre genitores divergentes e produtivos, obter populações segregantes que reúnam o maior número de caracteres favoráveis. O grande desafio dos melhoristas é reunir, em um só genótipo, a maior frequência possível de alelos favoráveis (PASSOS *et al.*, 2010).

Os clones de cajueiro anão precoce têm impulsionado o cultivo do caju no Brasil, pois eles possuem maior produtividade, maior precocidade e menor porte em relação ao tipo comum (PAIVA; BARROS, 2004). Todavia, o reduzido número de clones disponíveis para o plantio comercial, aliado à estreita base genética que os originou, caracteriza ainda uma situação de vulnerabilidade genética (PAIVA *et al.*, 2008), estimulando a ampliação da variabilidade genética nas coleções por meio de cruzamentos, seguidos da seleção de tipos segregantes. Para o aumento dessa variabilidade, o programa de melhoramento genético do cajueiro vem recomendando a utilização do cajueiro comum em cruzamentos com o cajueiro anão precoce, na busca de clones com produtividade competitiva e porte mais baixo que o cajueiro comum (CAVALCANTI *et al.*, 2007). O cajueiro do tipo comum possui maior variabilidade para os caracteres peso e qualidade do fruto e pseudo-fruto, associada com a maior capacidade produtiva individual (BARROS *et al.*, 2002a). Assim, a busca pelo aumento da variabilidade genética, por meio do desenvolvimento de novos genótipos, pode garantir maior competitividade e sustentabilidade à cultura do cajueiro.

A identificação de genótipos superiores requer métodos de seleção capazes de explorar eficientemente o material genético disponível, maximizando o ganho genético em relação às características de interesse (ROSADO *et al.*, 2009). A utilização de metodologias que permitem selecionar plantas, considerando vários caracteres simultaneamente, deve ser

analisada visando o seu emprego futuro como ferramenta auxiliar no melhoramento do cajueiro. Paiva *et al.* (2002a) mostraram a eficiência da metodologia de Mulamba e Mock (1978), na seleção de progênies de aceroleira, em comparação ao método tradicional de seleção entre e dentro, destacando a facilidade e praticidade de execução. Paiva *et al.* (2007), também, utilizaram esta metodologia na seleção de clones superiores no programa de melhoramento genético do cajueiro comum.

O uso de técnicas apropriadas de seleção permite maximizar o ganho genético tornando mais eficiente o programa de melhoramento. Assim, a utilização de metodologias que aumentem a precisão do processo seletivo é de grande importância (LAVIOLA *et al.*, 2010). Um dos aspectos importantes para a obtenção de alta eficiência nos programas de melhoramento é o conhecimento da variabilidade genética e quanto dela é devida a diferenças genéticas entre genótipos. Isso permite conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para a seleção (PASSOS *et al.*, 2010).

Na literatura encontram-se diversos estudos sobre a genética do cajueiro e sobre o uso dos parâmetros e componentes genéticos, auxiliando e determinando estratégias a serem adotadas no programa de melhoramento dessa espécie. Deste modo, Cardoso *et al.* (1999), realizaram estudos da genética da resistência do cajueiro anão à antracnose, mofo-preto e mancha-angular, três das principais doenças fúngicas no Brasil; Cavalcanti *et al.* (2007), avaliaram o controle genético de caracteres quantitativos em híbridos interpopulacionais entre cajueiro comum e anão precoce; Santos *et al.* (2011), realizaram estudos para identificação de QTLs (*quantitative trait loci*) associados à qualidade do pedúnculo de caju.

A maioria dos caracteres de importância econômica em plantas, como por exemplo a produção de grãos, pode ser classificada como de natureza quantitativa. Até caracteres considerados de herança mais simples, como resistência a doenças, podem ser considerados “semi-quantitativos”, pois a expressão do caráter é governada por vários genes, sendo um gene maior, com vários modificadores (STUBER *et al.*, 1999). O melhoramento convencional pode ser acelerado por identificação direta e manipulação de locos que controlam características quantitativas (QTLs) usando um sistema baseado em marcadores moleculares co-segregando com o caráter de interesse (CRISTOFANI *et al.*, 1999).

Os marcadores moleculares constituem uma eficiente ferramenta para a seleção indireta no melhoramento de plantas e vêm sendo utilizados na introgressão de características monogênicas, como resistência a doenças (SINGH *et al.*, 2001). Para caracteres poligênicos, vários QTLs estão sendo mapeados e seus efeitos individuais estimados (KEARSEY;

FARQUHAR, 1998). O grande potencial do uso de marcadores moleculares no melhoramento reside no fato deles serem praticamente ilimitados em número, de fácil detecção e se comportarem como “caracteres” de herança simples e previsível, não sendo afetados pelo meio, podendo auxiliar o melhorista na seleção de genótipos desejáveis (ALZATE-MARIN *et al.*, 2005).

Os marcadores podem ser utilizados em estádios iniciais (plântula), para a seleção de indivíduos com combinações favoráveis para vários caracteres de interesse econômico. A seleção assistida por marcadores é particularmente promissora no melhoramento de fruteiras, devido ao longo período de juvenilidade destas espécies, que é um dos maiores gargalos no programa de melhoramento convencional, pois à progênie resultante de um cruzamento precisa ser avaliada por um longo período de tempo (KENIS *et al.*, 2008).

Deve-se ressaltar que uma análise de QTL inicia-se com a construção de um mapa genético de ligação com densidade de marcadores moleculares suficiente para uma adequada cobertura do genoma, é a base para estudos genéticos avançados, permitindo melhor entendimento da herança, identificação e isolamento de genes (KENIS; KEULEMANS, 2005). Mapas genéticos para a cultura do cajueiro foram desenvolvidos por Cavalcanti e Wilkinson (2007), utilizando uma população F_1 com 85 indivíduos do cruzamento entre CCP 1001 e CP 96. Estes mapas proporcionaram uma plataforma para identificação de QTLs associados a características quantitativas de importância econômica.

Neste sentido, objetivou-se com o presente estudo avaliar o desempenho dos clones da geração F_1 entre CCP 1001 (cajueiro anão precoce) e CP 96 (cajueiro comum), estimar parâmetros genéticos, visando contribuir para o aumento do conhecimento da base genética das características altura de planta, diâmetro de copa, resistência a antracnose e mofo-preto, número de flores hermafroditas, peso da castanha e produtividade; identificar QTLs relacionados a esses caracteres para uma possível aplicação na seleção assistida por marcadores em programas de melhoramento genético do cajueiro.

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 da castanha (fruto) (BARROS; CRISÓSTOMO, 1995). Na produção e exploração comercial da castanha de caju, destacam-se como os principais produtores mundiais, Vietnã, Nigéria, Índia e Costa do Marfim. Juntos estes países foram responsáveis por 76% da produção mundial em 2010, de acordo com dados estatísticos da FAO (2012) (Tabela 1). No mesmo ano, a produção brasileira de castanha de caju caiu de 220.505 t (2009) para 102.002 t (2010), fato associado a condições climáticas desfavoráveis (baixa pluviosidade), contribuindo para queda do Brasil na classificação dos maiores produtores mundiais, passando a ocupar a sétima colocação, sendo ultrapassado por Indonésia (5°) e Filipinas (6°).

Tabela 1. Produção mundial de castanha de caju (em toneladas) por ano no período entre 2006 e 2010.

Países	Anos				
	2006	2007	2008	2009	2010
Vietnã	1.092.400	1.249.600	1.234.000	958.000	1.159.600
Índia	573.000	620.000	665.000	695.000	613.000
Nigéria	636.000	660.000	727.603	580.761	594.000
Costa do Marfim	235.000	280.000	330.000	350.000	370.000
Indonésia	149.226	146.148	156.652	145.000	174.300
Filipinas	113.071	112.558	112.334	111.993	134.681
Brasil	243.770	140.675	243.253	220.505	102.002
Guiné-Bissau	95.000	98.000	81.000	64.653	91.100
Tanzânia	88.000	92.600	99.100	74.169	80.000
Benin	55.000	60.000	62.000	49.487	69.700
Moçambique	62.821	74.395	85.000	64.000	67.200
Outros	180.873	156.423	132.227	123.739	130.224
Mundo	3.524.161	3.690.399	3.928.169	3.437.307	3.585.807

Fonte: FAO (2012).

A cadeia produtiva do caju gera emprego e renda 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). 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 97,26% (101.478 t) da produção nacional de castanha de caju em 2010 (IBGE, 2012). Assim, a expressão econômica do cultivo restringe-se a esta Região, destacando-se os estados do Ceará com 37,95% (39.596 t), Rio Grande do Norte com 25,49% (26.601 t) e Piauí com 13,98% (14.591 t) da produção nacional de castanha.

Como os Estados mencionados são os mais afetados pelas alterações climáticas periódicas (secas) que ocorrem na região, podemos inferir sobre a ampla adaptabilidade da espécie a região. Além disso, há uma expectativa com relação ao sucesso do cajueiro no semiárido, 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 agroindústria do caju, no Nordeste brasileiro, tem relevante importância socioeconômica, mobilizando anualmente cerca de 280 mil pessoas no campo. A matéria prima castanha alimenta um parque industrial responsável pela obtenção da amêndoa de castanha de caju, destinada, na sua maioria, para exportação (OLIVEIRA; ANDRADE, 2007). A cajucultura garante renda para mais de 150 mil pessoas no estado do Ceará. A importância socioeconômica da cajucultura é reforçada pela geração de empregos no campo, sobretudo, para o semiárido nordestino, pois a colheita é realizada na entressafra dos cultivos tradicionais como milho e feijão, o que reduz a sazonalidade de mão-de-obra rural, reduzindo, assim, o êxodo rural (FRANÇA, 1988; MAIA *et al.*, 2004).

A ocupação de mão-de-obra varia durante o ano em função das práticas culturais, ocorrendo um pico na fase de colheita. São registradas também oportunidades de utilização da mão-de-obra em países que industrializam a castanha de caju, como é o caso do Brasil e da Índia, o que amplia o número de postos de trabalho. No caso do Brasil, são gerados empregos, também, no processamento do pedúnculo, com uma elevada variedade de produtos como: bebidas (sucos, cajuína, néctares, polpas, aguardente, etc.), doces e ração animal (LEITE; PESSOA, 2002; OLIVEIRA, 2002).

Em 2011, as exportações do Ceará apresentaram resultado acima do esperado pelo setor (US\$ 1,4 bilhão), maior valor dos últimos dez anos. Conforme estudo elaborado com base em dados do Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior (MDIC), os cinco principais setores exportadores do Estado são: calçados com US\$ 365,9 milhões;

castanha de caju com US\$ 190,5 milhões; couros com US\$ 184,1 milhões; fruticultura com US\$ 102,5 milhões; e têxteis com US\$ 86,9 milhões. Juntos, esses setores respondem por 66,3% do total exportado pelo Ceará em 2011 (FIEC, 2012). Estes resultados destacam a importância da cajucultura na balança comercial do Ceará, perdendo apenas para o setor de calçados.

A amêndoa é o principal produto resultante da cajucultura, mas existe consenso de que a viabilidade da cajucultura, especialmente para o setor produtivo, exige o melhor aproveitamento do pedúnculo, sendo o mercado de frutas de mesa, uma nova e promissora opção. Neste contexto, a frequência do produto no mercado é um fator preponderante, principalmente na fase de expansão em que se encontra o cultivo irrigado (BARROS *et al.*, 2002a).

2.2. O cajueiro

O cajueiro (*Anacardium occidentale* L.) 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 comportamento do cajueiro é bastante variável no Nordeste do Brasil, onde apresenta elevada variabilidade genética, ocorrendo grande diversidade de tipos morfológicos com diferentes hábitos de crescimento e capacidade produtiva. A biologia floral, favorecendo a polinização cruzada e a multiplicação por sementes, foram fatores determinantes desta variabilidade (PARENTE *et al.*, 1991).

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 *A. 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, *A. 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>
39a Ordem	<i>Sapindales</i>
Família	<i>Anacardiaceae</i>
Gênero	<i>Anacardium</i>

No gênero *Anacardium*, das 21 espécies descritas pela taxonomia, apenas três não ocorrem no Brasil: *A. excelsum*, árvore tropical explorada como madeira é amplamente distribuída do norte da América do Sul e na América Central até a Costa Rica; *A. rhinocarpus* DC, encontrada na Colômbia, Venezuela e Panamá; e *A. encardium*, identificada como oriunda da Malásia. A espécie *A. occidentale* L. é a única do gênero que é cultivada, além de ser, também, a de maior dispersão (CAVALCANTI *et al.*, 1999).

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. 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.*, 2002a).

O porte da planta é um caráter da maior importância, tendo em vista a facilidade de colheita, manejo e aumento da produtividade devido à maior densidade de plantas por hectare. O cajueiro comum apresenta porte elevado, enquanto o tipo anão precoce caracteriza-se pelo porte baixo, copa homogênea, diâmetro do caule e da copa bem inferiores ao do tipo comum. O porte reduzido já foi incorporado nos clones comerciais de cajueiro com o emprego de germoplasma do tipo anão precoce (BARROS *et al.*, 2002b). No melhoramento do cajueiro anão precoce tem-se buscado a seleção de clones com porte e conformação de copa à semelhança do clone CCP 76, cuja densidade por hectare varia de 204 a 208 plantas, nos espaçamentos de 7 m x 7 m ou 8 m x 6 m, respectivamente (PAIVA *et al.*, 2008).

O estudo da biologia floral do cajueiro é importante, especialmente no que se refere aos aspectos botânicos e de melhoramento genético (SOUSA *et al.*, 2007). 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 e do ambiente. 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). O baixo percentual de flores hermafroditas por panícula foi apontado por Vieira *et al.* (2005) como o principal fator da reduzida produção de frutos no cajueiro, ocorrendo dispêndio de energia com a produção de pólen e baixa eficiência reprodutiva. Neste sentido, o melhoramento desta espécie deve buscar a seleção de clones com alta frequência de flores hermafroditas/panícula e com isso aumentar o potencial produtivo dos clones de cajueiro.

A frutificação ocorre na periferia da copa e é influenciada pela intensidade de luz que alcança as flores, conforme descrito por Crisóstomo *et al.* (1992), que observaram, em estudo realizado no Campo Experimental de Pacajus, que 30,9% da produção do cajueiro ocorre do lado oeste (SW/NW), 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, simplesmente, 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. O peso do pedúnculo também é muito variável, indo de 15 a pouco mais de 500 g (BARROS *et al.*, 1984; BARROS, 1988b).

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 cultivo, 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).

A antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*) é, presentemente, a mais importante doença do cajueiro no Brasil. Esta doença pode ser observada causando prejuízos em pomares subespontâneos e diversificados geneticamente e em campos cultivados sob sistema de manejo mais técnico, onde são utilizados clones melhorados, bastando apenas que as condições climáticas sejam favoráveis e o hospedeiro encontre-se na fase de vulnerabilidade fenológica. Perdas de 40% do valor total da produção já foram registradas (PONTE, 1984). Os sintomas da antracnose podem ser observados em toda a parte aérea da planta, entretanto, os sintomas característicos manifestam-se, mais comumente, nas folhas jovens, como manchas necróticas e de coloração parda, tornando-se escuras à medida que as folhas envelhecem. Quando os sintomas são severos, toda a folhagem torna-se retorcida e deformada, assemelhando-se à queima (FREIRE; CARDOSO, 2003).

O mofo-preto (*Pilgeriella anacardii*) do cajueiro é uma doença de importância crescente no litoral nordestino, principalmente com a expansão da área cultivada com o cajueiro anão, notadamente mais susceptível que o cajueiro comum. A doença ocorre a partir do início do período chuvoso e atinge o pico exatamente ao término do mesmo, coincidindo com o início do lançamento das inflorescências do cajueiro. Os prejuízos causados por esta doença decorrem da redução da fotossíntese, devido à inibição das trocas gasosas pela obstrução dos estômatos, da queda prematura das folhas e drenagem de nutrientes para suprir o vigoroso crescimento e esporulação do patógeno (CARDOSO *et al.*, 1996). Os sintomas da doença são caracterizados pelo crescimento de estruturas do fungo (micélio e conídios) na

face inferior das folhas, na forma de colônias radiais, as quais, após coalescerem, assumem uma forma feltrosa, de coloração marrom-escura (CARDOSO *et al.*, 2005).

2.3. Parâmetros genéticos

O conhecimento sobre a natureza e intensidade das variações de origem genética e ambiental é indispensável para que as ações de melhoramento sejam realizadas de forma eficiente (DIAS *et al.*, 2011). As estimativas de parâmetros genéticos permitem conhecer a estrutura genética da população, a inferência da variabilidade genética presente na população e proporcionam subsídios para predizer os ganhos genéticos e o possível sucesso no programa de melhoramento. Essas estimativas também são importantes na redefinição dos métodos de melhoramento a serem utilizados, na identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos, na definição com eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos com a manutenção da base genética adequada na população (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Em programas de melhoramento genético, ao selecionar um genótipo, espera-se que sua superioridade perdure durante toda a sua vida (CAVALCANTE *et al.*, 2012). Parâmetros genéticos e fenotípicos podem auxiliar o direcionamento da seleção, destacando-se as variâncias genéticas e fenotípicas, as herdabilidades e os progressos genéticos esperados. Quanto à herdabilidade, é fundamental que seja a mais real possível, devido à sua importância na predição de ganhos genéticos de um caráter. Essa veracidade, por sua vez, depende do controle experimental, do local e número de anos de experimentação, da característica avaliada, do método de estimação e da natureza da unidade de seleção (FERRÃO *et al.*, 2008).

Para se obter estimativas precisas dos componentes de variância, é necessário que os dados fenotípicos provenham de experimentos apresentem elevada acurácia seletiva. Esse parâmetro quantifica a qualidade dos experimentos e se refere à correlação entre o valor genotípico real do efeito de tratamento e aquele estimado ou predito com base nas informações dos experimentos (RESENDE; DUARTE, 2007).

Segundo Ferrão *et al.* (2008), os coeficientes de variação ambiental (C_{Ve}) mais elevados em espécies perenes podem estar associados a causas como longo ciclo da cultura, respostas diferenciadas dos genótipos aos estresses de altas temperaturas e seca, respostas diferenciadas dos clones a incidências de pragas e doenças. Uma solução teórica para os altos

valores de CVe seria o uso de um número maior de repetições, aumentando a precisão experimental, que poderá causar a redução no CVe.

O coeficiente de variação genética (CVg), que expressa em percentagem da média geral a quantidade de variação genética existente, é um parâmetro relevante nos estudos de genética quantitativa, uma vez que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente nas populações e em diferentes caracteres. Suas estimativas permitem comparar níveis de variabilidade presentes em diferentes populações, ambientes e caracteres (RESENDE, 2002).

A variância genética (σ_g^2) é considerada um dos mais importantes parâmetros para quantificar o potencial de melhoramento e os méritos das estratégias de seleção utilizadas para modificar a frequência de alelos favoráveis (LAVIOLA *et al.*, 2010). Quanto maior sua magnitude, mais heterogêneos são os genótipos avaliados e maior a possibilidade de selecionar materiais genéticos superiores, visando ao seu uso como genitores (FERRÃO *et al.*, 2008).

A razão CVg/CVe pode ser empregada como um índice indicativo do grau da facilidade de seleção dos clones para cada caráter. Quando a razão estimada for igual ou maior que 1,0 têm-se uma situação muito favorável para o processo de seleção, ou seja, a variação genética disponível é a maior responsável pelos valores de CV estimados dos experimentos (YOKOMIZO; FARIAS NETO, 2003).

A herdabilidade diz respeito à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres e indica, portanto, o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinados caracteres. Caracteres com baixa herdabilidade demandarão métodos de seleção mais elaborados e melhores condições experimentais do que aqueles com herdabilidade alta. Na maioria dos casos, a herdabilidade no sentido restrito é a mais importante para o melhorista, entretanto, a estimativa de herdabilidade no sentido amplo tem grande importância quando se trata de plantas de propagação vegetativa, como o cajueiro, isto porque, nesse caso o genótipo é herdado integralmente, capitalizando-se os efeitos aditivos e de dominância (RESENDE, 2002).

O número de avaliações dos caracteres depende das condições edafoclimáticas, do objetivo do trabalho e do conjunto de genótipos avaliados, pois a herdabilidade não é apenas propriedade de caráter, mas também do material genético trabalhado e das condições ambientais a que foram submetidos os tratamentos. Pode-se inferir que o valor de herdabilidade de uma característica não é imutável, podendo ser aumentado pela introdução

de maior variação genética ou pelo maior controle do erro experimental (RAMALHO *et al.*, 1993).

Cardoso *et al.* (1999), avaliaram a resistência de 30 clones de cajueiro anão à antracnose, mofo-preto e mancha angular, três das principais doenças desta cultura e observaram que os clones apresentaram variabilidade genética com valores de 0,0169 para antracnose, 0,0213 para mofo-preto e 0,006 para mancha angular. Os valores de CVe variaram entre 4,60% (mancha angular) e 7,82% (antracnose), indicando boa precisão experimental. Os CVg variaram entre 1,68% (mancha angular) e 10,68% (antracnose), sendo considerado baixo para mancha angular e moderado para mofo-preto e antracnose. Para a razão CVg/CVe, todos os resultados foram maiores que 1,0 variando entre 1,34 (mancha angular) e 2,40 (mofo-preto), indicando grande potencial de seleção para resistência nos clones de cajueiro estudados.

Cavalcanti *et al.* (2007), avaliando o controle genético de caracteres quantitativos em cajueiro, observaram altos valores de herdabilidade para altura de planta (0,86 a 0,89), diâmetro de copa (0,66 a 0,85) e peso da castanha (0,77 a 0,86). Segundo os autores estes resultados indicam a presença de um pequeno número de genes controlando estas características e/ou um pequeno efeito ambiental nos caracteres.

Costa *et al.* (2008), estudando parâmetros genéticos para os caracteres altura e diâmetro em progênies de seringueira, obtiveram coeficientes de variação experimental de 13,74% para altura e 16,97% para diâmetro, considerados de baixa magnitude para os respectivos caracteres. Nos coeficientes de variação genética individual, que expressam em percentagem da média geral a quantidade de variação genética existente, os autores observaram valores moderados para os caracteres diâmetro e altura (16,42% e 11,35%, respectivamente). Infere-se com estes resultados que a população pode ser considerada apropriada para a realização de melhoramento genético. Em outros termos, ganho genético é esperado aplicando-se procedimento adequado de seleção.

Paiva *et al.* (2002b), estimaram parâmetros genéticos em 64 progênies de aceroleira e observaram que os coeficientes de variação experimental mantiveram-se em níveis aceitáveis para experimentação com acerola, exceção feita à produção de frutos com 28,4% que, aparentemente, apesar de alto, é normal na avaliação desta característica. Os valores de variância genética variaram entre 0,01 a 0,03 para altura de planta, e entre 0,02 e 0,11 para diâmetro de copa. Já os coeficientes de herdabilidades foram considerados de baixa a média magnitude, com variação de 0,27 no caráter diâmetro de copa a 0,63 para altura de

planta. Pelas estimativas dos coeficientes de herdabilidade e dos componentes de variância genética, os autores concluíram que a população era favorável à seleção de plantas mais vigorosas e produtivas.

Ferrão *et al.* (2008), avaliaram parâmetros genéticos em café Conilon e observaram diferenças de comportamento quanto à variabilidade genotípica (σ_g^2) nas diferentes localidades, anos e características. A herdabilidade para o caráter produtividade foi superior a 83%. Segundo os autores as elevadas estimativas de herdabilidade, são um indicativo da confiabilidade no que se refere a como os valores fenotípicos representam os valores genotípicos dos materiais genéticos estudados. Além disso, os valores elevados observados são devido à alta variabilidade genética do material estudado e das boas condições experimentais.

Yokomizo e Farias Neto (2003), avaliaram progênies de pupunheira (*Bactris gasipaes*) para altura, diâmetro e produção de palmito aos 15 (corte 1), 26 (corte 2) e 37 (corte 3) meses pós-plantio. Segundo os autores, o coeficiente de variação genética (CVg) foi baixo. As progênies foram obtidas de populações já melhoradas por instituições de pesquisa, reduzindo a variabilidade genética que existe comparativamente em populações naturais. Apesar deste fato, as progênies apresentaram variabilidade genética disponível para seleção, com valores de 0,005 para altura de planta, 0,062 para diâmetro de planta e 446,35 para produção de palmito. Para a razão CVg/CVe, todos os resultados foram menores que 1,0 (0,35 e 0,36), indicando que o processo de seleção deverá ser realizado empregando-se procedimentos estatístico-genéticos com sensibilidade suficiente.

2.4. Mapeamento genético

Um mapa de ligação constitui-se em uma representação linear de um grupo de marcadores genéticos em grupos de ligação, indicando a ordenação dos locos nos cromossomos, bem como as distâncias relativas entre eles, sejam tais locos associados a genes ou não. Os marcadores podem ser genes com funções definidas, regiões cromossômicas ou fragmentos de DNA identificados por alguma técnica específica (MORAES, 2005). Deve-se ressaltar que uma análise de QTL (*Quantitative Trait Loci*) 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). Os 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).

Qualquer genoma possui diversas formas alélicas ou polimorfismos, que podem ser empregadas como marcadores genéticos. Essas variações podem ser fenotípicas, oriundas de proteínas ou de fragmentos de DNA. Os marcadores fenotípicos, isoenzimáticos ou bioquímicos correspondem ao produto de expressão de um ou mais genes e podem ser influenciados pelo ambiente e por outros genes. Já os marcadores moleculares detectam o polimorfismo diretamente no nível de DNA e, portanto, não são influenciados pelo ambiente ou por outros genes. Seu número é virtualmente ilimitado, e usualmente são seletivamente neutros e desprovidos de efeito epistático ou pleiotrópico (SOUZA, 2001).

Dentre as várias aplicações dos marcadores moleculares, destacam-se estudos de diversidade genética (WOUW *et al.*, 2010), construção de mapas de ligação (SEMAGN *et al.*, 2006), mapeamento de QTLs (MACKAY, 2001) e seleção assistida por marcadores (DEKKERS; HOSPITAL, 2002). Esses estudos fornecem informações detalhadas a respeito da organização genômica e contribuem marcadamente para a compreensão da arquitetura genética de diversos caracteres em várias espécies vegetais (SCHLÖTTERER, 2004).

A grande maioria das metodologias estatísticas desenvolvidas para construção de mapas genéticos é voltada para populações segregantes de espécies diplóides e oriundas de populações F_2 , retrocruzamentos, linhagens endogâmicas recombinantes e linhagens duplo-haploides. A utilização de linhagens homozigóticas 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. Consequentemente, a capacidade de se detectar a ligação entre 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 (DETTORI *et al.*, 2001; MOREIRA, 2004).

Para muitas espécies vegetais é difícil obter linhagens endogâmicas, como é o caso das florestais e frutíferas como o cajueiro, devido ao longo intervalo entre gerações, à forte depressão por endogamia ou à complexidade do genoma. Neste caso, as análises só podem ser realizadas em populações F_1 , isto é, progênies de irmãos completos oriundas do

cruzamento de dois indivíduos não endogâmicos (WU *et al.*, 2002). Uma alternativa comumente utilizada para construir mapas nessas populações é a estratégia do *pseudo-testcross*, que permite a construção de mapas de ligação com base na geração F₁ obtida pelo cruzamento de genitores altamente heterozigotos. Essa estratégia fornece dois mapas de ligação, sendo que em cada um deles há marcadores segregando exclusivamente para um determinado genitor, uma vez que o outro genitor apresenta alelos fixados para os mesmos locos (GRATTAPAGLIA; SEDEROFF, 1994). Neste caso, a fase de ligação não é conhecida *a priori*, mas inferida *a posteriori* com base na segregação da progênie.

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) por meio 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). 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 $n =$

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 Cavalcanti e Wilkinson (2007), a adição de novos marcadores ao mapa é necessária para que o número de grupos de ligação represente o verdadeiro número de cromossomos do genoma. No entanto, estes mapas podem ser utilizados como ponto de partida para futuros estudos genéticos da espécie. Estes mapas representam uma plataforma para identificação de locos que controlam características de importância econômica no cajueiro (CAVALCANTI, 2004; SANTOS *et al.*, 2010; SANTOS *et al.*, 2011; CAVALCANTI *et al.*, 2012). O próximo estágio neste processo deve ser o desenvolvimento de um mapa mais saturado com mais marcadores codominantes para aumentar o poder da análise de QTLs e fornecer mais informações para a seleção assistida por marcadores no melhoramento da espécie.

2.5. Mapeamento de QTLs

A análise de QTL corresponde à procura de associações entre o caráter quantitativo e os alelos dos marcadores segregando na população. De modo análogo às metodologias clássicas de mapeamento genético, o princípio básico que fundamenta as análises de mapeamento dos QTL é a existência de desequilíbrio gamético de ligação decorrente da redução da frequência de recombinação entre genes situados em regiões próximas entre si ao longo de determinado cromossomo (COELHO, 2000). Sem esse pré-requisito, os alelos dos locos marcadores e dos QTLs ocorrerão em combinações equivalentes à distribuição independente, fazendo com que os QTLs não sejam detectados. Este desequilíbrio gera efeitos quantitativos associados ao marcador, que podem ser detectados e estimados por meio de análises estatísticas adequadas (MORAES, 2005). 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 (LANDE; THOMPSON, 1990; UKRAINETZ *et al.*, 2008).

A grande maioria das características herdáveis de importância econômica são quantitativas. 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 e sofrendo uma grande influência ambiental (TANKSLEY, 1993). 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). Em qualquer delineamento experimental, o poder de detecção de um QTL será tanto maior quanto maior for o número de marcadores disponíveis e de indivíduos genotipados e avaliados para os caracteres quantitativos (LANDER; BOTSTEIN, 1989).

Somente pela análise da segregação conjunta de genótipos marcadores e valores fenotípicos de indivíduos ou linhagens é possível detectar e mapear QTL. 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 ideia de se utilizar um marcador genético para localizar um loco que participa do controle da expressão de um caráter quantitativo não é nova. Trabalhos pioneiros nesse sentido foram realizados, por exemplo, por Sax (1923) e Thoday (1961). Porém, só recentemente é que a disponibilidade de marcadores de DNA e poderosos métodos biométricos fizeram com que o mapeamento de QTL tivesse um enorme progresso (ASINS, 2002).

O mapeamento de QTLs possibilita identificar o modo de ação gênica (aditividade, dominância, heterose e epistasia), 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). Outra aplicação relaciona-se a um melhor entendimento da interação genótipos x ambientes. Com os QTL mapeados, é possível determinar as causas dessa interação, verificando individualmente quais são os QTL mais estáveis (ou instáveis), e quais ambientes são mais favoráveis à seleção. De posse dessas informações, além de haver um melhor entendimento da interação, é possível construir métodos de seleção que explorem o genótipo dos QTL, pois atualmente a seleção é baseada apenas em medidas fenotípicas (MORAES, 2005), que representam o efeito conjunto de todos os genes interagindo com o ambiente (DEKKERS; HOSPITAL, 2002).

De acordo com Staub *et al.* (1996), a possível associação entre o marcador e o QTL pode ser avaliada utilizando-se um, dois ou mais marcadores simultaneamente. 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. Este método consiste na comparação estatística do valor médio do caráter para as distintas classes genótípicas do marcador. Um resultado significativo denotaria a existência de ligação entre o marcador e um QTL do caráter em questão, embora os efeitos do QTL e sua distância do marcador não possam ser estimados com precisão nesse caso. Assim, cada teste de associação caráter-marcador é realizado independente da informação dos outros locos marcadores. Para um cromossomo com n marcas, n testes são realizados (LYNCH; WALSH, 1998). Quando o delineamento experimental apresenta somente duas classes genótípicas, como no caso de retrocruzamentos, a comparação entre eles pode ser realizada por meio 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 genótípicas, 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 que 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, podendo um QTL 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).

Lander e Botstein (1989) propuseram um método de mapeamento utilizando o princípio da máxima verossimilhança para verificar a possível presença de um QTL na região entre um par de marcas adjacentes em um grupo de ligação. Assim, em um intervalo, várias posições são testadas para a presença de um QTL. Os resultados dos testes são expressos em LOD scores, os quais comparam a função de verossimilhança da hipótese de nulidade

(ausência de QTL) com a hipótese alternativa (QTL na posição sendo testada). Esta metodologia, denominada de mapeamento por intervalo (*Interval Mapping* - IM), possui maior poder de detecção e maior precisão na estimativa dos parâmetros associados ao QTL do que a análise de marcas individuais. Suas vantagens, frente à análise de marcas simples, são mais pronunciadas quando se dispõe de marcadores espaçados de 20 a 35 cM (TANKSLEY, 1993). Condição em que é provável a ocorrência de recombinação entre o loco marcador e o QTL, sendo este efeito compensado na análise por intervalo. No entanto, ressalta o autor que em intervalos inferiores a 20 cM, as estimativas feitas por intervalo são semelhantes às de marcas individuais, e também que, com distâncias superiores a 35 cM, mesmo a análise por intervalo é imprecisa na detecção de um QTL.

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. O mapeamento de intervalos sofre um problema de resolução quando dois QTLs estão ligados próximos no mesmo cromossomo. Neste caso, a posição e magnitude dos efeitos não podem ser estimados corretamente (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Visando corrigir os problemas do mapeamento de intervalo, Jansen (1993), Jansen (1994) e Jansen e Stam (1994) desenvolveram o mapeamento de QTLs múltiplos (*MQM mapping*). Este método é uma extensão do mapeamento de intervalo baseado no modelo de QTLs múltiplos, que testa a hipótese da presença de mais de um QTL segregando simultaneamente no mesmo cromossomo. O método 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.

2.6. Melhoramento assistido por marcadores

Uma vez detectados os marcadores ligados a uma determinada característica de interesse, é possível selecionar os indivíduos com base no fenótipo do marcador, sem a necessidade de avaliar o fenótipo da característica. Essa abordagem é conhecida como seleção assistida por marcadores (SAM). É importante, principalmente, nos casos em que a característica de interesse é de avaliação difícil e cara, nos estudos de espécies perenes de ciclo longo, e para características fenotípicas de herdabilidade baixa, o que pode significar redução no tempo e nos custos de programas de melhoramento (HEMMAT *et al.*, 1994; SOUZA, 2001; CARNEIRO; VIEIRA, 2002).

A seleção assistida por marcadores é uma metodologia que foi desenvolvida com o avanço da Genética Molecular, que veio somar-se a outros procedimentos utilizados para facilitar o processo de melhoramento e que, apesar do seu caráter inovador, não contraria os princípios genéticos já estabelecidos (ALZATE-MARIN *et al.*, 2005). A perspectiva é tornar mais eficiente a seleção precoce, e com isso aumentar o ganho genético por unidade de tempo. Nesse 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 mapeamento genético de muitas características de interesse agrônômico tem sido grandemente beneficiado com o advento dos marcadores moleculares permitindo selecionar genótipos superiores para vários caracteres num curto espaço de tempo (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Atualmente, com a grande disponibilidade de informação molecular, é fácil constatar que os diferentes poligenes apresentam uma magnitude de efeitos desiguais para a maioria dos caracteres. A proporção cumulativa explicada pelos vários QTLs detectados experimentalmente tem variado de 30% até 70%, dependendo de uma série de fatores, tais como o cruzamento analisado, a característica avaliada, o delineamento experimental e a resolução do mapa, em termos de número de marcadores. Os valores observados do coeficiente de determinação (R^2), para QTL individuais sugerem que os caracteres quantitativos são controlados por poucos locos com grande efeito e por muitos locos de pequeno efeito (BERNARDO, 2002).

O princípio básico da SAM está na procura de alelos 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).

Poucos estudos moleculares foram realizados no cajueiro e a maioria deles concentra-se em estudos 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). Nos últimos anos, QTLs associados a caracteres de importância econômica têm sido mapeados em várias espécies cultivadas, com em milho (XIA *et al.*, 1999), citrus (GARCÍA *et al.*, 2000), pinus (NEALE *et al.*, 2002), ervilha (TIMMERMAN-VAUGHAN *et al.*, 2002), arroz (HITTALMANI *et al.*, 2003), maçã (KENIS *et al.*, 2008), algodão (WANG *et al.*, 2007) e cevada (XUE *et al.*, 2009). Em cajueiro, diferentes QTLs associados à qualidade física e química do pedúnculo têm sido reportados (SANTOS *et al.*, 2010; SANTOS *et al.*, 2011). Pouca pesquisa tem sido realizada quanto à associação de QTLs à morfologia da planta, resistência às doenças e caracteres produtivos (CAVALCANTI, 2004; CAVALCANTI *et al.*, 2012).

QTLs frequentemente explicam entre 2 e 10% da variação fenotípica total para características associadas a produção. Já QTLs com efeitos maiores, ou seja, com $R^2 \geq 10\%$ raramente são descritos, especialmente quando os materiais segregantes são obtidos de acessos elite. A detecção de QTLs com efeitos maiores e estáveis é mais útil para a seleção assistida por marcadores que aqueles observados apenas em ambientes específicos, sendo um fator crítico quando o melhorista busca ampla adaptabilidade e estabilidade de produção (MACCAFERRI *et al.*, 2008).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Localização e caracterização da área experimental

Foram analisados dados de dois experimentos, conduzidos nos campos experimentais da Embrapa Agroindústria Tropical, localizados nos municípios de Pacajus e Paraipaba, Ceará. As avaliações foram realizadas nos anos de 2009, 2010 e 2011.

O Município de Pacajus localiza-se a 4°10' S e 38°27' W, com altitude de 60 m. O clima na região é predominantemente do tipo seco/subúmido (C2), segundo classificação climática de Thornthwaite. A precipitação pluvial média é 1.100 mm/ano, com regime caracterizado por chuvas de verão/outono. O solo da área experimental é Podzólico Vermelho-Amarelo Tb Eutrófico, A franco, com textura arenosa/média.

O Município de Paraipaba localiza-se a 3°26' S e a 39°08' W, com altitude de 31 m. A região possui tipo climático DdA'a', caracterizado como semiárido, com pequeno ou nenhum excesso hídrico e a concentração dos três meses de verão responsável por 25,9% da evapotranspiração potencial normal. A pluviosidade média anual é de 923,7 mm. O solo da área experimental é um Podzólico Vermelho-Amarelo distrófico, A fraco, textura arenosa, fase caatinga litorânea, relevo plano.

Em Pacajus, o experimento foi instalado em março de 2005, estando os clones (tratamentos) com quatro, cinco e seis anos quando foram avaliados. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com duas repetições e cada parcela foi composta por duas plantas. O espaçamento foi de 8 m x 6 m, com densidade de plantio de 208 plantas.ha⁻¹. Já em Paraipaba, o experimento foi instalado em fevereiro de 2007, estando os clones (tratamentos) com dois, três e quatro anos quando foram avaliados. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com duas repetições e cada parcela foi composta por duas plantas. O espaçamento foi de 6 m x 3 m, com densidade de plantio de 555 plantas.ha⁻¹. O espaçamento mais adensado foi utilizado com o intuito de aumentar a incidência de doenças. No entanto, em 2011, foi necessário realizar desbaste, deixando uma planta por parcela (espaçamento 6 m x 6 m) devido ao rápido crescimento do diâmetro de copa, em alguns clones, superar 3 m, dificultando o manejo e as avaliações dos tratamentos.

O manejo, a condução e os tratos culturais nos experimentos foram realizados de acordo com as necessidades e as recomendações técnicas para a cultura do cajueiro em condições de sequeiro (BARROS *et al.*, 1993).

A pluviosidade média anual variou entre 456,1 e 2051,3 mm, no período de condução do trabalho, compreendido entre janeiro de 2009 e dezembro de 2011 (FUNCEME, 2012). Todavia, a distribuição dessa precipitação foi irregular, onde valores $\geq 65\%$ do total de chuvas ocorrem entre os meses de janeiro e abril (Tabela 2). Além disso, em 2010 a precipitação foi inferior aos demais anos de avaliação, afetando de forma significativa a produtividade do cajueiro, como observado na Tabela 1.

Tabela 2. Médias mensais da precipitação pluvial (em mm), registrada durante a condução do experimento no período de janeiro de 2009 a dezembro de 2011 nos Campos Experimentais de Pacajus e Paraipaba.

Meses	Pacajus			Paraipaba		
	2009	2010	2011	2009	2010	2011
Janeiro	126,1	49,2	286,9	132,5	76,0	355,0
Fevereiro	219,9	24,8	187,5	243,2	22,0	181,0
Março	447,7	78,8	184,3	523,0	141,2	243,0
Abril	484,6	149,2	349,0	643,0	245,0	250,0
Maio	340,5	40,5	203,6	252,8	136,8	145,0
Junho	137,0	26,4	25,2	154,8	47,0	68,0
Julho	121,1	0,0	58,0	65,0	31,0	50,0
Agosto	38,9	0,0	21,6	35,0	0,0	17,0
Setembro	5,8	0,0	1,2	2,0	0,0	0,0
Outubro	0,0	6,0	61,4	0,0	0,0	14,0
Novembro	0,0	0,0	10,0	0,0	0,0	0,0
Dezembro	3,6	81,2	0,0	0,0	45,0	6,0
Total	1925,2	456,1	1388,7	2051,3	744,0	1329,0

Fonte: FUNCEME (2012).

3.2. Material genético

Foram estudados 84 clones de cajueiro (tratamentos), sendo 83 clones da geração F_1 e um clone-testemunha CCP 76, um dos clones de cajueiro anão precoce mais cultivados na região. O clone de cajueiro anão precoce CCP 1001 foi utilizado como genitor feminino e o genótipo de cajueiro comum CP 96 como genitor masculino. Os parentais foram selecionados visando prover o máximo de contraste nos caracteres altura de planta, peso da castanha e resistência ao mofo-preto (*Pilgeriella anacardium*). Os parentais possuem as seguintes características: CCP 1001 – anão (5,5 m), alta produção de castanha pequena e altamente susceptível ao mofo-preto. CP 96 – gigante (12 m), alta produção de castanha grande e resistente ao mofo-preto (CAVALCANTI; WILKINSON, 2007).

3.3. Características avaliadas

Foram avaliadas as características referentes ao porte da planta (altura e diâmetro de copa), às doenças (antracnose e mofo-preto), à floração (flores hermafroditas), e à produtividade, nos anos de 2009, 2010 e 2011. Já a característica peso da castanha foi avaliada nos anos de 2010 e 2011. A seguir são descritas as metodologias das análises realizadas para determinação dos caracteres estudados.

3.3.1. Altura de planta

Medida da altura, em metros, do nível do solo até a parte mais alta da planta, utilizando uma régua.

3.3.2. Diâmetro de copa

Medida da envergadura da copa, em metros, entre as extremidades dos maiores ramos no sentido Norte-Sul, utilizando uma trena.

3.3.3. Antracnose e mofo-preto

As doenças foram avaliadas utilizando-se o critério visual de notas, com base em uma escala descritiva de severidade de sintomas, variando de 0 a 4, sendo 0 = ausência de sintomas; 1 = presença de pequenas lesões (2 cm), cobrindo até 2% da área foliar avaliada; 2 = lesões maiores (> 2 cm), cobrindo até 5% da área foliar avaliada; 3 = lesões cobrindo de 5 a 25% da área foliar avaliada; e 4 = lesões grandes (> 4 cm), cobrindo mais que 25% da área foliar avaliada (CARDOSO *et al.*, 1999). As plantas foram avaliadas individualmente, observando-se toda a extensão da copa onde foi atribuída uma nota geral para a doença.

3.3.4. Flores hermafroditas

Coletou-se uma panícula por ponto cardeal e determinou-se o sexo das flores abertas. Obteve-se o número médio de flores hermafroditas por panícula em cada ponto cardeal e, posteriormente, a média por planta.

3.3.5. Peso da castanha

Determinado em balança semi-analítica (Mark 3100), com precisão de 0,01 g. Foram realizadas três pesagens de amostras compostas de vinte castanhas por clone.

3.3.6. Produtividade

Pesagem das castanhas de todas as plantas obtidas na parcela, corrigido para kg.ha^{-1} , considerando $204 \text{ plantas.ha}^{-1}$, ou seja, espaçamento $7 \text{ m} \times 7 \text{ m}$, atendendo recomendação de Crisóstomo *et al.* (2001).

3.4. Delineamento experimental

O experimento foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso com 84 tratamentos, sendo uma testemunha (CCP 76) e 83 clones da geração F_1 , duas repetições, duas plantas por parcela. Os valores das notas para antracnose e mofo-preto foram transformados para $\sqrt{x+0,5}$ e da característica produtividade para $\log x$ para atender a pressuposição de normalidade. Em seguida procedeu-se a análise de variância e estimação dos parâmetros genéticos utilizando o aplicativo computacional em genética e estatística - Genes (CRUZ, 2007).

As análises de variância foram realizadas pela avaliação em blocos ao acaso, com testemunha adicional. O esquema desta análise está ilustrado na Tabela 3, realizada de acordo com o seguinte modelo estatístico, citado por Cruz e Carneiro (2006):

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor observado no i -ésimo tratamento (genótipos F_1 's ou testemunha) no j -ésimo bloco;

μ : média geral do ensaio;

T_i : efeito do i -ésimo tratamento. Para $i = 1, 2, \dots, g$, tem-se o efeito aleatório dos genótipos F_1 's, e para $i = g + 1, g + 2, \dots, g + t$ tem-se o efeito fixo de testemunhas;

B_j : efeito do j -ésimo bloco;

ε_{ij} : efeito do erro aleatório.

Tabela 3. Esquema da análise de variância para ensaio com genótipos (G) e uma única testemunha (Te).

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Blocos	r - 1	SQB	QMB	$\sigma^2 + T\sigma_b^2$
Tratamentos	T - 1	SQT	QMT	
Genótipos (F ₁)	g - 1	SQG	QMG	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$
G versus Te	1	SQGr	QMGr	
Resíduo	(r - 1) (T - 1)	SQR	QMR	σ^2
Total	rT - 1	SQTo		

Os seguintes parâmetros genéticos e ambientais foram estimados:

a) variância fenotípica

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMG}{r}$$

b) variância ambiental

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QMR}{r}$$

c) variância genética entre genótipos F₁'s

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QMR}{r}$$

d) coeficiente de variação experimental

$$CV_e = \frac{100\sqrt{QMR}}{\hat{\mu}}$$

e) coeficiente de variação genética

$$CV_g = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\hat{\mu}_f}$$

f) herdabilidade

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{QMG/r}$$

Posteriormente, foi realizada a análise de variância conjunta 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 médias de dados. O teste de Scott-Knott foi escolhido por ser claro, objetivo e isento de ambiguidades (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 ambiguidade de resultados, o procedimento apropriado é o teste de Scott Knott (FERREIRA *et al.*, 1999). A análise de variância individual e teste de comparação de médias foram realizadas utilizando o aplicativo Genes (CRUZ, 2007). Já a análise de variância conjunta foi realizada utilizando o programa SAS (2000), usando *proc mixed*, onde a determinação do F foi obtida por uma composição de efeitos, considerando como efeitos aleatórios, além do erro, as fontes de variação bloco x ano(local) e bloco x trat(local).

3.5. Seleção de genótipos elite

Com base nos dados de crescimento das plantas, resistência às doenças, floração e produção de castanhas foi realizada a seleção dos clones utilizando o método em tandem. Segundo Resende (2002), no sistema em tandem, seleciona-se para determinado caráter até atingir o nível desejado e, em seguida para outros caracteres de interesse, dentre os indivíduos selecionados anteriormente. De acordo com Cruz e Regazzi (1997), o índice de classificação ou índice com base em soma de posto ranks consiste em classificar os materiais genotípicos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificados, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional tomada como índice de seleção.

A seleção com base no índice de classificação, metodologia de Mulamba e Mock (1978), foi realizada pela soma total dos ranks da análise conjunta de cada clone para os caracteres de altura de planta, diâmetro de copa, antracnose, mofo-preto, número de flores hermafroditas, peso da castanha e produtividade. Para altura de planta, diâmetro de copa, antracnose e mofo-preto a ordenação dos clones foi crescente, isto é, a seleção foi para clones com plantas mais baixas, menor envergadura de copa e menor severidade das doenças, enquanto que para o número de flores hermafroditas, peso de castanha e produtividade a ordenação foi decrescente, ou seja, a seleção foi para clones com maior número de flores hermafroditas, castanhas mais pesadas e clones mais produtivos.

3.6. Mapeamento QTL

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 por 85 indivíduos de uma progênie F_1 de irmãos-completos (Figuras 1 e 2). A população usada no presente estudo para análise de QTL foi composta por 83 das 85 plantas previamente mapeadas. A redução neste número de indivíduos foi devido à morte de plantas antes de serem clonadas. Os dados fenotípicos utilizados (altura de planta, diâmetro de copa, antracnose, mofo-preto, número de flores hermafroditas e peso da castanha) foram obtidos por meio das médias dos genótipos.

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*).

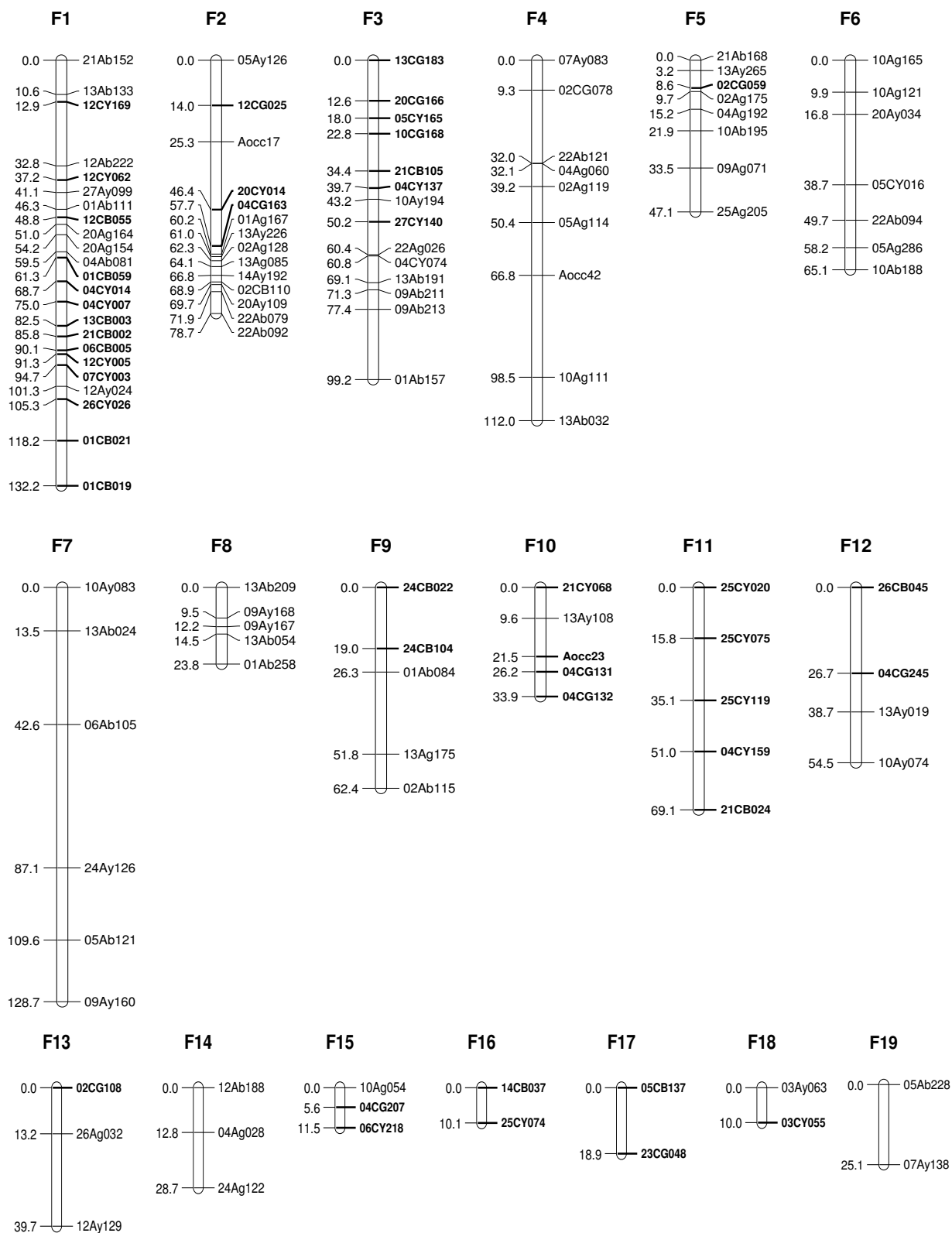


Figura 1. Mapa genético do genitor feminino CCP 1001. Na esquerda do grupo de ligação podemos observar a distância relativa entre os marcadores (cM) e na direita o respectivo marcador genético. Fonte: Cavalcanti e Wilkinson (2007).

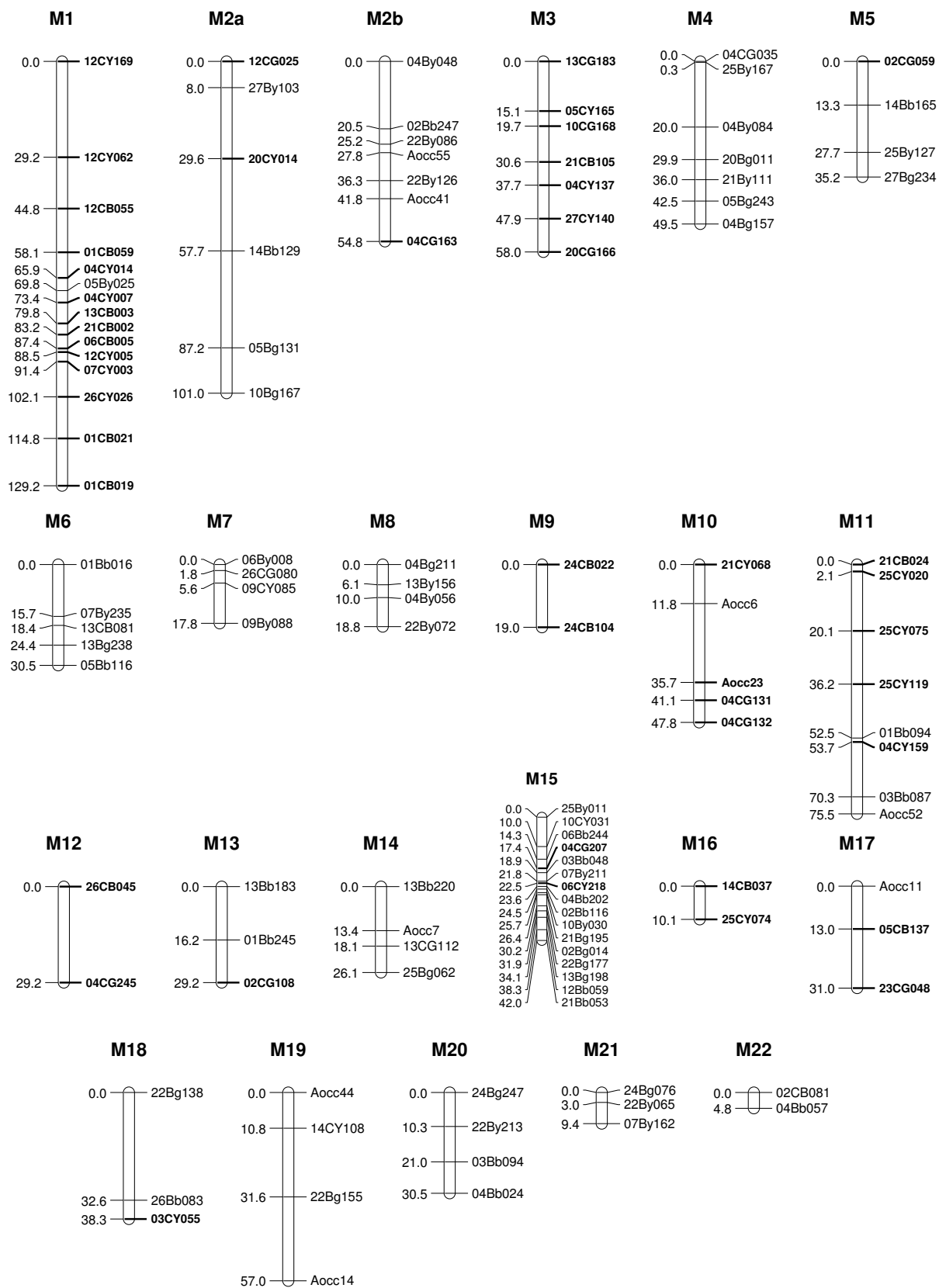


Figura 2. Mapa genético do genitor masculino CP 96. Na esquerda do grupo de ligação podemos observar a distância relativa entre os marcadores (cM) e na direita o respectivo marcador genético. Fonte: Cavalcanti e Wilkinson (2007).

Mapeamento não paramétrico (teste da soma dos rank de Kruskal-Wallis) foi usado para estimar a associação entre o marcador e um QTL, ou seja, 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 como recomendado por Van Ooijen (2004). Um LOD score crítico igual a 3,0 foi utilizado como padrão para identificação de QTLs candidatos. LOD score (logaritmo das probabilidades, na base 10) igual a 3,0 indica que a ocorrência de ligação entre um QTL e o marcador é 1000 vezes mais provável que a de segregação independente. A localização do QTL nos mapas genéticos dos genitores foi definida utilizando o software MapChart (VOORRIPS, 2002), com intervalos de confiança de 1,0 e 2,0 LOD score, correspondendo à probabilidade de 90 e 95%, respectivamente (VAN OOIJEN, 2004).

Para todos os QTLs detectados, a percentagem da variância fenotípica total explicada por um único QTL foi estimada usando regressão linear (R^2). 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 (BROMAN, 2001):

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

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. Altura de Planta

Foram observadas diferenças significativas ($p < 0,05$) entre tratamentos (clones) para todos os ambientes estudados. Estes resultados indicam que os clones da geração F_1 apresentam comportamento diferencial para o caráter altura de planta, o que é um indicativo favorável para a realização de melhoramento desta característica (Tabela 4), sugerindo a possibilidade de obtenção de sucesso na seleção visando alterar o caráter em questão. Também foram observadas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as médias dos clones da geração F_1 e a testemunha CCP 76, com exceção do ano de 2009, em ambos os locais (Pacajus e Paraipaba). No geral, a média da altura de planta na geração F_1 foi superior à testemunha, fato que pode ser explicado pelo vigor obtido por meio do cruzamento entre indivíduos contrastantes para este caráter, sendo o genitor feminino do tipo anão (CCP 1001) e o genitor masculino do tipo gigante (CP 96).

Os clones da geração F_1 apresentaram porte intermediário entre o cajueiro tipo comum e o tipo anão-precoce. A altura média desses clones, no terceiro ano de avaliação (2011), foi superior em mais de 70%, em relação, à média de altura do clone-testemunha CCP 76, que foi de 1,83 m em Pacajus e 2,35 m em Paraipaba (Tabela 4). Barros *et al.* (2000), avaliaram trinta clones de cajueiro incluindo quatro testemunhas (CCP 06, CCP 09, CCP 76 e CCP 1001) em regime de sequeiro entre abril de 1990 e fevereiro de 1997, no Campo Experimental de Pacajus, CE. Os autores observaram que os clones CAP 01, CAP 05 e CAP 12, apresentaram médias superiores em mais de 70% em relação à média das testemunhas (2,4 m), sendo considerados de porte intermediário entre os tipos comum e anão-precoce. Já a altura do clone CCP 76 variou entre 0,84 m (primeiro ano de avaliação) e 2,68 m (sexto ano de avaliação). Valores estes próximos ao observado no presente estudo, no qual a média do clone testemunha CCP 76 variou entre 1,10 m (2009 em Pacajus) e 2,35 (2011 em Paraipaba).

Tabela 4. Resumo das análises de variância para a característica altura de planta, referente a 83 clones da geração F₁ e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Fonte de variação	gl	Pacajus			Paraipaba		
		2009	2010	2011	2009	2010	2011
Quadrados médios							
Blocos	1	0,2680	1,0632	0,4578	0,0618	0,1299	0,0721
Tratamentos	83	0,3220 **	0,5562 *	0,7138 **	0,1429 **	0,3221 **	0,6493 **
Genótipos F ₁ 's (G)	82	0,3185 **	0,5282 *	0,6811 **	0,1413 **	0,3060 **	0,5884 **
G vs Testemunha	1	0,6092 ^{ns}	2,8447 **	3,4010 **	0,2779 ^{ns}	1,6608 **	5,7040 **
Resíduo	83	0,1889	0,3386	0,2710	0,0840	0,1437	0,2278
Média geral		1,65	2,86	3,12	1,70	2,96	4,03
Média genótipos F ₁ 's		1,66	2,87	3,14	1,70	2,97	4,05
Média testemunha		1,10	1,68	1,83	1,33	2,05	2,35
Valor mínimo		0,50	0,90	1,30	0,90	1,45	1,80
Valor máximo		3,10	4,65	5,25	2,85	4,10	5,39
DMS - Tukey (5%)		1,92	2,57	2,30	1,28	1,67	2,11

^{ns} não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Os coeficientes de variação experimental (CVe) estiveram dentro da faixa considerada aceitável para experimentação em culturas perenes. Dos CVe obtidos, 66,67% estavam entre 10 e 20%; 33,33% entre 20 e 30% (Tabela 5). Valores altos de coeficiente de variação, também, foram verificados em experimentos avaliando clones de cajueiro, com magnitudes entre 20 e 40% (PAIVA *et al.*, 2005; PAIVA *et al.*, 2007; PAIVA *et al.*, 2008). Segundo Ferrão *et al.* (2008), os CVe mais elevados em espécies perenes podem estar associados a causas como longo ciclo da cultura, respostas diferenciadas dos genótipos aos estresses de altas temperaturas e seca, respostas diferenciadas dos clones a incidências de pragas e doenças.

Tabela 5. Parâmetros genéticos para a característica altura de planta, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Parâmetros genéticos	Pacajus			Paraipaba		
	2009	2010	2011	2009	2010	2011
σ_f^2	0,1593	0,2641	0,3405	0,0706	0,1530	0,2942
σ_e^2	0,0945	0,1693	0,1355	0,0420	0,0719	0,1139
σ_g^2	0,0648	0,0948	0,2050	0,0286	0,0811	0,1803
h^2 (%)	40,69	35,90	60,21	40,52	53,03	61,29
CVg (%)	15,38	10,71	14,44	9,95	9,60	10,49
CVe (%)	26,36	20,34	16,68	17,10	12,83	11,85
CVg/CVe	0,58	0,53	0,87	0,58	0,75	0,89

σ_f^2 : variância fenotípica. σ_e^2 : variância ambiental. σ_g^2 : variância genotípica. h^2 : herdabilidade. CVg: coeficiente de variação genotípico. CVe: coeficiente de variação experimental.

Os coeficientes de variação genotípico (CVg), observados para o caráter altura de planta, apresentaram valores moderados, variando entre 9,60% e 15,38% (Tabela 5). Esses resultados são próximos aos obtidos por Azevedo *et al.* (1998) e Cavalcanti *et al.* (2007) e revelam que a população pode ser considerada apropriada para o programa de melhoramento genético. Em outros termos, ganho genético é esperado, aplicando-se procedimento adequado de seleção para redução da altura de planta.

Foram observadas diferenças de comportamentos quanto à variância genotípica (σ_g^2), com estimativas variando de 0,0286 a 0,2050 para altura de planta (Tabela 5). Paiva *et al.* (2002b), avaliando a variância genética aditiva em 64 progênies de acerola (*Malpighia emarginata*), observaram valores variando entre 0,01 e 0,03 para altura de planta. Laviola *et al.* (2010), objetivando estimar parâmetros genéticos e a variabilidade entre 110 acessos (famílias de meios-irmãos) de pinhão-manso (*Jatropha curcas*) no estágio inicial de

desenvolvimento, observaram variância genética aditiva de 0,013 para altura de planta, mostrando a existência de variabilidade genética no banco de germoplasma de pinhão-manso. Resultados semelhantes aos obtidos para altura de planta em cajueiro.

A razão CVg/CVe, para o caráter altura de planta variou entre 0,53 e 0,89 (Tabela 5), indicando que o processo de seleção desta característica deverá ser realizado de maneira criteriosa. Yokomizo e Farias Neto (2003), objetivando estimar parâmetros genéticos associados a 31 progênies de meios-irmãos de pupunheiras (*Bactris gasipaes*), observaram valores de 0,35 para a relação CVg/CVe no caráter altura de planta. Segundo os autores, uma solução teórica para os baixos valores na relação CVg/CVe seria o uso de um número maior de repetições, aumentando a precisão experimental, que poderá causar a redução no CVe, e com isso a relação CVg/CVe poderá aumentar. Laviola *et al.* (2010), avaliando parâmetros genéticos associados a altura de planta em 110 acessos de pinhão manso, observaram valores de 0,81 para a razão CVg/CVe. Resultado próximo aos obtidos para altura de planta no presente estudo.

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo variaram entre 35,90 a 61,29%, com tendência de aumento ao longo dos anos (Tabela 5). Valores semelhantes de herdabilidade para o caráter altura de planta foram observados por Crisóstomo *et al.* (1999) em cajueiro (40,34%) e por Cilas *et al.* (1998) em café (48,90%). Passos *et al.* (2010), estimando parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos em genótipos de mamoneira (*Ricinus communis*), observaram valores de herdabilidade no sentido amplo variando entre 28,15 a 69,29% para altura de planta. As estimativas obtidas no presente estudo evidenciam a existência de variabilidade genética e condições favoráveis para a realização de seleção nas duas localidades. As diferentes estimativas encontradas nos anos e locais, provavelmente, são decorrentes dos diferentes genes que estão se expressando ao longo do desenvolvimento das plantas, com a influência dos anos e das condições ambientais.

A análise de variância conjunta das safras de 2009, 2010 e 2011 indicou que houve diferença significativa ($p < 0,01$) para altura de planta, entre os clones de cajueiro (Tabela 6). Os efeitos da interação ano por local foram significativos ($p < 0,01$) indicando que os efeitos das combinações entre ano e local são importantes para esta característica. Considerando-se que cada local e ano caracterizam um ambiente diferente, pode-se admitir que o caráter altura de planta foi afetado pelas mudanças do ambiente. A interação tripla local por ano por clone, também, foi significativa ($p < 0,01$), o que indica que os clones responderam de forma diferenciada às variações do ambiente. Isto pode ter ocorrido devido à diferenças

entre os clones quanto à capacidade de adaptação às condições ambientais dos locais dos experimentos e às mudanças climáticas de um ano para o outro, refletindo na altura de planta ao longo do período observado. Outro fator a considerar nesta espécie é a possível alteração no controle genético dos caracteres ao longo das idades, sendo um indicativo da interação QTL x ambiente, ou seja, genes expressando-se em condições ambientais específicas ou em determinada idade da planta. Fato que poderá ser confirmado por meio das análises de QTL.

Tabela 6. Análise de variância conjunta para altura de planta (m) de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio
Local	1	31,7441 **
Ano	2	314,5606 **
Clone	83	1,6556 **
Bloco(local)	2	0,9906 **
Ano x clone	166	0,1415 **
Local x clone	83	0,6063 **
Local x ano	2	20,1083 **
Ano x bloco(local)	4	0,0381 ^{ns}
Bloco x clone(local)	166	0,5140 **
Local x ano x clone	166	0,0752 **
Erro	332	0,0519
CVe (%)	8,37	
Média	2,72	

^{ns} não significativo; ** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Planta de porte baixo é um caráter da maior importância em frutíferas perenes. No cajueiro, clones comerciais do tipo anão precoce possuem esta característica, o que facilita práticas de manejo como poda e combate à pragas e doenças, de difícil execução ou inviáveis em pomares de cajueiro do tipo comum (BARROS *et al.*, 2000). No melhoramento desta espécie, tem-se buscado a seleção de clones com porte semelhante ao clone-testemunha CCP 76 (PAIVA *et al.*, 2005). Com relação ao teste de médias da análise conjunta, os clones estudados foram separados em seis grupos (a; b; c; d; e; f). Os clones da geração F₁ 83 e 79 (grupo a) apresentaram altura semelhante à média do clone-testemunha CCP 76, não diferindo deste e, portanto, são os que ainda continuam apresentando características de porte inerente ao cajueiro anão (Tabela 7).

Tabela 7. Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica altura de planta (AP).

Tratamentos	r	AP (m)	Tratamentos	r	AP (m)	Tratamentos	r	AP (m)
84 (CCP 76)	1	1,72 a	11	29	2,57 c	5	57	2,88 d
83	2	1,88 a	14	30	2,58 c	3	58	2,88 d
79	3	1,99 a	69	31	2,58 c	30	59	2,88 d
73	4	2,16 b	18	32	2,58 c	47	60	2,91 d
70	5	2,18 b	32	33	2,58 c	55	61	2,91 d
58	6	2,20 b	61	34	2,59 c	41	62	2,93 d
81	7	2,21 b	27	35	2,63 c	29	63	2,95 d
80	8	2,22 b	43	36	2,65 c	48	64	2,95 d
51	9	2,24 b	45	37	2,65 c	36	65	2,97 d
60	10	2,26 b	9	38	2,66 c	34	66	2,99 d
22	11	2,34 b	10	39	2,67 c	66	67	2,99 d
64	12	2,38 c	38	40	2,67 c	68	68	3,00 d
65	13	2,39 c	59	41	2,68 c	6	69	3,00 d
63	14	2,40 c	35	42	2,69 c	77	70	3,01 d
71	15	2,41 c	62	43	2,72 c	2	71	3,07 d
31	16	2,41 c	72	44	2,72 c	15	72	3,08 d
16	17	2,42 c	82	45	2,73 c	26	73	3,08 d
75	18	2,46 c	19	46	2,73 c	46	74	3,16 e
78	19	2,46 c	7	47	2,75 c	20	75	3,18 e
8	20	2,50 c	37	48	2,75 c	52	76	3,18 e
54	21	2,50 c	56	49	2,77 d	42	77	3,20 e
74	22	2,51 c	67	50	2,79 d	33	78	3,21 e
76	23	2,53 c	25	51	2,81 d	53	79	3,23 e
1	24	2,54 c	28	52	2,82 d	39	80	3,31 e
12	25	2,55 c	21	53	2,82 d	40	81	3,31 e
50	26	2,55 c	17	54	2,84 d	44	82	3,56 f
4	27	2,55 c	23	55	2,86 d	24	83	3,58 f
49	28	2,57 c	13	56	2,87 d	57	84	3,86 f

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

Como a seleção deve ser direcionada para obtenção de plantas de porte baixo, características da maior importância em fruteiras perenes. Neste sentido, os clones do grupo b (73, 70, 58, 81, 80, 51, 60 e 22) devem ser destacados, também, por possuírem esta característica (Tabela 7).

O caráter altura de planta apresentou um padrão contínuo de distribuição na população F_1 mapeada (Figura 3). Segundo Tanksley (1993), a grande maioria das características herdáveis de importância econômica são quantitativas. 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 (QTLs), cada um com um pequeno efeito no fenótipo. As frequências de indivíduos abaixo da média da população mapeada para a característica altura de planta foi um pouco maior em relação à frequência de indivíduos acima da média em Pacajus nos anos de 2009 (57%), 2010 (57%) e 2011 (55%) e Paraipaba em 2009 (60%). Já em Paraipaba nos anos de 2010 e 2011, o caráter altura de planta apresentou a mesma frequência de indivíduos acima e abaixo da média da população mapeada. Além disso, podemos observar a elevada frequência de indivíduos (>85%) da geração F_1 com média superior ao clone-testemunha CCP 76 para esta característica. Fato que pode ser explicado pelo vigor obtido por meio do cruzamento entre indivíduos contrastantes para este caráter, onde o genitor feminino é do tipo anão (CCP 1001) e o genitor masculino do tipo gigante (CP 96).

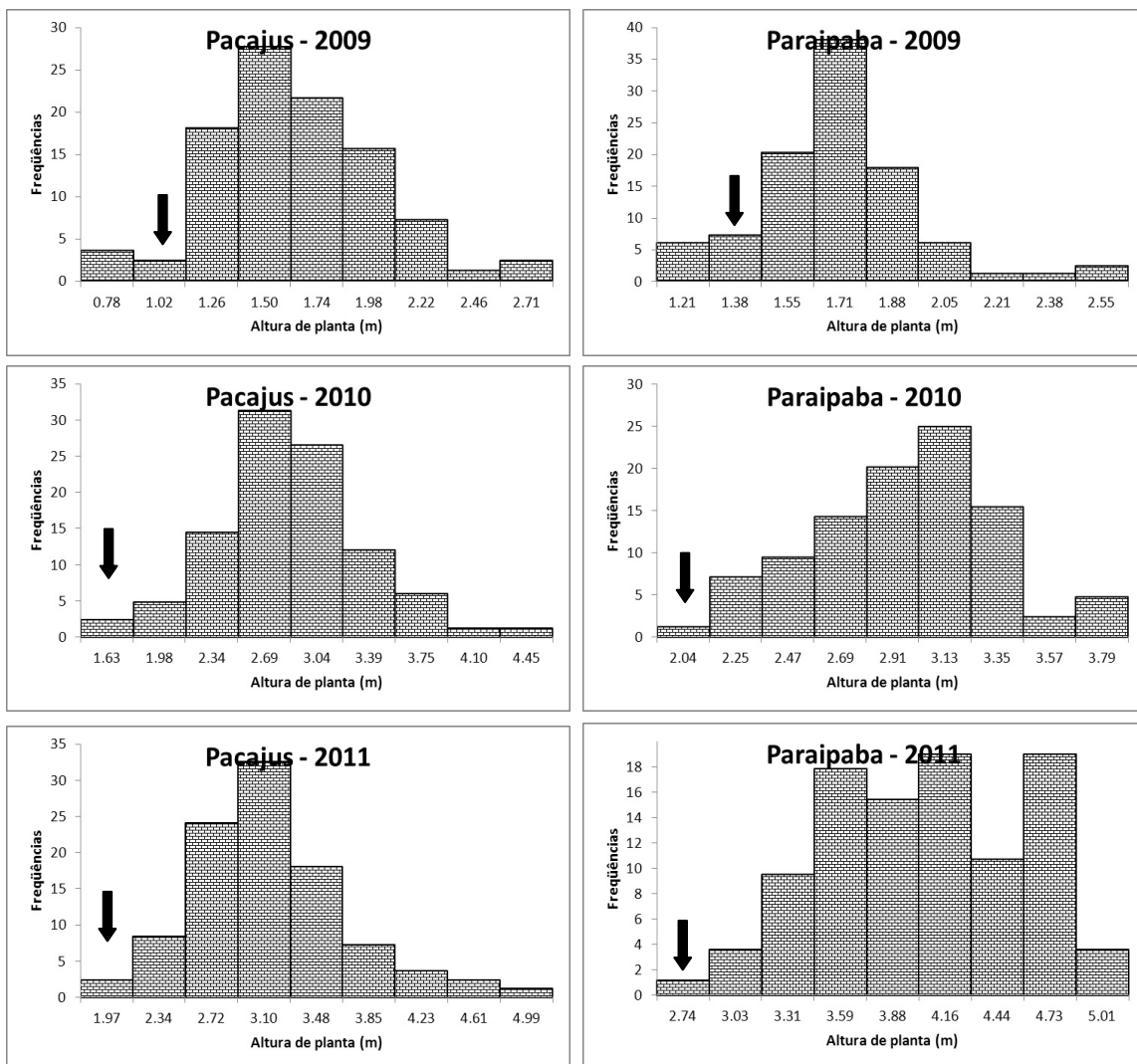


Figura 3. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o caráter altura de planta em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence.

As análises de QTLs proporcionam importantes informações para assistir trabalhos de vários programas de melhoramento de plantas. Com base na análise de mapeamento de QTLs múltiplos, foi possível detectar 40 QTLs associados a 26 marcadores diferentes nos seis ambientes estudados (Tabela 8), onde o número de QTLs detectados por ambiente variou entre cinco (Paraipaba em 2009) e nove (Paraipaba em 2010). Estes foram denominados de “QTLs candidatos”, pois antes de serem utilizados em programas de melhoramento, devem ser validados, i.e., deve-se determinar a eficiência de seleção que eles terão em outras populações de cajueiro, considerando o caráter a ser melhorado, o que será objetivo de futuros estudos.

QTLs detectados no mesmo intervalo de marcadores em ambientes distintos indicam que estes são estáveis e essencialmente não são afetados por fatores ambientais (HITTALMANI *et al.*, 2002). QTLs estáveis proporcionam uma excelente oportunidade para seleção de clones superiores contribuindo para o aumento do potencial produtivo. O grupo de ligação (cromossomos) M1 apresentou QTLs em quatro dos seis ambientes, demonstrando a importância destas regiões no controle genético do caráter altura de planta no cajueiro. Também devem ser destacados os grupos de ligação F2, F3, F5, M2a, M4, M6 e M15 com QTLs identificados em pelo menos três ambientes (Tabela 8; Figuras 4 e 5). Hittalmani *et al.* (2003), detectaram um total de quinze QTL significativos influenciando a altura de planta em arroz nos dez ambientes estudados, dos quais três se destacaram. Um QTL, localizado no cromossomo 1 entre os marcadores RZ730 e RZ810, foi detectado em todos os dez ambientes estudados e explicou pelo menos 25% da variação fenotípica total. Segundo os autores, este é um bom exemplo de gene maior (QTL). Outro QTL foi identificado em seis ambientes localizado entre RZ284 e RZ574 no cromossomo 3 explicando mais de 11% da variação fenotípica total. Os autores, também, destacaram um QTL no cromossomo 7 detectado em quatro ambientes, embora com um valor de LOD baixo (2,11 a 2,78).

Muitos estudos de QTLs têm reportado a detecção de QTLs em vários anos. Yoshimaru *et al.* (1998) detectaram dois QTLs para altura de planta no cedro japonês (*Cryptomeria japonica* D. Don) em dois anos consecutivos (4 e 5 anos de idade). Xue *et al.* (2009), identificaram quatro QTLs associado a altura de planta em cevada nos dois ambientes estudados, sendo três no ambiente controle e um no ambiente de estresse salino. Além disso, dois QTLs, qPH3c e qPH3s, localizados no cromossomo 3H entre os marcadores bPb-0049 e bPb-3634, foram simultaneamente detectados em ambos os ambientes.

Tabela 8. Descrição dos QTLs candidatos para a característica altura de planta detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos. (Continua...)

Local	Ano	QTL	Grupo	Posição ¹	Marcador	LOD	Distância ²	R ² (%) ³	EF (%) ⁴
Pacajus	2009	pac.09.1	M1	95,45	07CY003	3,94	4,00	14,58**	31,37
		pac.09.2	M2a	87,19	05Bg131	3,55	0,00	7,70*	14,56
		pac.09.3	F2	62,30	02Ag128	3,25	0,00	6,79*	13,49
		pac.09.4	F5	6,20	02Ag175	3,40	3,51	5,82*	-11,44
		pac.09.5	F12	33,70	13Ay019	5,95	5,01	6,92*	-11,59
		pac.09.6	M15	6,00	25By011	3,52	6,00	6,01*	12,90
Pacajus	2010	pac.10.1	M1	93,45	07CY003	3,66	2,00	9,78**	16,78
		pac.10.2	M2a	86,73	05Bg131	3,59	4,46	6,74*	9,96
		pac.10.3	F2	62,30	02Ag128	3,38	0,00	3,07	6,55
		pac.10.4	F5	9,71	02Ag175	3,41	0,00	4,76*	-7,55
		pac.10.5	F10	16,56	Aocc23	3,58	4,96	3,25	8,11
		pac.10.6	M15	0,00	25By011	3,13	0,00	3,24	6,80
Pacajus	2011	pac.11.1	M1	93,45	07CY003	4,27	2,00	6,82*	14,52
		pac.11.2	M2a	69,73	14Bb129	5,10	12,00	6,00*	9,52
		pac.11.3	F3	46,17	10Ay194	3,25	3,00	3,51	7,19
		pac.11.4	M4	23,98	04By084	5,74	4,00	4,75	-7,83
		pac.11.5	F5	10,71	02Ag175	4,46	1,00	6,80*	-9,31
		pac.11.6	F5	21,90	10Ab195	3,33	0,00	4,05	7,35
		pac.11.7	M15	0,00	25By011	3,95	0,00	4,04	7,86
Paraipaba	2009	par.09.1	F1	59,45	04Ab081	3,79	0,00	10,69**	10,78
		par.09.2	M2b	38,31	22By126	4,73	2,00	7,58*	8,69
		par.09.3	M4	33,91	20Bg011	8,37	4,00	4,05	-6,11
		par.09.4	M6	21,41	13CB081	4,91	3,00	16,48**	16,18
		par.09.5	F10	6,00	21CY068	2,98	6,00	13,59**	-13,11
Paraipaba	2010	par.10.1	M1	129,20	01CB019	3,23	0,00	10,15**	9,41
		par.10.2	M2b	6,00	04By048	3,39	6,00	5,53*	-6,06
		par.10.3	F2	78,70	22Ab092	3,04	0,00	3,14	4,67
		par.10.4	M3	37,73	04CY137	3,15	0,00	7,58*	-8,20
		par.10.5	F3	69,08	13Ab191	3,54	0,00	6,88*	7,12
		par.10.6	M4	32,91	20Bg011	3,28	3,00	4,33	-5,35
		par.10.7	F4	0,00	07Ay083	3,10	0,00	7,18*	-6,28
		par.10.8	M6	27,43	13CB081	3,55	9,02	12,01**	10,92
		par.10.9	M7	15,62	09By088	3,11	2,23	10,70**	-8,22

Tabela 8. Descrição dos QTLs candidatos para a característica altura de planta detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos. (Continuação)

Local	Ano	QTL	Grupo	Posição ¹	Marcador	LOD	Distância ²	R ² (%) ³	EF (%) ⁴
Paraipaba	2011	par.11.1	F1	56,22	20Ag154	3,70	2,00	12,22**	9,76
		par.11.2	F2	77,94	22Ab079	4,74	6,00	3,06	4,74
		par.11.3	F3	38,42	10Ay194	3,22	4,75	7,56*	7,71
		par.11.4	F4	0,00	07Ay083	4,33	0,00	9,26**	-7,60
		par.11.5	M6	10,00	13CB081	3,72	8,41	14,44**	12,45
		par.11.6	M7	15,62	09By088	4,84	2,23	6,76*	-6,70
		par.11.7	F12	51,72	10Ay074	3,70	2,82	6,38*	-6,52

¹Posição (cM) do QTL baseada na região onde ocorreu o maior LOD. ²Distância (cM) entre o QTL e o marcador. ³Percentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador associado ao QTL. ⁴Efeito fenotípico. Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL. * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -13,11% (21CY068 - par.09.5) e 31,37% (07CY003 - pac.09.1), ou seja, a presença desses marcadores conferiram um decréscimo ou acréscimo na altura da planta em relação a média dos genótipos que não o possuem. Efeito fenotípico diferente de zero entre os grupos de indivíduos marcados indica ligação entre marcador e QTL (BROMAN, 2001).

A utilidade do QTL não depende somente de sua significância (LOD score), mas também da percentagem de explicação da variação fenotípica observada na população (KENIS *et al.*, 2008). 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 (R² de 10 a 20%) em um ou poucos locos e vários outros locos explicando menos que 10% da variação. Os QTLs identificados para altura de planta explicaram entre 3,06% (par.11.2) e 16,48% (par.09.4) da variação fenotípica total, sendo considerados QTLs de efeito menor e moderado, respectivamente (Tabela 8).

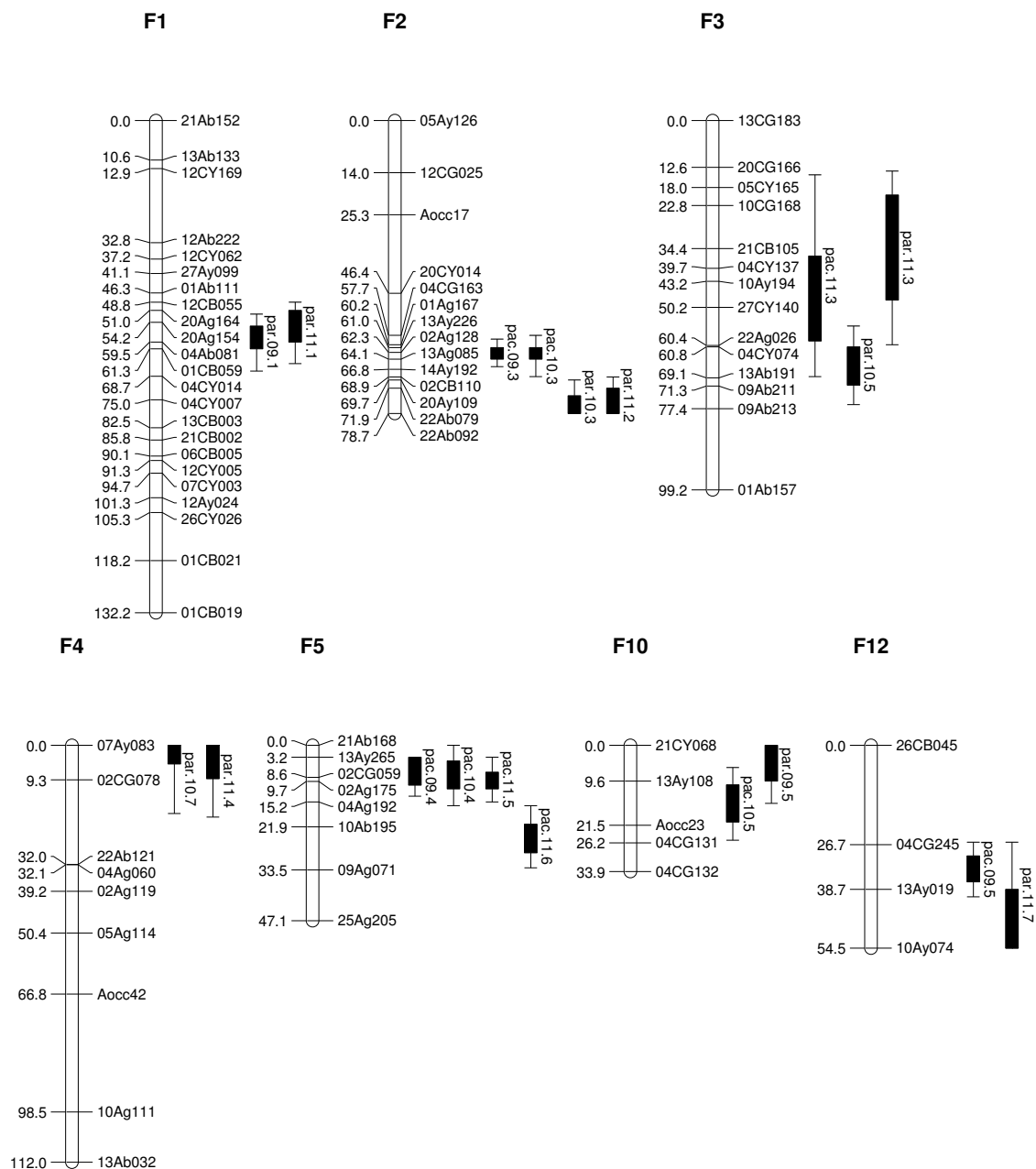


Figura 4. Localização dos QTLs identificados para altura de planta no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

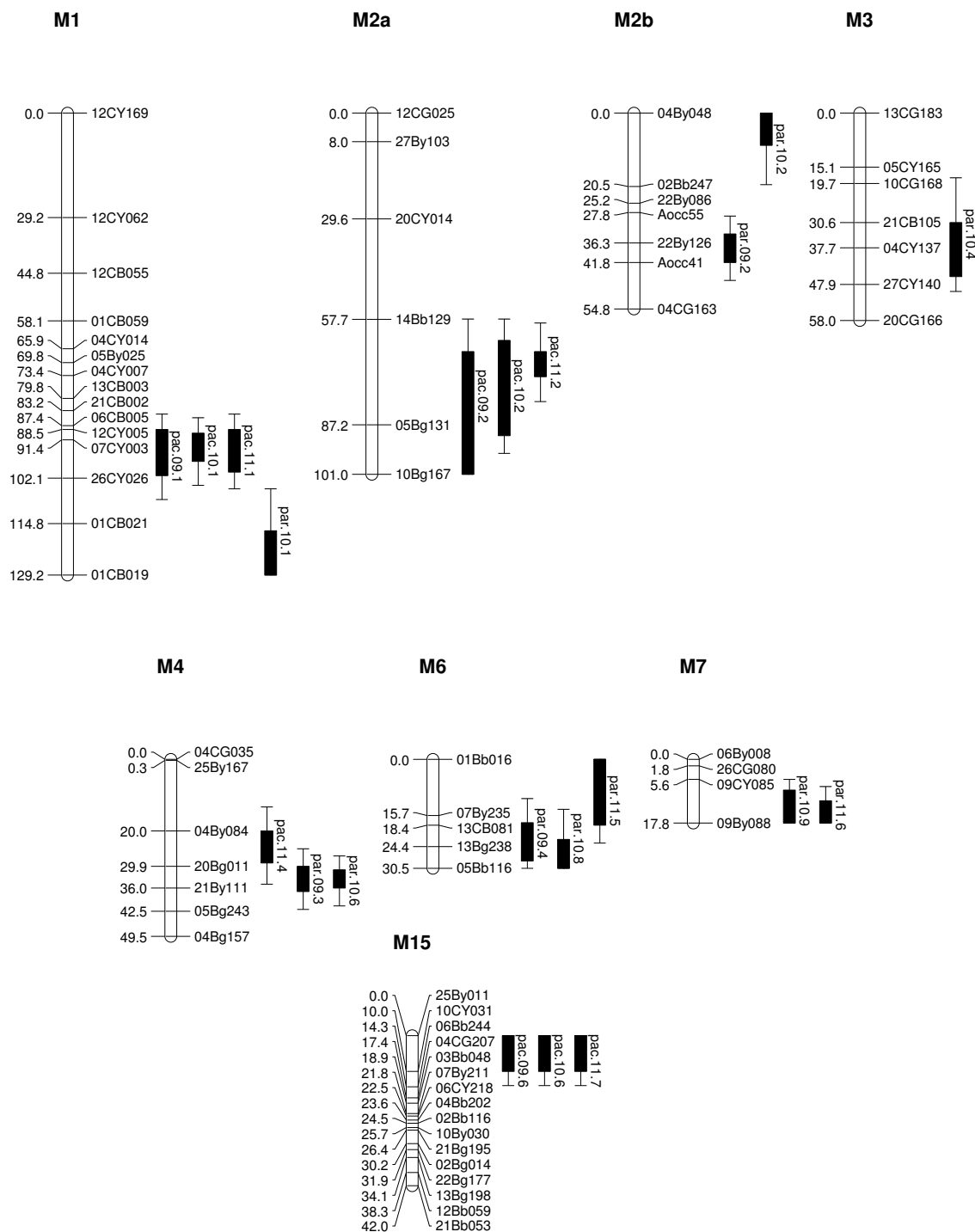


Figura 5. Localização dos QTLs identificados para altura de planta no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

O controle do caráter altura de planta, como qualquer característica quantitativa, é complexa e varia ao longo do tempo (UKRAINETZ *et al.*, 2008). Neale *et al.* (2002) relatam variação temporal nos QTLs detectados em pinus, sugerindo que alguns ocorrem ao longo da estação de crescimento enquanto outros apenas, anos mais tarde, ocorrendo uma possível alteração no controle genético da característica ao longo das idades, sendo os QTLs mais estáveis (detectados em diferentes anos e locais) os que apresentam maior potencial para a seleção assistida por marcadores. Neste sentido, os marcadores 07CY003 (M1); 05Bg131 (M2a); 02Ag175 (F5); e 13CB081 (M6), são os que tem maior potencial para serem utilizados na seleção assistida para o caráter altura de planta no cajueiro, por terem sido os mais estáveis e apresentarem boa explicação da variação fenotípica e efeito fenotípico, ressaltando a importância dessas regiões no controle do caráter.

4.2. Diâmetro de copa

Os tratamentos (clones) apresentaram diferenças significativas ($p < 0,05$) entre eles para os seis ambientes estudados, indicando que os clones da geração F_1 são diferentes entre si para o caráter diâmetro de copa, sendo uma condição favorável à seleção (Tabela 9), sugerindo a possibilidade de sucesso na seleção. Também foram observadas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as médias dos clones da geração F_1 e a média do clone-testemunha CCP 76, com exceção do ano de 2009 em Pacajus. No geral, a média de diâmetro de copa na geração F_1 foi superior à testemunha, fato que pode ser explicado pelo vigor obtido por meio do cruzamento entre indivíduos contrastantes para esta característica, no qual o genitor feminino é do tipo anão (CCP 1001) e o genitor masculino do tipo gigante (CP 96).

Os coeficientes de variação experimental (CVe) estiveram dentro da faixa considerada aceitável para experimentação em culturas perenes, com variação entre 11,94% e 30,36% (Tabela 10). Giordani *et al.* (2012) estudaram parâmetros genéticos para caracteres de crescimento em pequiheiro em estágio precoce e observaram CVe de 26,40% para o caráter diâmetro de copa. Cavalcanti *et al.* (2007) avaliaram o controle genético de características quantitativas em 19 híbridos de cajueiro entre clones de cajueiro anão precoce (CCP06, CCP76, CCP09 e CCP1001) e comum (CP07, CP12, CP77, CP96 e BTON). Os autores observaram valores de CVe variando entre 8,48% e 37,97%. Resultados estes muito próximos aos observados no presente trabalho.

Tabela 9. Resumo das análises de variância para a característica diâmetro de copa, referente a 83 clones da geração F₁ e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Fonte de variação	gl	Pacajus			Paraipaba		
		2009	2010	2011	2009	2010	2011
Quadrados médios							
Blocos	1	2,9960	3,6080	7,3899	0,2409	0,6584	2,9779
Tratamentos	83	1,0074 *	1,5196 **	1,5050 **	0,4614 **	0,3958 *	1,0505 **
Genótipos F ₁ 's (G)	82	0,9889 *	1,4996 **	1,4369 **	0,4574 **	0,3791 *	0,9600 **
G vs Testemunha	1	2,5238 ^{ns}	3,1572 **	7,0860 **	0,7943 **	1,7811 **	8,5686 **
Resíduo	83	0,6554	0,7548	0,7524	0,2037	0,2413	0,4014
Média geral		2,67	4,15	4,52	2,28	3,94	5,31
Média genótipos F ₁ 's		2,68	4,16	4,54	2,28	3,95	5,33
Média testemunha		1,55	2,90	2,65	1,65	3,00	3,25
Valor mínimo		0,75	1,70	2,20	1,00	2,30	3,00
Valor máximo		5,65	7,05	8,20	3,80	5,80	7,90
DMS - Tukey (5%)		3,57	3,83	3,83	1,99	2,17	2,80

^{ns} não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Tabela 10. Parâmetros genéticos para a característica diâmetro de copa, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Parâmetros genéticos	Pacajus			Paraipaba		
	2009	2010	2011	2009	2010	2011
σ_f^2	0,4944	0,7498	0,7185	0,2287	0,1895	0,4800
σ_e^2	0,3277	0,3774	0,3762	0,1018	0,1206	0,2007
σ_g^2	0,1667	0,3724	0,3423	0,1268	0,0689	0,2793
h^2 (%)	33,72	49,67	47,64	55,47	36,35	58,19
CVg (%)	15,24	14,66	12,88	15,59	6,65	9,91
CVe (%)	30,36	20,94	19,19	19,82	12,47	11,94
CVg/CVe	0,50	0,70	0,67	0,79	0,53	0,83

σ_f^2 : variância fenotípica. σ_e^2 : variância ambiental. σ_g^2 : variância genotípica. h^2 : herdabilidade. CVg: coeficiente de variação genotípico. CVe: coeficiente de variação experimental.

Os coeficientes de variação genotípico (CVg) para diâmetro de copa apresentaram valores moderados, variando entre 6,65% e 15,59% (Tabela 10). Valores moderados de CVg, também foram verificados em outros experimentos que avaliaram diâmetro de copa em cajueiro (AZEVEDO *et al.*, 1998), pinhão-manso (LAVIOLA *et al.*, 2010) e pequizeiro (GIORDANI *et al.*, 2012). Esses resultados indicam que a população pode ser considerada apropriada para o programa de melhoramento genético. Quanto à variância genotípica (σ_g^2), foram observadas diferenças de comportamentos, com estimativas de 0,0689 a 0,3724. Resultados próximos a estes foram obtidos por Paiva *et al.* (2002b), quando avaliaram a variância genética aditiva em 64 progênies de acerola. Estes autores observaram valores variando entre 0,02 e 0,11 para diâmetro de copa.

A mais importante função da herdabilidade no estudo genético é seu papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético, ou o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético (COSTA *et al.*, 2008). As estimativas de herdabilidade no sentido amplo variaram entre 33,72 a 58,19% para diâmetro de copa (Tabela 10). Costa *et al.* (2008), estimaram parâmetros genéticos em seringueira, observaram valores de herdabilidade de 41,24% para diâmetro, indicando que a seleção pode ser efetiva utilizando as informações das progênies avaliadas. Já a razão CVg/CVe variou entre 0,50 e 0,83, indicando que o processo de seleção destas características deverá ser realizado de maneira criteriosa. Laviola *et al.* (2010), avaliaram a característica diâmetro de copa em pinhão-manso e observaram valores de 0,30 para a razão CVg/CVe. Este valor é inferior ao observado no presente estudo. No entanto, segundo Resende e Duarte

(2007), seleção eficiente pode ser realizada com valores menor que 1,0 para a razão CVg/CVe, podendo ser feitas inferências do valor genotípico das progênies. As estimativas dos parâmetros genéticos evidenciam a existência de variabilidade genética, condição favorável para a realização de seleção e melhoramento nos clones de cajueiro avaliados para diâmetro de copa.

A análise de variância conjunta dos anos de 2009, 2010 e 2011 indicou que houve diferença significativa ($p < 0,01$) para diâmetro de copa, entre os clones de cajueiro (Tabela 11). Os efeitos da interação ano por local foram significativos ($p < 0,01$), indicando que os efeitos das combinações entre ano e local foram importantes para o caráter diâmetro de copa, sendo esta característica afetada pelas mudanças do ambiente. A interação tripla local por ano por clone, também, foi significativa ($p < 0,01$) o que indica que os clones responderam de forma diferenciada às variações do ambiente. Este fato pode estar associado a uma possível interação QTL x ambiente, ou seja, genes expressando-se em condições ambientais específicas ou em determinada idade da planta. Fato que poderá ser confirmado por meio das análises de QTL.

Tabela 11. Análise de variância conjunta para diâmetro de copa (m) de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio
Local	1	0,9515 *
Ano	2	513,1932 **
Clone	83	2,6548 **
Bloco(local)	2	8,3013 **
Ano x clone	166	0,3124 **
Local x clone	83	2,0583 **
Local x ano	2	33,4306 **
Ano x bloco(local)	4	0,3457 ^{ns}
Bloco x clone(local)	166	1,1391 **
Local x ano x clone	166	0,3089 **
Erro	332	0,1844
CVe (%)	11,27	
Média	3,81	

^{ns} não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

No melhoramento do cajueiro anão precoce tem-se buscado a seleção de clones com conformação de copa semelhante ao clone-testemunha CCP 76 (PAIVA *et al.*, 2005), de modo que, pelo maior adensamento, sejam possíveis altas produtividades (PAIVA *et al.*,

2007), facilidade nas práticas de manejo, como poda e combate a pragas e doenças, de difícil execução ou inviáveis em pomares de cajueiro do tipo comum (BARROS *et al.*, 2000). Com relação ao teste de médias da análise conjunta, os clones estudados foram separados em quatro grupos (a; b; c; d), sendo os doze clones do grupo a (83, 80, 79, 8, 18, 73, 28, 70, 50, 58, 60 e 11, respectivamente) os que apresentaram as melhores médias para o caráter diâmetro de copa, não diferindo do clone-testemunha CCP 76 e, portanto, os que ainda continuam apresentando características de porte pertinentes ao cajueiro-anão (Tabela 12).

O caráter diâmetro de copa apresentou um padrão contínuo de distribuição na população F_1 mapeada (Figura 6), sendo característico de herança quantitativa, ou seja, segregação de vários locos (QTLs), cada um com um pequeno efeito no fenótipo. Além disso, podemos observar a elevada frequência de indivíduos (>80%) da geração F_1 com média superior ao clone-testemunha CCP 76 para o caráter diâmetro de copa. Este fato pode ser explicado pelo tipo de cruzamento realizado, onde o genitor feminino é o clone CCP 1001 do tipo anão precoce e o genitor masculino é o CP 96 do tipo gigante. Assim, a progênie resultante deste cruzamento apresentou porte intermediário em relação aos dois pais, sendo a média dos clones da geração F_1 superior à média dos clones de cajueiro anão precoce. As frequências de indivíduos abaixo da média da população mapeada para o caráter diâmetro de copa foi um pouco maior em relação à frequência de indivíduos acima da média em Pacajus no ano de 2011 (58%) e Paraipaba em 2009 (57%). Já em Pacajus nos anos de 2009 e 2010; e Paraipaba em 2010 e 2011, o caráter diâmetro de copa apresentou a mesma frequência de indivíduos acima e abaixo da média da população mapeada.

Tabela 12. Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica diâmetro de copa (DC).

Tratamentos	r	DC (m)	Tratamentos	r	DC (m)	Tratamentos	r	DC (m)
84 (CCP 76)	1	2,50 a	17	29	3,64 b	14	57	4,02 c
83	2	2,80 a	38	30	3,66 b	53	58	4,02 c
80	3	2,95 a	27	31	3,67 b	36	59	4,03 c
79	4	3,00 a	47	32	3,67 b	56	60	4,04 c
8	5	3,02 a	48	33	3,68 b	5	61	4,05 c
18	6	3,13 a	7	34	3,68 b	29	62	4,06 c
73	7	3,20 a	22	35	3,71 b	82	63	4,06 c
28	8	3,20 a	78	36	3,73 b	49	64	4,08 c
70	9	3,21 a	37	37	3,73 b	20	65	4,10 c
50	10	3,22 a	67	38	3,74 b	24	66	4,10 c
58	11	3,22 a	46	39	3,79 c	72	67	4,11 c
60	12	3,29 a	41	40	3,82 c	3	68	4,12 c
11	13	3,30 a	25	41	3,83 c	6	69	4,18 c
81	14	3,36 b	42	42	3,83 c	35	70	4,24 c
62	15	3,37 b	61	43	3,84 c	26	71	4,25 c
74	16	3,41 b	66	44	3,84 c	10	72	4,31 d
21	17	3,42 b	54	45	3,85 c	52	73	4,34 d
69	18	3,45 b	65	46	3,86 c	39	74	4,39 d
51	19	3,46 b	45	47	3,88 c	2	75	4,45 d
71	20	3,47 b	55	48	3,88 c	32	76	4,45 d
59	21	3,47 b	4	49	3,92 c	15	77	4,48 d
63	22	3,51 b	68	50	3,94 c	23	78	4,52 d
16	23	3,53 b	75	51	3,95 c	19	79	4,53 d
12	24	3,55 b	13	52	3,95 c	34	80	4,54 d
77	25	3,56 b	31	53	3,97 c	33	81	4,57 d
43	26	3,60 b	30	54	3,98 c	40	82	4,66 d
76	27	3,63 b	1	55	3,99 c	44	83	4,81 d
64	28	3,63 b	9	56	4,01 c	57	84	5,05 d

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

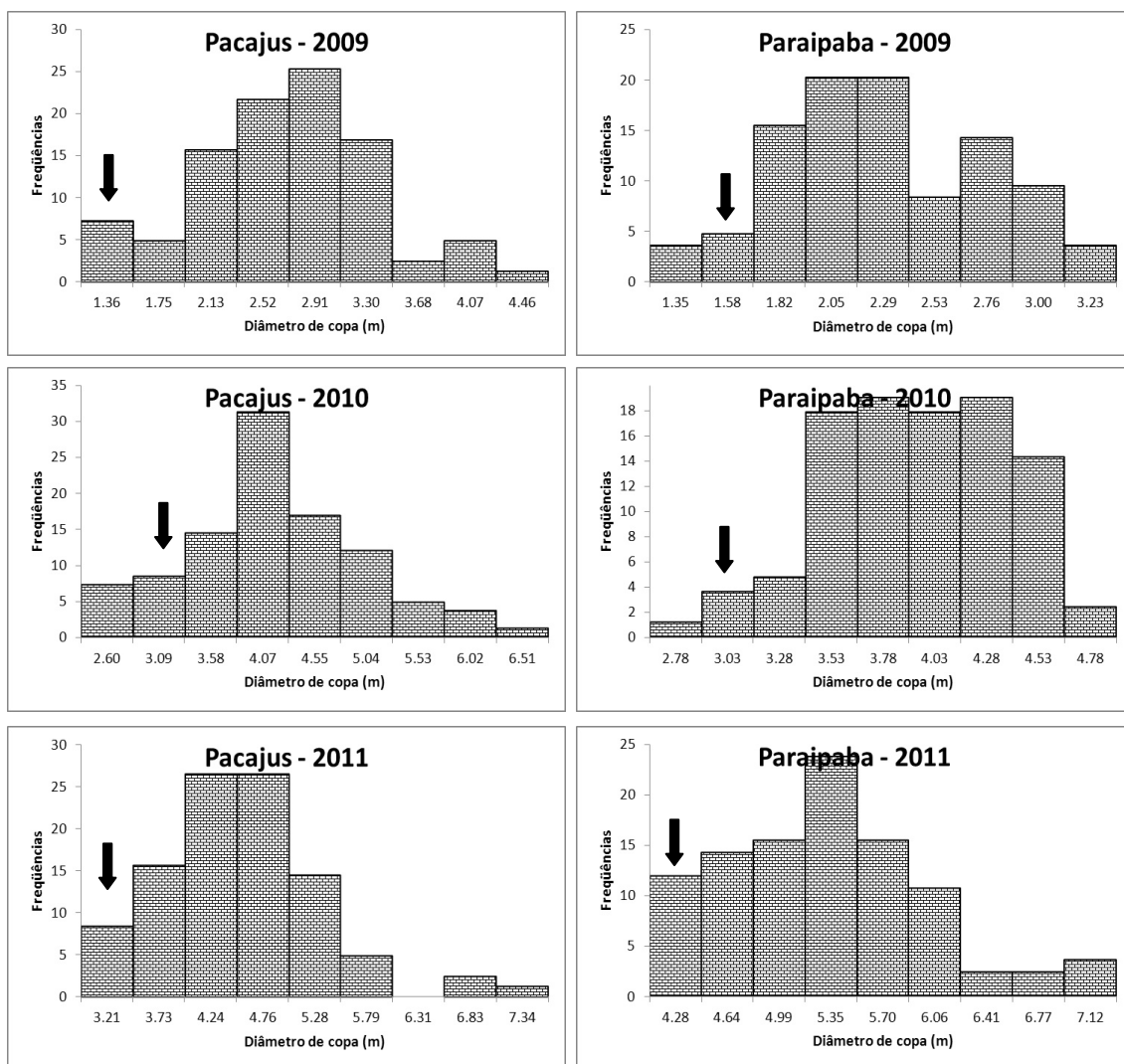


Figura 6. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o caráter diâmetro de copa em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence.

Variação significativa e distribuição normal sugerem adequação da geração F₁ para análise de QTL para a característica diâmetro de copa. Com base na análise de mapeamento de QTLs múltiplos, foi possível detectar 30 QTLs associados a 19 marcadores diferentes nos seis ambientes estudados (Tabela 13; Figuras 7 e 8). O número de QTLs detectados por ambiente variou de dois (Paraipaba em 2011) a sete (Pacajus 2009 e 2011). Estes foram denominados de “QTLs candidatos”, devendo ser validados, ou seja, deve-se determinar a eficiência de seleção que eles terão em outras populações de cajueiro, considerando o diâmetro de copa, o que será objeto de futuros estudos.

QTLs estáveis provem uma excelente oportunidade para seleção de clones superiores contribuindo para o aumento do potencial produtivo. O grupo de ligação (cromossomos) F2 apresentou QTLs em cinco dos seis ambientes, demonstrando a importância destas regiões no controle genético do caráter diâmetro de copa e a existência de 3 genes (QTLs) neste cromossomo (Tabela 13; Figura 7). Também devem ser destacados os grupos de ligação F3 e F10, com QTL identificados em quatro e três ambientes respectivamente. Os QTLs explicaram entre 2,16% (pac.11.5) e 12,29% (pac.09.1) da variação fenotípica total, sendo considerados QTLs de efeito menor e moderado, respectivamente. Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -15,42% (04By084 - pac.09.3) e 29,23% (07CY003 - pac.09.1), ou seja, a presença desses marcadores conferiu um decréscimo ou acréscimo no diâmetro de copa em relação a média dos genótipos que não o possuem.

O controle do caráter diâmetro de copa, como qualquer característica quantitativa, é complexo e varia ao longo do tempo, sendo os QTLs mais estáveis os que apresentam maior potencial para a seleção assistida por marcadores. Este fato já foi observado por outros autores em outras espécies como, pinus (NEALE *et al.*, 2002) e maçã (KENIS *et al.*, 2008). Neste sentido, os marcadores 07CY003 (F1 e M1); 02Ag128 e Aocc17 (F2); 13Ay108 (F10); 25CY075 (F11); 25By011 (M15), são os que tem maior potencial para serem utilizados na seleção assistida para o caráter diâmetro de copa no cajueiro, por terem sido os mais estáveis e apresentarem boa explicação da variação fenotípica e efeito fenotípico, ressaltando a importância dessas regiões no controle do caráter.

Tabela 13. Descrição dos QTLs candidatos para a característica diâmetro de copa detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos.

Local	Ano	QTL	Grupo	Posição ¹	Marcador	LOD	Distância ²	R ² (%) ³	EF (%) ⁴
Pacajus	2009	pac.09.1	F1	96,66	07CY003	3,14	2,00	12,29**	29,23
		pac.09.2	F2	62,30	02Ag128	3,30	0,00	6,24*	14,25
		pac.09.3	M4	19,98	04By084	3,02	0,00	9,88**	-15,42
		pac.09.4	F6	65,06	10Ab188	3,52	0,00	5,20*	-11,39
		pac.09.5	F10	11,56	13Ay108	4,54	2,00	7,26*	-12,84
		pac.09.6	M15	24,55	02Bb116	3,08	0,00	2,94	9,49
		pac.09.7	M15	4,00	25By011	3,19	4,00	7,45*	15,79
Pacajus	2010	pac.10.1	F1	129,15	01CB019	3,72	3,04	6,82*	12,20
		pac.10.2	F2	14,02	05Ay126	3,73	14,02	3,81	9,01
		pac.10.3	F2	66,83	02CB110	3,16	2,04	5,14*	11,24
		pac.10.4	F3	44,17	10Ay194	3,00	1,00	4,68	9,46
		pac.10.5	F10	11,56	13Ay108	3,19	2,00	6,76*	-9,89
		pac.10.6	M15	7,00	25By011	3,83	7,00	5,05*	10,10
Pacajus	2011	pac.11.1	M1	88,40	07CY003	3,36	3,05	4,16	11,47
		pac.11.2	M2b	3,00	04By048	4,90	3,00	7,92*	-10,10
		pac.11.3	F2	5,00	05Ay126	6,07	5,00	5,01	9,17
		pac.11.4	F2	62,30	02Ag128	4,19	0,00	6,16*	9,86
		pac.11.5	F3	43,17	10Ay194	3,05	0,00	2,16	5,67
		pac.11.6	M4	28,98	20Bg011	3,37	0,94	3,98	-7,18
		pac.11.7	F10	10,56	13Ay108	3,49	1,00	4,82	-7,35
Paraipaba	2009	par.09.1	M1	58,09	01CB059	3,04	0,00	5,94*	-11,47
		par.09.2	F2	34,34	Aocc17	3,25	9,00	4,84*	9,61
		par.09.3	M3	37,57	04CY137	3,20	0,15	7,47*	-12,39
		par.09.4	M5	27,67	25By127	3,57	0,00	7,24*	-10,44
		par.09.5	M14	0,00	13Bb220	3,00	0,00	9,85**	-12,19
Paraipaba	2010	par.10.1	F2	32,34	Aocc17	4,85	7,00	4,24	4,62
		par.10.2	F3	64,84	13Ab191	3,14	4,23	3,80	4,49
		par.10.3	F11	15,84	25CY075	3,37	0,00	4,65	-5,46
Paraipaba	2011	par.11.1	F3	68,84	13Ab191	3,27	0,23	3,99	5,26
		par.11.2	F11	15,00	25CY075	6,91	0,84	9,11**	-8,54

¹Posição (cM) do QTL baseada região onde ocorreu o maior LOD. ²Distância (cM) entre o QTL e o marcador. ³Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador associado ao QTL. ⁴Efeito fenotípico. * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

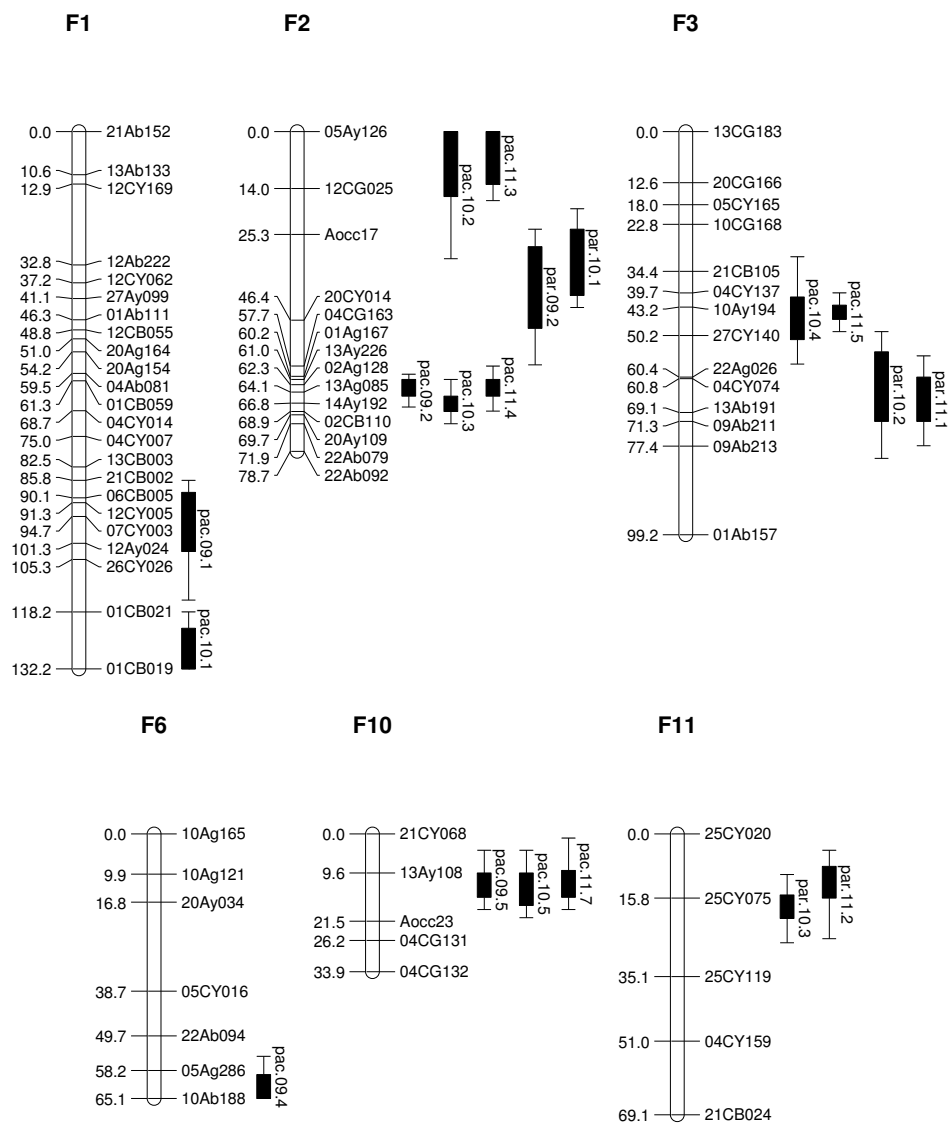


Figura 7. Localização dos QTLs identificados para diâmetro de copa no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

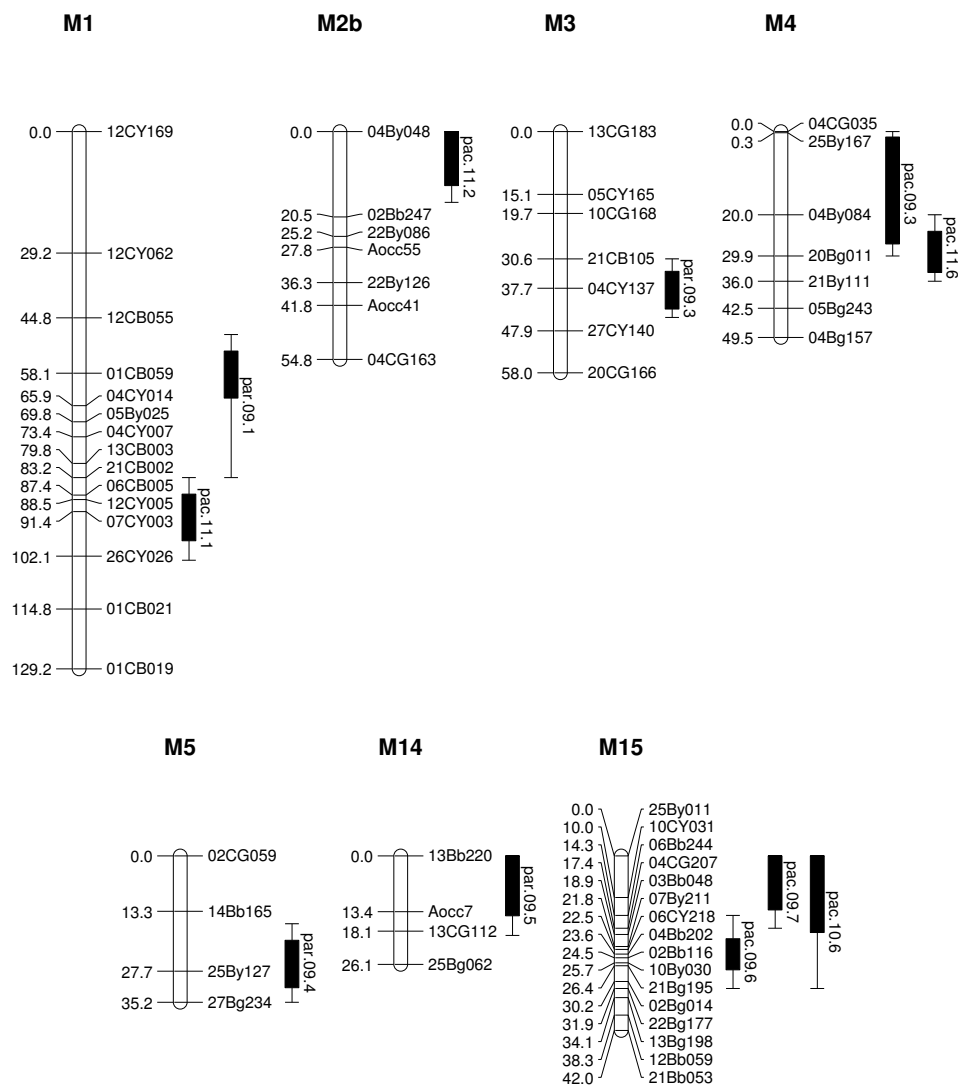


Figura 8. Localização dos QTLs identificados para diâmetro de copa no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

4.3. Antracnose

Foram observadas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre tratamentos (clones) para cinco dos seis ambientes estudados, com exceção de Paraipaba em 2009, onde praticamente todos os clones não apresentaram sintomas de antracnose (Tabela 14). Este fato pode ser explicado por condições ambientais desfavoráveis ao desenvolvimento do patógeno e com isso a doença não se manifestou, ficando impossível diferenciar os genótipos quanto à resistência ao fungo *Colletotrichum gloeosporioides* causador desta moléstia. Quanto aos demais ambientes, os resultados indicam que os clones da geração F_1 apresentaram comportamento diferencial, sendo condição favorável para realizar o melhoramento, ou seja, selecionar genótipos superiores resistentes à antracnose. Também foram observadas diferenças significativas ($p < 0,05$) entre as médias dos clones da geração F_1 e a média do clone-testemunha CCP 76, nos ambientes Pacajus (2009) e Paraipaba (2010 e 2011). No geral, a média de antracnose na geração F_1 foi maior que a média da testemunha, ou seja, os clones F_1 's foram mais susceptíveis ao patógeno causador da antracnose, pois apresentaram notas maiores de severidade de doença. Este fato já era esperado, pois o clone CCP 76 é considerado resistente a esta doença, como foi observado por Cardoso *et al.* (1999).

Os coeficientes de variação experimental (C_{Ve}) estiveram dentro da faixa considerada aceitável para experimentação em culturas perenes (CAVALCANTI *et al.*, 2000; PAIVA *et al.*, 2007). Dos C_{Ve} obtidos, 16,67% estavam abaixo de 10%, e 83,33% entre 10 e 20% (Tabela 15), o que mostra boa precisão experimental. Os coeficientes de variação genotípicos (C_{Vg}) observados no caráter antracnose, apresentaram valores moderados (13,48%) a altos (34,32%). Esses resultados foram superiores aos obtidos por Cardoso *et al.* (1999), que avaliaram a resistência de clones de cajueiro a antracnose, mofo-preto e mancha angular três das principais doenças desta cultura, onde os autores observaram valores de C_{Vg} variando entre 1,68% (mancha angular) e 10,68% (antracnose). Neste sentido, a população pode ser considerada apropriada para o programa de melhoramento genético, pois ganhos genéticos são esperados aplicando-se seleção.

Tabela 14. Resumo das análises de variância para a característica antracnose, referente a 83 clones da geração F₁ e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.¹

Fonte de variação	gl	Pacajus			Paraipaba		
		2009	2010	2011	2009	2010	2011
Quadrados médios							
Blocos	1	0,0001	0,0017	0,1601	0,0000	0,0328	0,1636
Tratamentos	83	0,2525 **	0,1645 **	0,0977 **	0,0010 ^{ns}	0,0754 **	0,1641 **
Genótipos F ₁ 's (G)	82	0,2539 **	0,1658 **	0,0988 **	0,0010 ^{ns}	0,0755 **	0,1636 **
G vs Testemunha	1	0,1396 *	0,0534 ^{ns}	0,0051 ^{ns}	0,0000 ^{ns}	0,0729 *	0,2074 *
Resíduo	83	0,0309	0,0217	0,0335	0,0010	0,0144	0,0461
Média geral		0,97	0,87	1,34	0,71	0,78	1,29
Média genótipos F ₁ 's		0,97	0,87	1,34	0,71	0,77	1,29
Média testemunha		0,71	0,71	1,29	0,71	0,97	0,97
Valor mínimo		0,71	0,71	0,71	0,71	0,71	0,71
Valor máximo		2,12	2,00	2,12	1,00	1,87	2,12
DMS - Tukey (5%)		0,78	0,65	0,81	0,14	0,53	0,95

¹Dados transformados por $\sqrt{x + 0,5}$. ^{ns} não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Tabela 15. Parâmetros genéticos para a característica antracnose, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Parâmetros genéticos	Pacajus			Paraipaba		
	2009	2010	2011	2009	2010	2011
σ_f^2	0,1269	0,0829	0,0494	0,0005	0,0377	0,0818
σ_e^2	0,0155	0,0109	0,0167	0,0005	0,0072	0,0231
σ_g^2	0,1115	0,0721	0,0327	0,0000	0,0305	0,0587
h^2 (%)	87,82	86,91	66,13	---	80,94	71,79
CVg (%)	34,32	30,80	13,48	---	22,58	18,79
CVe (%)	18,14	16,94	13,65	4,50	15,45	16,70
CVg/CVe	1,89	1,82	0,99	---	1,46	1,12

σ_f^2 : variância fenotípica. σ_e^2 : variância ambiental. σ_g^2 : variância genotípica. h^2 : herdabilidade. CVg: coeficiente de variação genotípico. CVe: coeficiente de variação experimental.

Foram observadas diferenças de comportamentos quanto à variância genotípica (σ_g^2), com estimativas de 0,0000 a 0,1115 (Tabela 15). A amplitude de variação foi próxima aos resultados obtidos por Cardoso *et al.* (1999). Os autores observaram valores variando entre 0,04 (mancha angular) a 0,07 (antracnose), estando de acordo com os resultados normalmente encontrados para doenças em cajueiro. A razão CVg/CVe variou entre 0,99 a 1,89, sendo uma situação muito favorável para o processo de seleção pois, segundo Rosado *et al.* (2009), quando a relação entre o coeficiente de variação genético (CVg) e o coeficiente de variação ambiental (CVe) tende a 1,0 ou mais, há uma situação favorável para a obtenção de ganhos na seleção. As estimativas de herdabilidade no sentido amplo variaram entre 66,13% e 87,82%, o que é uma condição favorável à seleção para resistência ao caráter antracnose. Essas estimativas com diferenças entre locais e anos evidenciam a predominância da variabilidade genética em relação à ambiental e, também, condições favoráveis para a realização de seleção e melhoramento nas duas localidades.

A análise de variância conjunta dos anos de 2009, 2010 e 2011 indicou que houve diferença significativa ($p < 0,01$) para antracnose, entre os clones de cajueiro (Tabela 16). Os efeitos da interação ano por local foram significativos ($p < 0,01$), indicando que os efeitos das combinações entre ano e local são importantes para a ocorrência da doença, sendo este caráter afetado pelas mudanças do ambiente. A interação tripla local por ano por clone, também, foi significativa ($p < 0,01$) o que indica que os clones responderam de forma diferenciada às variações do ambiente. Este fato pode estar associado a uma possível interação QTL x

ambiente, ou seja, genes expressando-se em condições ambientais específicas ou em determinada idade da planta.

Tabela 16. Análise de variância conjunta para antracnose de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011.¹

Fonte de variação	GL	Quadrado médio
Local	1	4,4661 **
Ano	2	26,3775 **
Clone	83	0,2556 **
Bloco(local)	2	0,0285 ns
Ano x clone	166	0,0961 **
Local x clone	83	0,1585 **
Local x ano	2	1,0423 **
Ano x bloco(local)	4	0,0760 *
Bloco x clone(local)	166	0,0256 ns
Local x ano x clone	166	0,0717 **
Erro	332	0,0243
CVe (%)	15,7	
Média	0,99	

¹Dados transformados por $\sqrt{x + 0,5}$. ns não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

A ocorrência e a intensidade de fitomoléstias, como a antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*), uma das doenças mais importantes do cajueiro no Nordeste do Brasil, têm provocado severas perdas na produção e redução da qualidade dos frutos. No processo seletivo de clones de cajueiro anão precoce, diversos atributos têm sido considerados. Entretanto, o uso da resistência genética a doenças ainda é pouco conhecida e explorada em razão da indisponibilidade de clones resistentes, devido à escassez de trabalhos de seleção e incorporação de genótipos com essas características nos programas de melhoramento genético do cajueiro anão (CAVALCANTI *et al.*, 2000).

Com relação ao teste de médias da análise conjunta, os clones estudados foram separados em seis grupos (a; b; c; d; e; f), sendo que apenas três clones da geração F₁ foram considerados como susceptíveis (44, 3, 19 - grupo e) e um como altamente susceptível (40 - grupo f) por apresentarem as maiores médias para o caráter antracnose, ou seja, maior severidade da doença, diferindo do clone-testemunha CCP 76, classificado como resistente (grupo a) (Tabela 17).

Tabela 17. Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica antracnose (ANT).

Tratamentos	r	ANT	Tratamentos	r	ANT	Tratamentos	r	ANT
73	1	0,00 a	67	29	0,42 a	71	57	0,63 b
79	2	0,17 a	30	30	0,42 a	60	58	0,67 b
53	3	0,21 a	34	31	0,42 a	72	59	0,67 b
7	4	0,25 a	14	32	0,46 a	10	60	0,71 b
45	5	0,25 a	20	33	0,46 a	12	61	0,71 b
83	6	0,25 a	26	34	0,46 a	74	62	0,71 b
31	7	0,29 a	32	35	0,46 a	5	63	0,75 b
33	8	0,29 a	37	36	0,46 a	27	64	0,75 b
47	9	0,29 a	39	37	0,46 a	63	65	0,75 b
21	10	0,33 a	56	38	0,46 a	68	66	0,75 b
23	11	0,33 a	57	39	0,46 a	77	67	0,79 b
69	12	0,33 a	9	40	0,50 b	4	68	0,83 c
70	13	0,33 a	18	41	0,50 b	36	69	0,83 c
80	14	0,33 a	52	42	0,50 b	17	70	0,88 c
16	15	0,38 a	55	43	0,50 b	51	71	0,88 c
48	16	0,38 a	58	44	0,50 b	2	72	0,92 c
59	17	0,38 a	82	45	0,54 b	15	73	1,00 c
62	18	0,38 a	6	46	0,54 b	50	74	1,00 c
64	19	0,38 a	8	47	0,54 b	29	75	1,08 d
65	20	0,38 a	54	48	0,54 b	35	76	1,08 d
78	21	0,38 a	43	49	0,58 b	49	77	1,17 d
81	22	0,38 a	61	50	0,58 b	13	78	1,21 d
84 (CCP 76)	23	0,38 a	76	51	0,58 b	75	79	1,25 d
1	24	0,42 a	22	52	0,58 b	38	80	1,33 d
25	25	0,42 a	11	53	0,63 b	44	81	1,50 e
28	26	0,42 a	24	54	0,63 b	3	82	1,63 e
42	27	0,42 a	41	55	0,63 b	19	83	1,83 e
46	28	0,42 a	66	56	0,63 b	40	84	2,25 f

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

No geral, os clones avaliados para esta característica foram considerados como resistentes (grupo a - com 39 clones, sendo 38 F₁'s e o CCP 76) ou moderadamente resistente (grupo b) com 28 clones, o que corresponde a 45,78% e 33,73% da geração F₁, respectivamente (Tabela 17). Este fato pode ser explicado pela combinação de alelos favoráveis dos genitores, no qual o genitor feminino CCP 1001 é considerado resistente (CARDOSO *et al.*, 1999) e o genitor masculino CP 96 é considerado tolerante (CAVALCANTI; WILKINSON, 2007) à antracnose. Os resultados indicam a presença de variabilidade genética entre os clones, possibilitando o progresso genético por meio da seleção e a incorporação dos genótipos com maior grau de resistência, ao programa de melhoramento genético desta espécie, visando à introdução de resistência em materiais de interesse econômico.

O caráter antracnose não apresentou um padrão contínuo de distribuição na população F₁ mapeada (Figura 9). Este fato indica que a herança deste é mais simples, podendo ser considerado como semi-quantitativo, como discutido por Stuber *et al.* (1999). Também devemos destacar a menor variabilidade genética observada entre os genitores, sendo um considerado resistente e o outro tolerante a esta doença e que provavelmente os alelos de resistência já estão fixados reduzindo a segregação dos clones da geração F₁, limitando o mapeamento de QTLs para este caráter. A frequência de indivíduos abaixo da média da população mapeada para este caráter foi significativamente maior em relação à frequência de indivíduos acima da média em Pacajus nos anos de 2009 (72%), 2010 (77%) e 2011 (61%) e em Paraipaba nos anos de 2009 (97%) e 2010 (85%). Já em Paraipaba no ano de 2011, o caráter antracnose apresentou a mesma frequência de indivíduos acima e abaixo da média da população mapeada.

A análise de QTL não foi realizada nos dados de Paraipaba em 2009, pois os tratamentos (clones) não apresentaram sintomas de antracnose (Tabela 14), ficando impossível diferenciar os genótipos quanto à resistência ao fungo *Colletotrichum gloeosporioides* causador desta moléstia. Com base na análise de mapeamento de QTLs múltiplos para antracnose, foi possível detectar vinte QTLs associados a quinze marcadores diferentes nos cinco ambientes estudados (Tabela 18). O número de QTLs detectados por ambiente variou entre dois (Paraipaba em 2011) e seis (Paraipaba 2010). Com base nos resultados obtidos podemos concluir que o controle genético desta característica é complexo e sofre influência do ambiente. Os QTLs identificados devem ser validados, ou seja, deve-se determinar a eficiência de seleção que eles terão em outras populações de cajueiro.

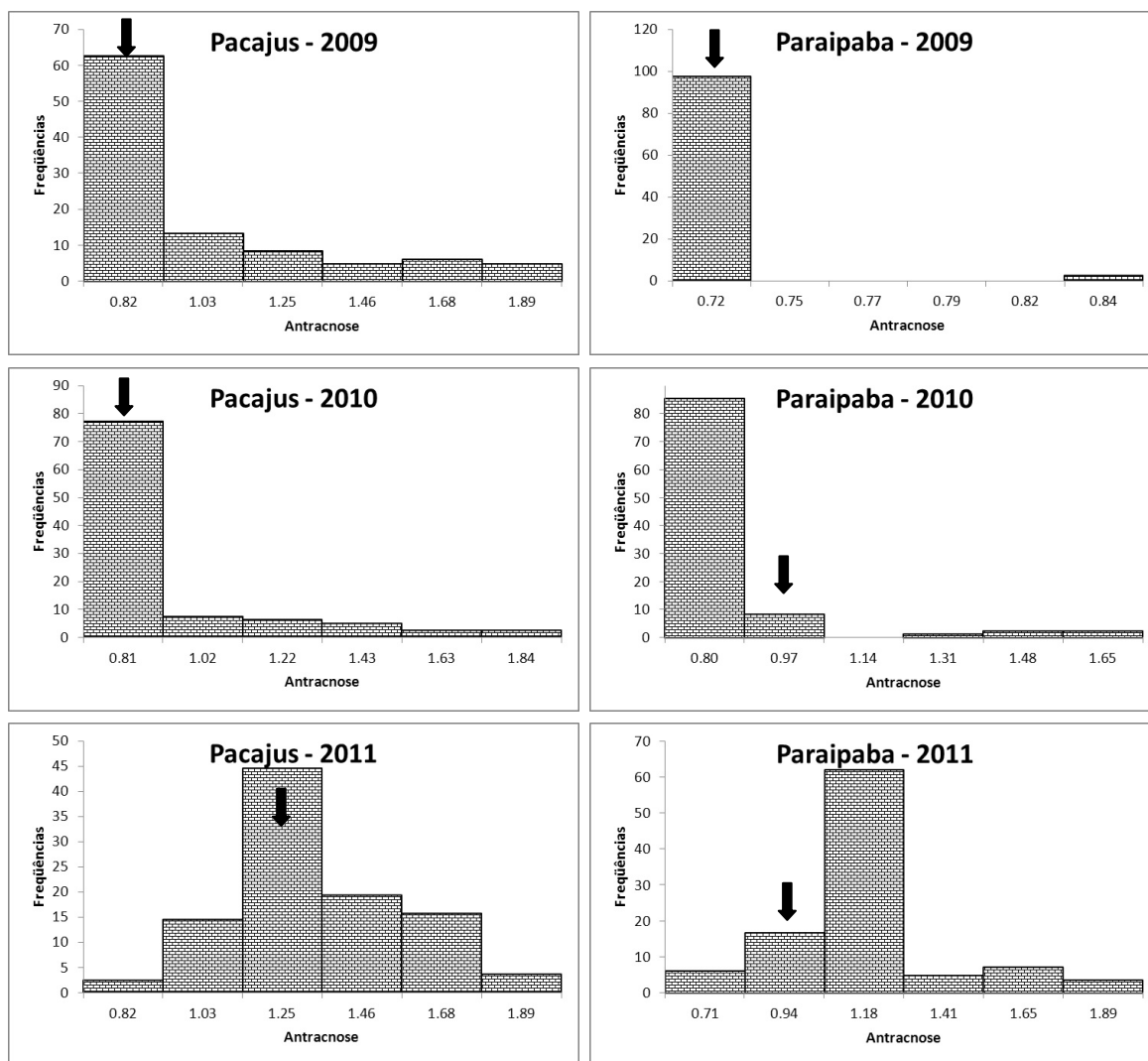


Figura 9. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o caráter antracnose em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence.

Tabela 18. Descrição dos QTLs candidatos para a característica antracnose detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos.

Local	Ano	QTL	Grupo	Posição ¹	Marcador	LOD	Distância ²	R ² (%) ³	EF (%) ⁴
Pacajus	2009	pac.09.1	F4	104,48	13Ab032	9,40	7,48	4,34	-14,35
		pac.09.2	F11	39,14	25CY119	3,40	4,00	5,47*	-19,04
		pac.09.3	M14	14,45	Aocc7	5,51	1,00	6,21*	-16,59
		pac.09.4	M15	22,52	06CY218	4,58	0,00	3,18	-12,93
Pacajus	2010	pac.10.1	F2	73,94	22Ab079	16,04	2,00	7,52*	-15,45
		pac.10.2	F12	22,00	04CG245	14,28	4,70	4,29	-13,07
		pac.10.3	M15	24,55	06CY218	10,99	2,03	3,94	-13,03
		pac.10.4	F15	0,00	10Ag054	12,75	0,00	10,68**	-19,78
		pac.10.5	M20	10,00	22By213	3,91	0,29	19,42**	-25,26
Pacajus	2011	pac.11.1	F3	94,35	01Ab157	3,77	4,88	2,87	-5,43
		pac.11.2	F4	110,48	13Ab032	4,99	1,48	3,62	-6,18
		pac.11.3	F11	51,00	04CY159	3,99	0,00	4,06	-7,84
Paraipaba	2010	par.10.1	F2	60,20	01Ag167	13,50	0,00	3,72	-9,53
		par.10.2	F3	89,35	01Ab157	24,58	9,88	5,70*	12,77
		par.10.3	M6	0,00	01Bb016	17,79	0,00	3,98	-9,06
		par.10.4	F11	69,09	21CB024	18,93	0,00	3,35	11,07
		par.10.5	F12	46,72	13Ay019	14,99	8,00	7,29*	14,89
		par.10.6	M15	23,52	02Bb116	31,44	1,03	4,18	-9,85
Paraipaba	2011	par.11.1	F2	60,20	01Ag167	3,00	0,00	9,60**	15,53
		par.11.2	M6	15,67	07By235	3,34	0,00	9,91**	14,20

¹Posição (cM) do QTL baseada região onde ocorreu o maior LOD. ²Distância (cM) entre o QTL e o marcador. ³Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador associado ao QTL. ⁴Efeito fenotípico. Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL. * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Timmerman-Vaughan *et al.* (2002), mapearam QTLs para resistência ao fungo *Mycosphaerella pinodes* em ervilha e identificaram treze QTLs em sete grupos de ligação, ou seja, o controle genético desta doença é quantitativo. Oito dos QTLs foram detectados em dois ou mais ambientes. No entanto, segundo os autores, para a implantação da seleção assistida, faz-se necessário a realização de outros estudos, incluindo a validação dos QTLs detectados e dos efeitos destes em diferentes germoplasmas.

Os grupos de ligação (cromossomos) F2, F11 e M15 apresentaram QTLs em três dos cinco ambientes estudados, demonstrando a importância destas regiões no controle genético da antracnose (Tabela 18; Figuras 10 e 11). Também devem ser destacados os grupos de ligação F15 e M20, com QTLs identificados em apenas um ambiente, mais com boa explicação da variação fenotípica ($R^2 > 10\%$). Os QTLs explicaram entre 2,87% (pac.11.1) e 19,42% (pac.10.5) da variação fenotípica total, sendo considerados QTLs de efeito menor e moderado, respectivamente. Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -25,26% (22By213 - pac.10.5) e 15,53% (01Ag167 - par.11.1), ou seja, a presença desses marcadores conferiu um decréscimo ou acréscimo na característica antracnose em relação a média dos genótipos que não o possuem, indicando ligação entre marcador e QTL.

Xia *et al.* (1999), mapearam e caracterizaram QTLs associados à resistência do milho ao vírus do mosaico da cana (SCMV - *Sugarcane mosaic virus*). Os autores identificaram cinco QTLs para resistência ao SCMV, localizados nos cromossomos 1, 3, 5, 6 e 10, sendo dois QTL maiores nos cromossomos 3 e 6, detectados consistentemente nos dois ambientes estudados. Segundo os autores, estes QTLs são os mais adequados para a seleção assistida por marcadores, aumentando a precisão no processo seletivo do caráter, que sofre forte influência do ambiente na expressão da resistência e apresenta alto custo de avaliação.

Com base nos resultados das análises de QTL podemos concluir que o controle genético do caráter antracnose é quantitativo, sofrendo influência ambiental e variando ao longo do tempo. Neste sentido, os marcadores 01Ag167 (F2); 01Ab157 (F3); 13Ab032 (F4); 06CY218 (M15), são os que tem maior potencial para serem utilizados na seleção assistida para antracnose, pois foram os mais estáveis. Já os marcadores 10Ag054 (F15) e 22By213 (M20), também, devem ser destacados por apresentarem boa explicação da variação fenotípica e efeito fenotípico, ressaltando a importância dessas regiões no controle do caráter.

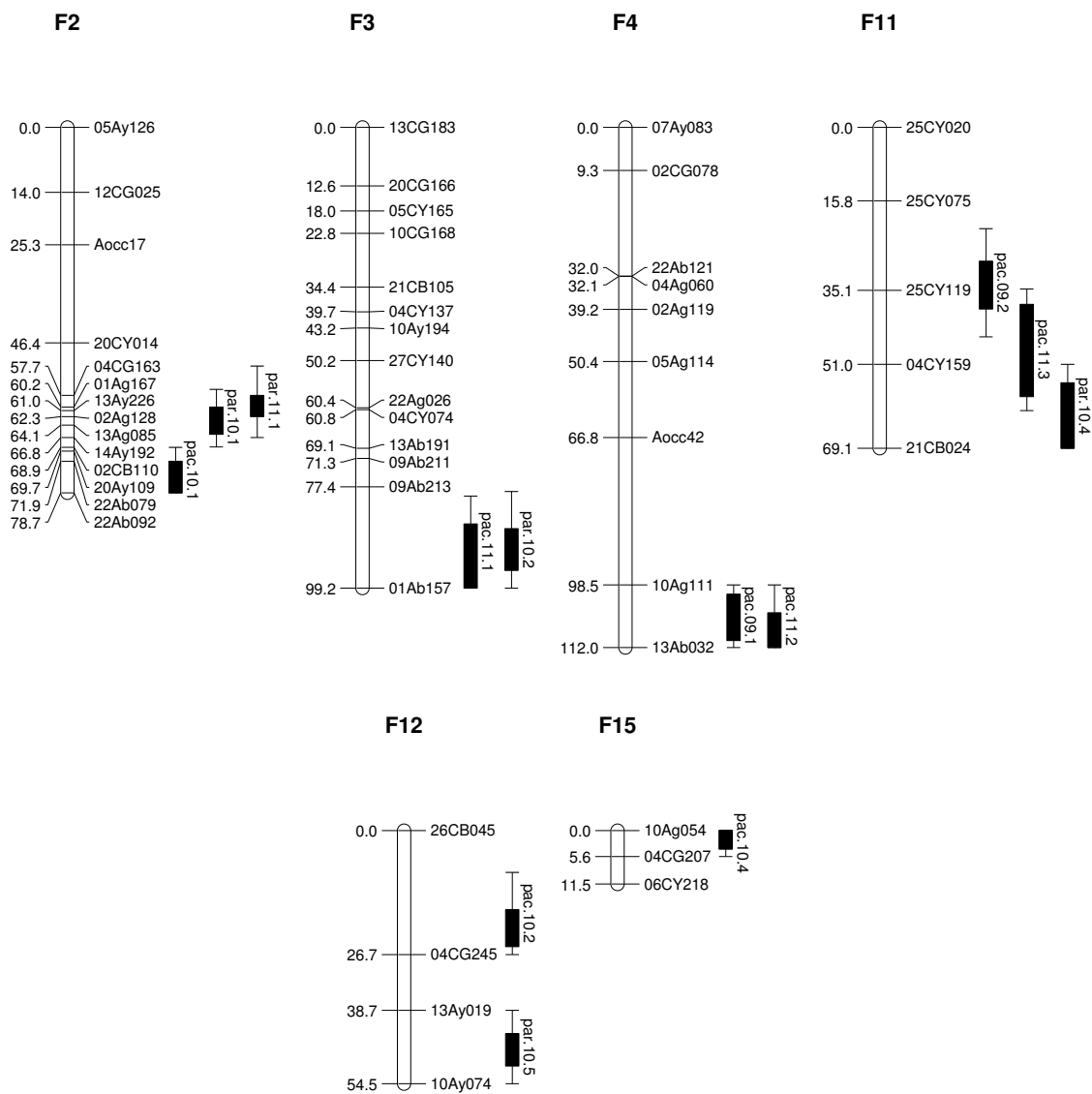


Figura 10. Localização dos QTLs identificados para antracnose no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

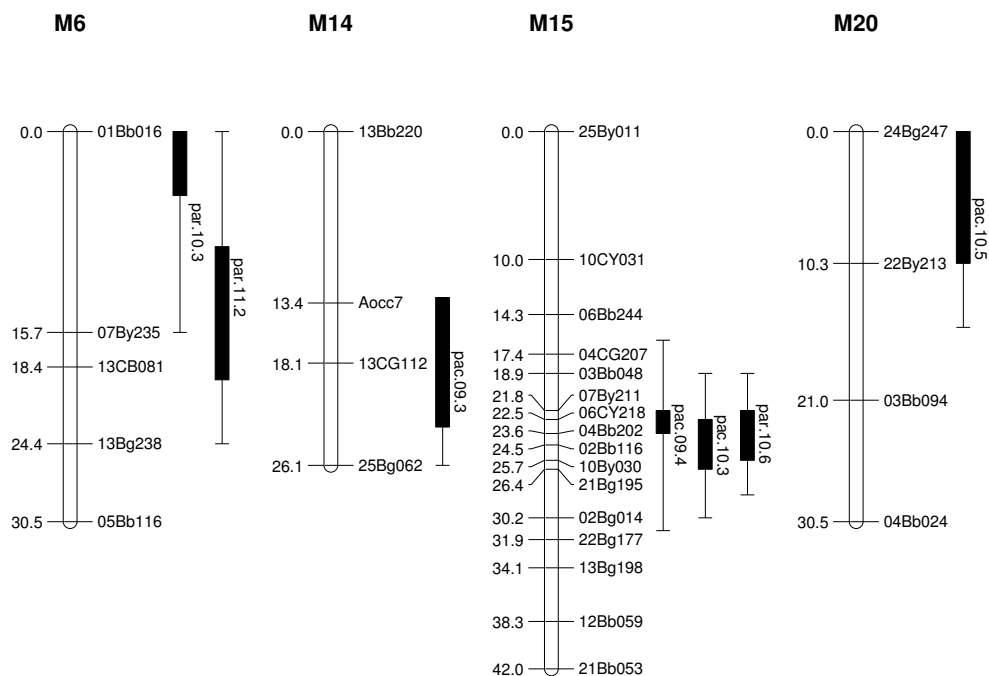


Figura 11. Localização dos QTLs identificados para antracnose no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

4.4. Mofo-Preto

Os resultados das análises de variância evidenciam a existência de variabilidade genética nos clones da geração F_1 quanto à resistência ao mofo-preto (*Pilgeriella anacardii*). Os tratamentos (clones) apresentaram diferenças significativas ($p < 0,01$) entre eles, sendo uma condição favorável para a realização de melhoramento (Tabela 19), sugerindo a possibilidade de sucesso na seleção para alteração do caráter. Também foram observadas diferenças significativas ($p < 0,05$) entre as médias dos clones da geração F_1 e a testemunha CCP 76, com exceção do ano de 2011, em Paraipaba. No geral, a média de mofo-preto na geração F_1 foi menor que a observada na testemunha, ou seja, os clones F_1 's foram mais resistentes ao patógeno causador da doença.

Os coeficientes de variação experimental (CVe) estiveram dentro da faixa considerada aceitável para experimentação em culturas perenes, variando entre 9,78% e 20,77% (Tabela 20). Os resultados foram próximos aos observados por Cavalcanti *et al.* (2000), quando os autores avaliaram a resistência genética de clones de cajueiro anão precoce ao mofo-preto, indicando boa precisão experimental. Os coeficientes de variação genética (CVg), observados para o caráter mofo-preto apresentaram valores moderados, variando entre 10,13% e 20,74%. Esses resultados são superiores aos obtidos por Cardoso *et al.* (1999), quando os autores, avaliando a resistência de clones de cajueiro a antracnose, mofo-preto e mancha-angular, observaram valores de CVg de 12,54%, para o caráter mofo-preto. Também foram observadas diferenças de comportamento quanto à variância genotípica (σ_g^2), com estimativas de 0,0116 a 0,0687, apresentando valores superiores aos resultados obtidos por Cardoso *et al.* (1999). Esses resultados indicam presença de variabilidade genética entre os clones, possibilitando progresso genético por meio de seleção e incorporação dos genótipos com maior grau de resistência ao programa de melhoramento genético da cultura, visando à introdução de resistência em materiais de interesse econômico.

Tabela 19. Resumo das análises de variância para a característica mofo-preto, referente a 83 clones da geração F₁ e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.¹

Fonte de variação	gl	Pacajus			Paraipaba		
		2009	2010	2011	2009	2010	2011
Quadrados médios							
Blocos	1	0,0169	0,6784	0,0001	0,0223	0,3201	0,0007
Tratamentos	83	0,1533 **	0,1451 **	0,1210 **	0,0604 **	0,1776 **	0,1511 **
Genótipos F ₁ 's (G)	82	0,1370 **	0,1374 **	0,1191 **	0,0582 *	0,1729 **	0,1518 **
G vs Testemunha	1	1,4906 **	0,7787 **	0,2789 **	0,2423 *	0,5625 **	0,0943 ^{ns}
Resíduo	83	0,0448	0,0463	0,0349	0,0349	0,0355	0,0303
Média geral		1,14	1,04	1,75	1,07	1,47	1,78
Média genótipos F ₁ 's		1,13	1,03	1,75	1,06	1,46	1,78
Média testemunha		2,00	1,66	2,12	1,41	2,00	2,00
Valor mínimo		0,71	0,71	1,00	0,71	0,71	0,71
Valor máximo		2,12	1,87	2,12	1,58	2,12	2,12
DMS – Tukey (5%)		0,93	0,95	0,82	0,83	0,83	0,77

¹Dados transformados por $\sqrt{x + 0,5}$. ^{ns} não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Tabela 20. Parâmetros genéticos para a característica mofo-preto, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Parâmetros genéticos	Pacajus			Paraipaba		
	2009	2010	2011	2009	2010	2011
σ_f^2	0,0685	0,0687	0,0595	0,0291	0,0865	0,0759
σ_e^2	0,0224	0,0232	0,0174	0,0175	0,0178	0,0151
σ_g^2	0,0461	0,0455	0,0421	0,0116	0,0687	0,0607
h^2 (%)	67,31	66,27	70,72	39,96	79,46	80,04
CVg (%)	19,05	20,74	11,76	10,13	17,92	13,87
CVe (%)	18,60	20,77	10,67	17,50	12,83	9,78
CVg/CVe	1,02	1,00	1,10	0,58	1,40	1,42

σ_f^2 : variância fenotípica. σ_e^2 : variância ambiental. σ_g^2 : variância genotípica. h^2 : herdabilidade. CVg: coeficiente de variação genotípico. CVe: coeficiente de variação experimental.

A razão CVg/CVe, variou entre 0,58 e 1,42, sendo que cinco dos seis ambientes avaliados apresentaram valores $\geq 1,0$, indicando uma situação muito favorável seleção (Tabela 20). Esse índice, quando superior à unidade, indica que o componente genético é pouco influenciado pelo ambiente; permitindo a seleção de genótipos superiores resistentes ao mofo-preto (CAVALCANTE *et al.*, 2012). As estimativas de herdabilidade no sentido amplo variaram entre 39,96 a 80,04%, sendo que cinco dos seis ambientes estudados apresentaram valores de herdabilidade superior a 65%. Os resultados foram próximos aos observados por Cavalcanti *et al.* (2000), que observaram herdabilidade de 85,20% para mofo-preto. Essas estimativas, com diferenças entre locais e anos, evidenciam a predominância da variabilidade genética em relação à ambiental e, também, condições favoráveis para a realização de seleção e melhoramento nas duas localidades.

A análise de variância conjunta dos anos de 2009, 2010 e 2011 indicou que houve diferença significativa ($p < 0,01$) para mofo-preto, entre os clones de cajueiro (Tabela 21). Os efeitos da interação ano por local foram significativos ($p < 0,01$), indicando que os efeitos das combinações entre ano e local são importantes para a ocorrência da doença, sendo este caráter afetado pelas mudanças do ambiente. A interação tripla local por ano por clone, também, foi significativa ($p < 0,01$), o que indica que os clones responderam de forma diferenciada às variações do ambiente. Este fato pode estar associado a uma possível interação QTL x ambiente, ou seja, genes expressando-se em condições ambientais específicas ou em determinada idade da planta. Fato que poderá ser confirmado por meio das análises de QTL.

Tabela 21. Análise de variância conjunta para mofo-preto de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011.¹

Fonte de variação	GL	Quadrado médio
Local	1	4,7327 **
Ano	2	40,9157 **
Clone	83	0,3451 **
Bloco(local)	2	0,1763 **
Ano x clone	166	0,0889 **
Local x clone	83	0,0962 **
Local x ano	2	5,9658 **
Ano x bloco(local)	4	0,1598 **
Bloco x clone(local)	166	0,0475 **
Local x ano x clone	166	0,0854 **
Erro	332	0,0325
CVe (%)	13,09	
Média	1,38	

¹Dados transformados por $\sqrt{x + 0,5}$. ** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Há escassez de trabalhos de seleção e incorporação de genótipos resistentes ao mofo-preto, nos programas de melhoramento genético do cajueiro anão. A ocorrência e a intensidade desta fitomoléstia têm provocado severas perdas na produção e qualidade dos frutos no Nordeste do Brasil (CAVALCANTI *et al.*, 2000). Os clones estudados foram separados em cinco grupos (a; b; c; d; e), pelo teste de médias da análise conjunta, sendo que apenas dois clones da geração F₁ foram considerados como altamente susceptíveis (56 e 32 - grupo e). Estes genótipos apresentaram médias altas para o caráter mofo-preto, ou seja, alta severidade da doença, não diferindo do clone-testemunha CCP 76, que apresentou a maior média (3,04) para esta característica (Tabela 22). Este fato também foi observado por Cardoso *et al.* (1999), avaliando a resistência genética em trinta clones de cajueiro anão precoce, sendo o clone CCP 76 o tratamento que apresentou a maior média de severidade para o mofo-preto, confirmando assim a sua alta suscetibilidade a esta doença.

De acordo com os resultados, 20 clones F₁'s foram considerados resistentes (grupo a) e outros 24 clones foram considerados com resistência moderada (grupo b), o que corresponde a 24,10% e 28,92% da geração F₁, respectivamente (Tabela 22). Estes resultados tanto são muito favoráveis à seleção como permitem a utilização desses genótipos superiores em hibridações visando à transferência de alelos de resistência à doença, no programa de melhoramento genético do cajueiro.

Tabela 22. Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica mofo-preto (MP).

Tratamentos	r	MP	Tratamentos	r	MP	Tratamentos	r	MP
20	1	0,58 a	73	29	1,33 b	25	57	1,79 c
26	2	0,79 a	31	30	1,38 b	75	58	1,79 c
59	3	0,79 a	63	31	1,38 b	65	59	1,83 c
54	4	0,83 a	21	32	1,42 b	68	60	1,83 c
57	5	0,88 a	37	33	1,42 b	15	61	1,83 c
62	6	0,88 a	49	34	1,42 b	55	62	1,83 c
10	7	0,92 a	52	35	1,42 b	60	63	1,83 c
64	8	0,92 a	76	36	1,42 b	24	64	1,88 c
83	9	1,00 a	45	37	1,46 b	48	65	1,88 c
7	10	1,04 a	9	38	1,46 b	27	66	1,92 c
41	11	1,04 a	77	39	1,46 b	80	67	1,96 c
70	12	1,04 a	82	40	1,46 b	4	68	2,08 d
29	13	1,08 a	1	41	1,50 b	17	69	2,08 d
81	14	1,08 a	3	42	1,50 b	79	70	2,08 d
8	15	1,13 a	6	43	1,54 b	13	71	2,08 d
28	16	1,13 a	47	44	1,54 b	30	72	2,13 d
36	17	1,13 a	40	45	1,58 c	50	73	2,13 d
74	18	1,13 a	38	46	1,58 c	72	74	2,13 d
42	19	1,17 a	71	47	1,58 c	5	75	2,17 d
46	20	1,17 a	51	48	1,63 c	33	76	2,21 d
22	21	1,25 b	66	49	1,63 c	11	77	2,24 d
35	22	1,25 b	44	50	1,67 c	34	78	2,25 d
14	23	1,29 b	53	51	1,71 c	39	79	2,25 d
43	24	1,29 b	16	52	1,71 c	19	80	2,29 d
69	25	1,29 b	12	53	1,75 c	61	81	2,29 d
78	26	1,29 b	67	54	1,75 c	56	82	2,54 e
18	27	1,29 b	23	55	1,79 c	32	83	2,79 e
2	28	1,33 b	58	56	1,79 c	84 (CCP 76)	84	3,04 e

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

O caráter mofo-preto não apresentou um padrão contínuo de distribuição na população F₁ mapeada (Figura 12). Além disso, podemos observar, com exceção de Paraipaba em 2011, a elevada frequência de indivíduos (>90%), da geração F₁, superiores ao clone-testemunha CCP 76 (quanto menor a média mais resistente é o clone ao mofo-preto). A frequência de indivíduos abaixo da média da população mapeada para este caráter foi um pouco maior em relação à frequência de indivíduos acima da média, em Pacajus, nos anos de 2009 (55%) e 2010 (63%) e em Paraipaba no ano de 2010 (55%). Já no ano de 2011, em ambos os locais (Pacajus e Paraipaba), o caráter mofo-preto apresentou a mesma frequência de indivíduos acima e abaixo da média da população mapeada. Somente em Paraipaba, no ano de 2009, a frequência de indivíduos acima da média da população mapeada foi um pouco maior em relação à frequência de indivíduos abaixo da média. Este ambiente apresentou, também, a menor severidade da doença entre os seis ambientes estudados.

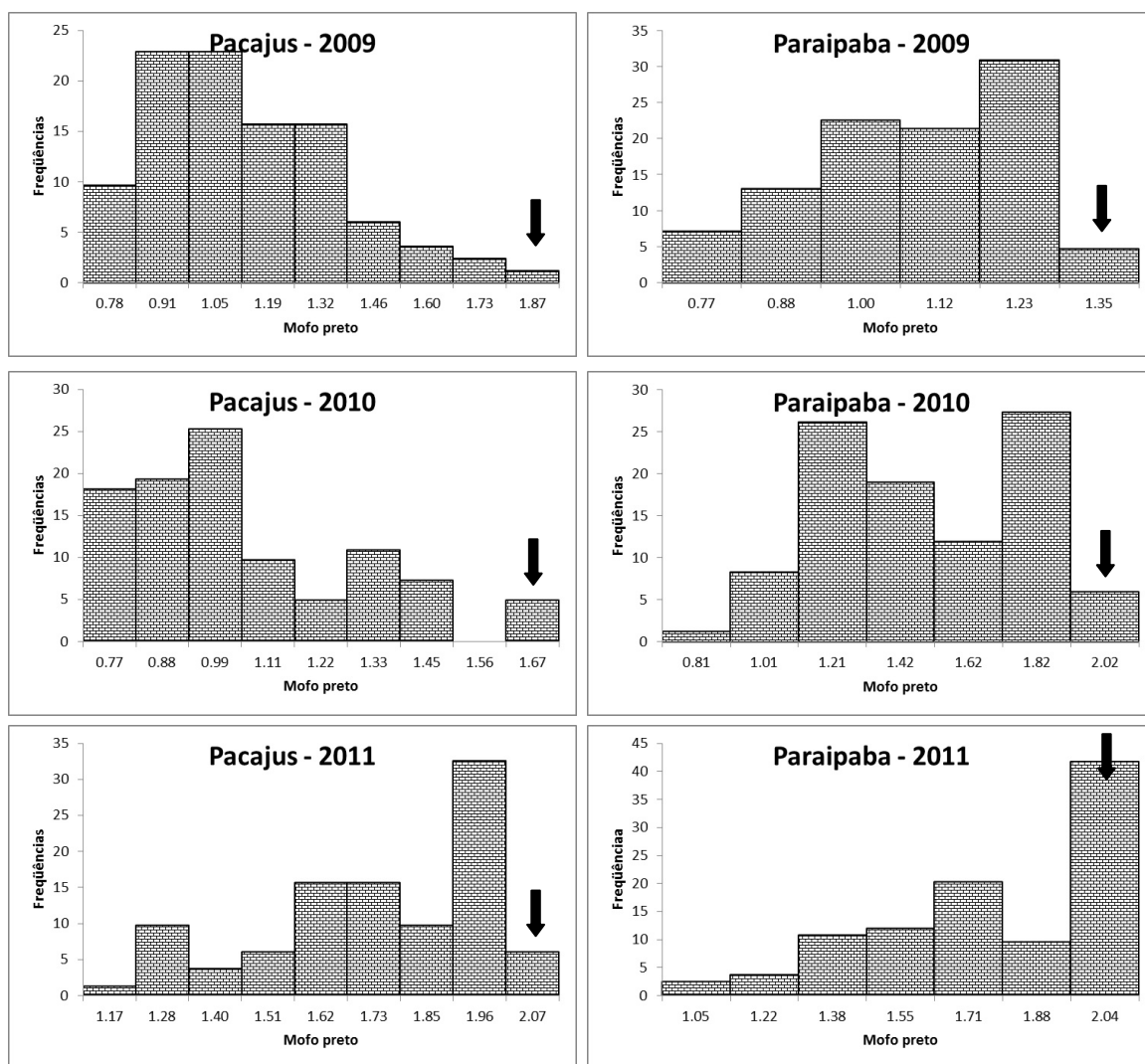


Figura 12. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o caráter mofo-preto em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-temunha CCP 76 pertence.

Com base na análise de mapeamento de QTLs múltiplos para mofo-preto, foi possível detectar 25 QTLs nos seis ambientes estudados (Tabela 23; Figuras 13 e 14). O número de QTLs detectados por ambiente variou entre três (Pacajus 2009 e 2010; Paraipaba em 2009) e sete (Paraipaba 2011). O grupo de ligação (cromossomos) F3 apresentou QTLs em cinco dos seis ambientes estudados, demonstrando a importância desta região no controle genético do caráter. Também devem ser destacados os grupos de ligação F5 e M15 com QTLs identificados em três ambientes e F2, F4, F6, com QTLs identificados em dois ambientes, mas com boa explicação da variação fenotípica ($R^2 > 9\%$). Com base nos resultados obtidos pode-se concluir que o controle genético desta característica é quantitativo e sofre influência do ambiente.

Os QTLs explicaram entre 2,54% (par.11.1) e 17,30% (par.11.6) da variação fenotípica total, sendo considerados QTLs de efeito menor e moderado, respectivamente (Tabela 23). Resultados próximos foram observados por Cavalcanti (2004), em trabalho de mapeamento genético e identificação de QTLs, em cajueiro, utilizando a metodologia de mapeamento por intervalo, no qual o autor detectou QTLs com explicação da variação fenotípica (R^2) variando entre 8,44 e 21,80 para o caráter mofo-preto.

Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -13,14% (Aocc17 - pac.09.1) e 19,70% (03Bb048 - pac.10.3), ou seja, a presença desses marcadores conferiram um decréscimo ou acréscimo no caráter mofo-preto em relação a média dos genótipos que não o possuíam (Tabela 23). Santos *et al.* (2011), em estudo visando identificar QTLs associados a qualidade físico-química do pedúnculo de caju, detectaram QTLs com efeito fenotípico variando entre -17,95 e 20,76. Esses valores foram próximos ao observado no presente estudo e indicam ligação entre marcador e QTL.

Com base nos resultados obtidos, os marcadores Aocc17 (F2), 10Ay194 (F3), 22Ab121 (F4), 13Ay265 (F5), 20Ay034 (F6), 25By127 (M5) e 03Bb048 (M15), são os que tem maior potencial para serem utilizados na seleção assistida para resistência ao mofo-preto, pois estão localizados nas regiões mais estáveis e/ou apresentarem boa explicação da variação fenotípica e efeito fenotípico.

Tabela 23. Descrição dos QTLs candidatos para a característica mofo-preto detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos.

Local	Ano	QTL	Grupo	Posição ¹	Marcador	LOD	Distância ²	R ² (%) ³	EF (%) ⁴
Pacajus	2009	pac.09.1	F2	25,02	Aocc17	3,23	0,31	9,26**	-13,14
		pac.09.2	F3	53,24	27CY140	3,84	3,00	2,72	9,43
		pac.09.3	F4	32,03	22Ab121	5,70	0,00	11,74**	17,74
Pacajus	2010	pac.10.1	F3	60,84	04CY074	3,10	0,00	3,44	-9,03
		pac.10.2	M5	33,67	25By127	3,32	6,00	6,23*	-12,07
		pac.10.3	M15	18,90	03Bb048	3,06	0,00	12,26**	19,70
Pacajus	2011	pac.11.1	F3	47,17	10Ay194	3,18	4,00	8,83**	8,68
		pac.11.2	F6	3,00	10Ag165	3,00	3,00	9,75**	-8,32
		pac.11.3	M11	1,00	21CB024	3,26	1,00	6,06*	8,17
		pac.11.4	M13	29,22	02CG108	3,42	0,00	7,92*	-8,51
Paraipaba	2009	par.09.1	M2b	51,83	Aocc41	3,02	10,00	9,53**	10,66
		par.09.2	F5	10,71	02Ag175	4,10	1,00	6,26*	-7,72
		par.09.3	M15	24,55	02Bb116	3,42	0,00	5,82*	8,13
Paraipaba	2010	par.10.1	F2	61,03	13Ay226	3,96	0,00	6,34*	-9,71
		par.10.2	F3	68,84	13Ab191	3,00	0,23	3,58	8,11
		par.10.3	F4	96,79	10Ag111	3,21	1,69	4,60	9,08
		par.10.4	M5	24,34	25By127	4,29	3,34	4,29	-7,96
		par.10.5	F5	20,16	10Ab195	3,26	1,75	2,86	7,11
Paraipaba	2011	par.11.1	F3	35,42	21CB105	3,68	1,00	2,54	5,52
		par.11.2	M5	35,16	27Bg234	3,28	0,00	3,38	5,86
		par.11.3	F5	3,20	13Ay265	4,72	0,00	12,67**	11,70
		par.11.4	F5	17,16	04Ag192	3,05	2,00	5,75*	7,75
		par.11.5	M6	19,41	13CB081	3,36	1,00	14,86**	15,18
		par.11.6	F6	16,85	20Ay034	4,43	0,00	17,30**	13,45
		par.11.7	M15	25,72	10By030	4,18	0,00	4,62	6,87

¹Posição (cM) do QTL baseada região onde ocorreu o maior LOD. ²Distância (cM) entre o QTL e o marcador. ³Percentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador associado ao QTL. ⁴Efeito fenotípico. Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL. * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

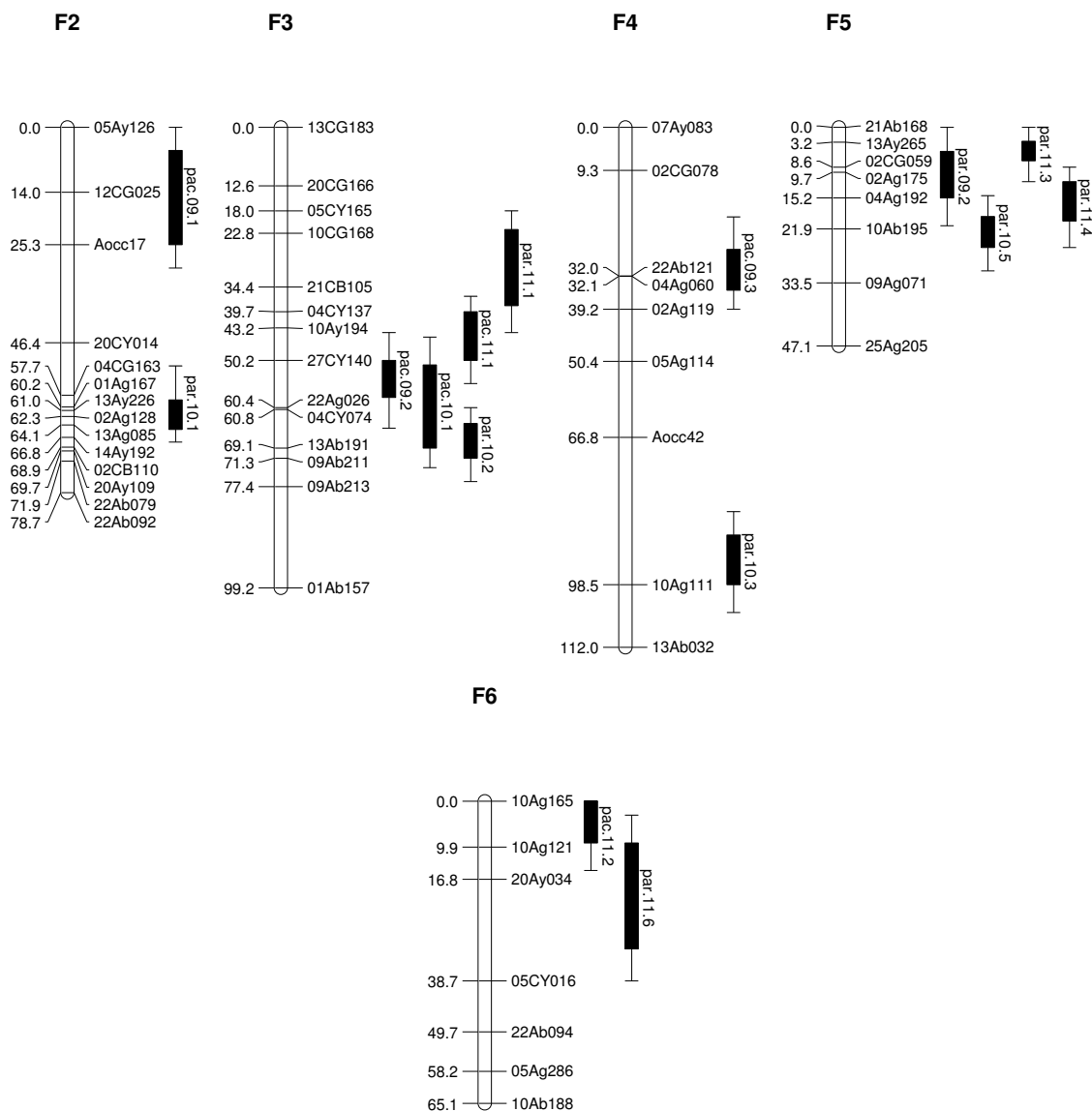


Figura 13. Localização dos QTLs identificados para mofo-preto no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

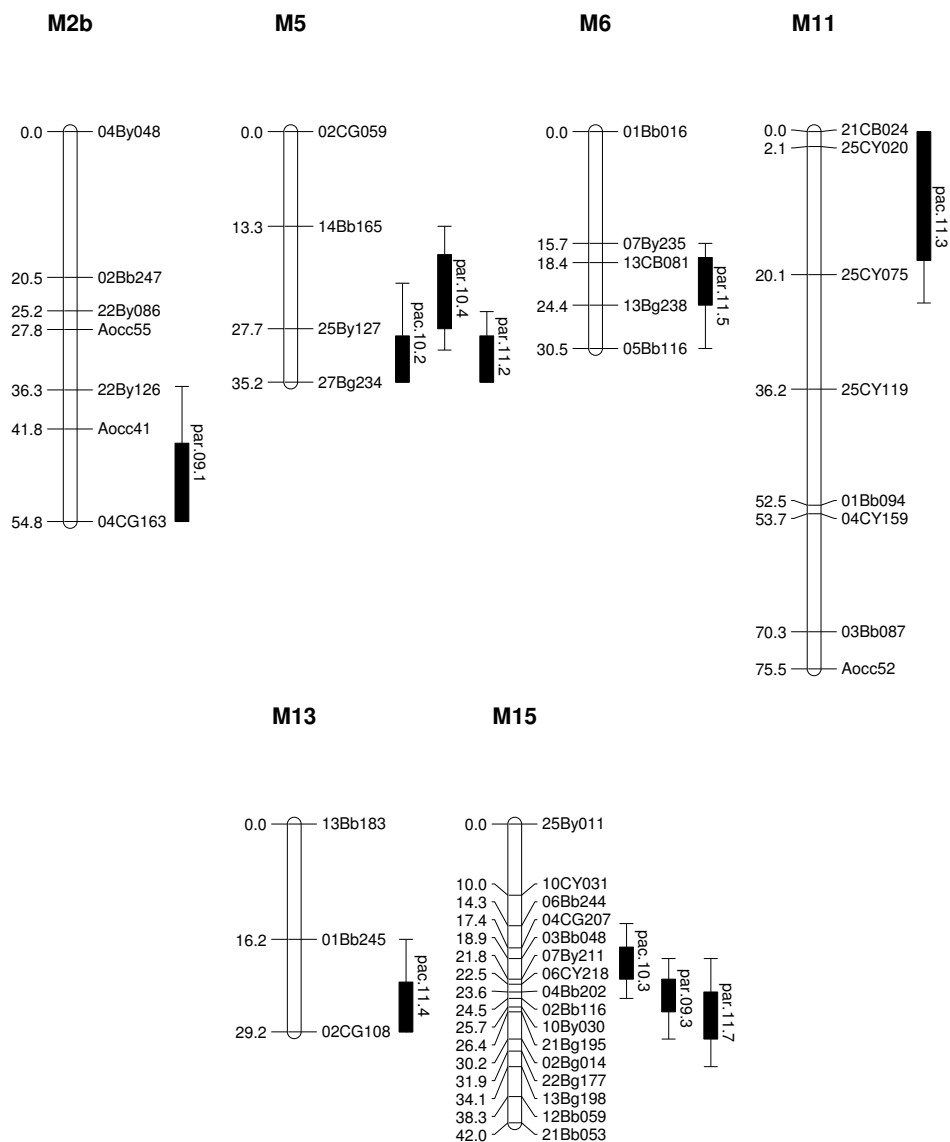


Figura 14. Localização dos QTLs identificados para mofo-preto no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

4.5. Flores hermafroditas

Os resultados das análises de variância evidenciam a existência de variabilidade genética para o número de flores hermafroditas nos clones da geração F_1 . Os tratamentos (clones) apresentaram diferenças significativas ($p < 0,01$), indicando que são diferentes entre si, sugerindo a possibilidade de sucesso na seleção deste caráter (Tabela 24). Também foram observadas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as médias dos clones da geração F_1 e a média do clone-testemunha CCP 76, com exceção de Pacajus, nos anos 2009 e 2011. No geral, o número de flores hermafroditas na geração F_1 foi maior que a média da testemunha. Esses resultados indicam a possibilidade de incorporação dos genótipos com maior número de flores hermafroditas/panícula no programa de melhoramento genético do cajueiro.

Os coeficientes de variação experimental (CVe) foram elevados para o caráter flores hermafroditas, mas estão dentro da faixa considerada aceitável para experimentação em culturas perenes (PAIVA *et al.*, 2008; DIAS *et al.*, 2011), com variação entre 35,70% e 44,86% (Tabela 25). Vieira *et al.* (2005), avaliando tipos de flores e frutificação de cajueiro anão precoce, também, observaram altos valores de CVe, sugerindo que as características associadas à floração são bastante variáveis e muito influenciados por fatores ambientais, como vento, chuva entre outros. Uma solução teórica para reduzir os valores de CVe seria o uso de um número maior de repetições, aumentando a precisão experimental (YOKOMIZO; FARIAS NETO, 2003). No entanto, também foram observados valores altos de coeficiente de variação genotípico (CVg), entre 22,16% e 41,61%. Este fato pode explicar os altos valores de CVe devido, a elevada variabilidade genética observada no caráter flores hermafroditas.

Segundo Dias *et al.* (2011), o CVg é um indicador importante da grandeza relativa das mudanças possíveis de serem obtidas em cada característica por meio da seleção. Estes autores, estimando parâmetros genéticos em mamoeiro, observaram CVg de 45,33 para o caráter número de flores por inflorescência. Valor próximo ao CVg máximo observado no caráter flores hermafroditas. Andrade *et al.* (2010), avaliaram parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi e observaram CVg variando entre 6,58% e 31,62%. Segundos os autores, as maiores estimativas para o CVg, indicam maior variabilidade e possibilitam a realização de seleção.

Tabela 24. Resumo das análises de variância para o caráter flores hermafroditas, referente a 83 clones da geração F₁ e a testemunha CCP 76, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Fonte de variação	gl	Pacajus			Paraipaba		
		2009	2010	2011	2009	2010	2011
Quadrados médios							
Blocos	1	37,7626	53,5846	82,8810	4372,2793	1280,3935	187,5186
Tratamentos	83	146,5350 **	67,5510 **	109,9127 **	342,6206 **	133,8003 **	145,1872 **
Genótipos F ₁ 's (G)	82	147,8747 **	64,5201 *	110,0476 **	335,7981 **	129,6073 **	140,0324 **
G vs Testemunha	1	36,6781 ^{ns}	316,0783 **	98,8437 ^{ns}	908,8881 **	481,8192 **	573,0415 **
Resíduo	83	60,9510	40,0865	52,2526	116,0501	63,5255	55,4886
Média geral		18,38	15,62	16,11	24,94	19,05	20,87
Média genótipos F ₁ 's		18,43	15,77	16,20	25,19	19,24	21,07
Média testemunha		14,13	3,13	9,13	3,75	3,63	4,04
Valor mínimo		1,00	0,75	1,50	0,33	2,50	2,00
Valor máximo		51,75	42,75	52,75	86,75	67,33	57,33
DMS – Tukey (5%)		34,46	27,95	31,91	47,59	35,21	32,91

^{ns} não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Tabela 25. Parâmetros genéticos para o caráter flores hermafroditas, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Parâmetros genéticos	Pacajus			Paraipaba		
	2009	2010	2011	2009	2010	2011
σ_f^2	73,9373	32,2601	55,0238	167,8991	64,8037	70,0162
σ_e^2	30,4755	20,0432	26,1263	58,0251	31,7628	27,7443
σ_g^2	43,4618	12,2168	28,8975	109,8740	33,0409	42,2719
h^2 (%)	58,78	37,87	52,52	65,44	50,99	60,37
CVg (%)	35,76	22,16	33,19	41,61	29,88	30,86
CVe (%)	42,47	40,53	44,86	43,19	41,83	35,70
CVg/CVe	0,84	0,55	0,74	0,96	0,71	0,86

σ_f^2 : variância fenotípica. σ_e^2 : variância ambiental. σ_g^2 : variância genotípica. h^2 : herdabilidade. CVg: coeficiente de variação genotípico. CVe: coeficiente de variação experimental.

A razão CVg/CVe variou entre 0,55 e 0,96 (Tabela 25), indicando que o processo de seleção destas características deverá ser realizado de maneira criteriosa. No entanto, segundo Resende e Duarte (2007), seleção eficiente pode ser realizada com valores menor que 1,0 para a razão CVg/CVe, podendo ser feitas inferências do valor genotípico das progênies. As estimativas dos parâmetros genéticos evidenciaram a existência de variabilidade genética, indicando uma condição favorável para a realização de seleção no intuito de obter clones com maior quantidade de número de flores hermafroditas/panícula.

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo variaram entre 37,87% e 65,44%, sendo que cinco dos seis ambientes estudados apresentaram valores de herdabilidade superior a 50% (Tabela 25). Vale ressaltar que a herdabilidade é propriedade não somente de um caráter, mas também da população e das circunstâncias ambientais às quais os indivíduos estão sujeitos. O valor da herdabilidade poderá ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes das variâncias genética e fenotípica (COSTA *et al.*, 2008). As diferentes estimativas encontradas nos anos e locais são, provavelmente, decorrentes dos diferentes genes que estão se expressando ao longo do desenvolvimento das plantas, com a influência dos anos e das condições ambientais.

A análise de variância conjunta indicou que houve diferença significativa ($p < 0,01$) para número de flores hermafroditas/panícula, entre os clones de cajueiro (Tabela 26). O efeito da interação local por ano foi significativo ($p < 0,05$) indicando que os efeitos das combinações entre local e ano são importantes para floração, sendo este caráter afetado pelas mudanças do ambiente. A interação tripla local por ano por clone, também, foi significativa

($p < 0,01$), o que indica que os clones responderam de forma diferenciada às variações do ambiente. Este fato pode estar associado a uma possível interação QTL x ambiente, ou seja, genes expressando-se em condições ambientais específicas ou em determinada idade da planta. Fato que poderá ser confirmado por meio das análises de QTL.

Tabela 26. Análise de variância conjunta para flores hermafroditas de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio
Local	1	6244,1742 **
Ano	2	1694,1368 **
Clone	83	307,5924 **
Bloco(local)	2	2273,4509 **
Ano x clone	166	111,5384 **
Local x clone	83	157,3969 **
Local x ano	2	211,2749 *
Ano x bloco(local)	4	378,1278 **
Bloco x clone(local)	166	82,6206 **
Local x ano x clone	166	131,4092 **
Erro	332	56,1734
CVe (%)	39,05	
Média	19,19	

* e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

O estudo da biologia floral do cajueiro é de suma importância, especialmente no que se refere aos aspectos botânicos e de melhoramento genético (SOUSA *et al.*, 2007). O número de flores hermafroditas/panícula variou significativamente entre plantas, indicando que pode ser utilizado como critério seguro para seleção de genótipos superiores de cajueiro. Os clones estudados foram separados, pelo teste de médias, em quatro grupos (a; b; c; d). Os doze clones do grupo a (23, 57, 14, 44, 8, 24, 48, 35, 9, 62, 32 e 42, respectivamente) foram os que apresentaram as melhores médias para o caráter número de flores hermafroditas/panícula, variando entre 32,03 e 24,99. Estes diferiram do clone-testemunha CCP 76 com média de 6,30 flores hermafroditas/panícula (Tabela 27). Em estudos realizados em Pacajus, CE, no cajueiro anão precoce foram registradas cerca de 201,9 flores por panícula, das quais apenas 3,9% eram hermafroditas (± 8 flores hermafroditas/panícula). Já no cajueiro comum foram observadas 173,8 flores por panícula, sendo 7,9% hermafroditas (± 14 flores hermafroditas/panícula) (BARROS *et al.*, 2002a). Os autores observaram percentagens de frutos formados que alcançaram o período de colheita de 9,9% e 10,3%, em cajueiro

comum e anão precoce, respectivamente. Neste sentido, podemos afirmar que os genótipos do grupo “a” possuem grande potencial produtivo.

Tabela 27. Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica flores hermafroditas (FH).

Tratamentos	r	FH	Tratamentos	r	FH	Tratamentos	r	FH
23	1	32,03 a	3	29	21,41 b	20	57	17,06 c
57	2	28,87 a	54	30	21,18 b	34	58	16,95 c
14	3	28,52 a	12	31	21,13 b	18	59	16,19 c
44	4	27,47 a	2	32	20,99 b	1	60	16,15 c
8	5	27,22 a	50	33	20,90 b	77	61	16,00 c
24	6	27,21 a	38	34	20,79 b	11	62	15,81 c
48	7	26,73 a	40	35	20,76 b	61	63	15,58 c
35	8	26,40 a	4	36	20,55 b	10	64	15,58 c
9	9	26,25 a	72	37	20,47 b	13	65	15,35 c
62	10	26,02 a	74	38	20,44 b	43	66	15,19 c
32	11	25,26 a	75	39	20,19 b	70	67	15,04 c
42	12	24,99 a	5	40	20,10 b	7	68	14,89 c
28	13	23,54 b	39	41	20,08 b	31	69	14,76 c
17	14	23,54 b	26	42	19,86 b	59	70	14,60 c
52	15	23,53 b	36	43	19,41 b	64	71	14,15 c
16	16	23,36 b	78	44	19,26 b	21	72	14,08 c
49	17	23,19 b	82	45	18,97 b	83	73	14,03 c
15	18	23,17 b	56	46	18,88 b	67	74	13,66 c
37	19	22,84 b	80	47	18,63 c	58	75	13,13 d
55	20	22,64 b	29	48	18,21 c	81	76	12,76 d
41	21	22,10 b	46	49	18,11 c	33	77	12,50 d
53	22	22,07 b	47	50	17,98 c	79	78	11,86 d
65	23	22,04 b	27	51	17,74 c	60	79	11,75 d
25	24	22,04 b	22	52	17,63 c	68	80	11,59 d
76	25	21,93 b	6	53	17,45 c	19	81	9,87 d
30	26	21,82 b	69	54	17,38 c	73	82	9,15 d
66	27	21,48 b	63	55	17,26 c	51	83	7,77 d
45	28	21,42 b	71	56	17,19 c	84 (CCP 76)	84	6,30 d

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

Baixo percentual de flores hermafroditas por panícula foi apontado por Vieira et al. (2005) como o principal fator da reduzida produção de frutos no cajueiro, ocorrendo dispêndio de energia com a produção de pólen e baixa eficiência reprodutiva. Neste sentido, o melhoramento desta espécie deve buscar a seleção de clones com alta frequência de flores hermafroditas/panícula e, com isso, aumentar o potencial produtivo dos clones de cajueiro.

O caráter flores hermafroditas apresentou um padrão contínuo de distribuição na população F₁ mapeada (Figura 15). 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. Além disso, pode-se observar, com exceção de Pacajus em 2009, a elevada frequência de indivíduos (>80%) da geração F₁ superiores ao clone-testemunha CCP 76, sendo uma condição muito favorável à seleção para este caráter. Somente em Paraipaba, no ano de 2011, a frequência de indivíduos abaixo da média da população mapeada foi um pouco menor em relação à frequência de indivíduos acima da média. Nos demais ambientes, a frequência de indivíduos acima da média da população mapeada foi um pouco maior em relação à frequência de indivíduos abaixo da média.

Com base na análise de mapeamento de QTLs múltiplos, foi possível detectar 27 QTLs associados a 24 marcadores diferentes para flores hermafroditas nos seis ambientes estudados (Tabela 28; Figuras 16 e 17). O número de QTLs detectados por ambiente variou entre três (Pacajus, 2010 e Paraipaba, 2009) e sete (Paraipaba, 2011). Com base nos resultados obtidos, pode-se concluir que o controle genético desta característica é quantitativo e sofre influência do ambiente. Em estudos futuros, os QTLs identificados devem ser validados para determinar a eficiência de seleção que eles terão em outras populações de cajueiro.

QTLs estáveis proporcionam uma excelente oportunidade para seleção de clones superiores, contribuindo para o aumento do potencial produtivo. O grupo de ligação (cromossomo) F3 apresentou QTLs em quatro dos seis ambientes, demonstrando a importância destas regiões no controle genético do caráter número de flores hermafroditas/panícula e a existência de 3 genes (QTLs) neste cromossomo (Tabela 28; Figura 16). Também devem ser destacados os grupos de ligação F2, M3 e M11, com QTL identificados em dois ou mais ambiente.

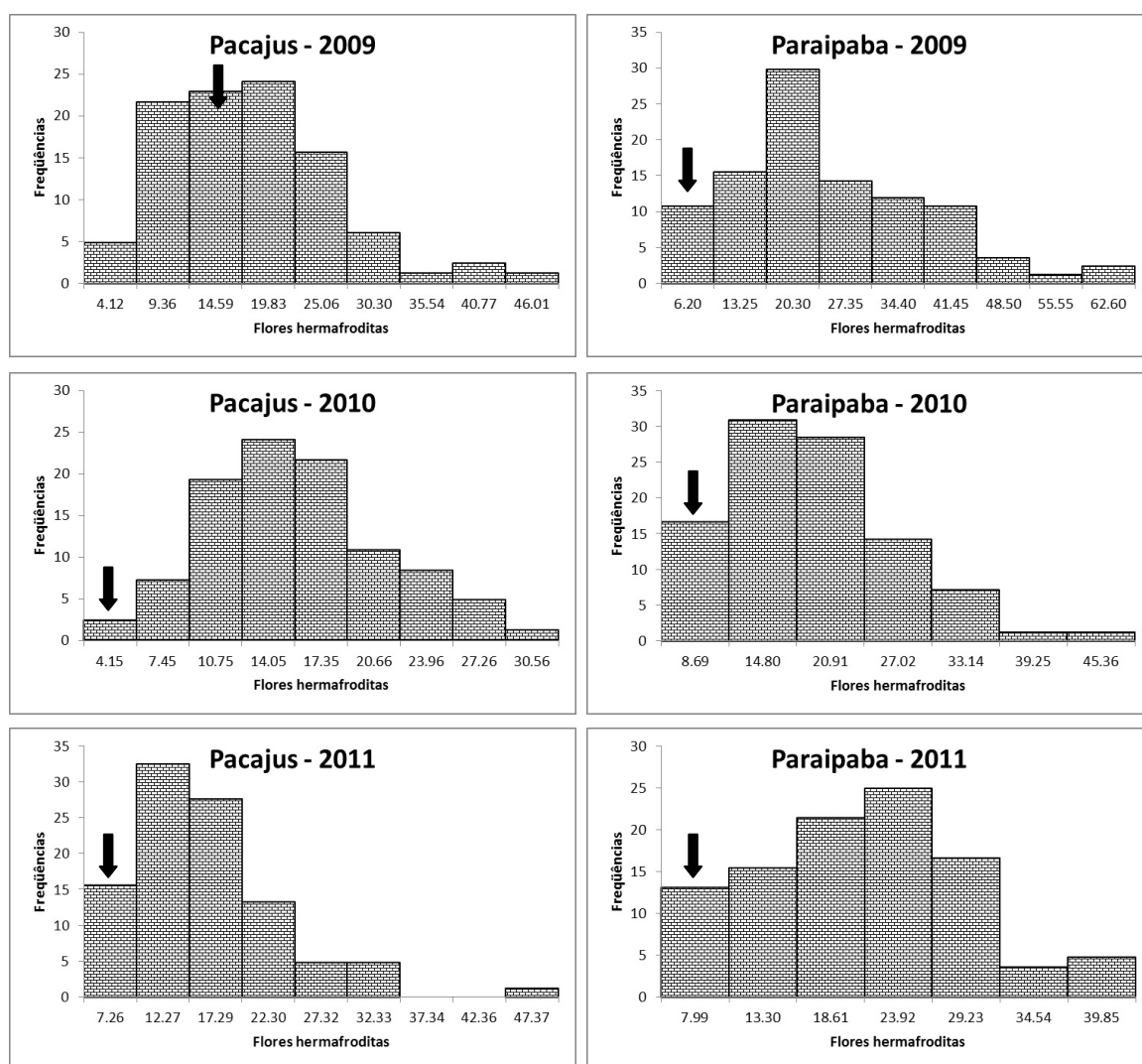


Figura 15. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o caráter flores hermafroditas em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence.

Tabela 28. Descrição dos QTLs candidatos para a característica flores hermafroditas detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos.

Local	Ano	QTL	Grupo	Posição ¹	Marcador	LOD	Distância ²	R ² (%) ³	EF (%) ⁴
Pacajus	2009	pac.09.1	F3	93,35	01Ab157	3,42	5,88	6,66*	27,52
		pac.09.2	F4	9,00	07Ay083	3,21	9,00	7,39*	-22,00
		pac.09.3	F6	9,88	10Ag121	3,61	0,00	3,56	19,28
		pac.09.4	F11	54,00	21CB024	3,12	15,01	6,70*	-22,49
		pac.09.5	F15	0,00	10Ag054	4,00	0,00	6,28*	26,33
Pacajus	2010	pac.10.1	M2a	73,73	14Bb129	3,44	16,00	6,19*	-16,32
		pac.10.2	F3	20,98	05CY165	3,42	3,00	7,92*	-20,97
		pac.10.3	F4	57,43	Aocc42	3,49	9,36	3,82	13,05
Pacajus	2011	pac.11.1	M3	47,73	27CY140	2,83	0,19	6,20*	-21,88
		pac.11.2	F3	8,00	20CG166	3,68	4,62	9,91**	-27,10
		pac.11.3	F9	46,33	13Ag175	2,97	5,45	5,40*	-19,16
		pac.11.4	M10	35,67	Aocc23	3,06	0,00	4,50	28,04
		pac.11.5	M14	12,00	Aocc7	3,52	1,45	5,85*	-19,76
Paraipaba	2009	par.09.1	M2a	0,00	12CG025	3,89	0,00	3,66	-18,93
		par.09.2	F2	25,02	Aocc17	4,51	0,31	19,47**	58,27
		par.09.3	F6	19,85	05CY016	3,90	18,89	4,79	-21,99
Paraipaba	2010	par.10.1	F2	65,11	22Ab079	4,11	6,83	4,08	17,08
		par.10.2	F3	0,00	13CG183	3,21	0,00	4,74*	23,14
		par.10.3	M6	1,00	01Bb016	3,12	1,00	4,79*	-16,67
		par.10.4	M11	0,00	21CB024	3,20	0,00	8,39**	-22,25
Paraipaba	2011	par.11.1	M1	15,00	12CY062	4,66	14,18	6,32*	29,08
		par.11.2	F2	35,34	Aocc17	3,22	10,00	4,53	18,37
		par.11.3	M3	35,57	04CY137	3,51	2,15	6,57*	-19,87
		par.11.4	F8	14,53	13Ab054	3,92	0,00	7,25*	-18,92
		par.11.5	M11	1,00	21CB024	3,71	1,00	5,21*	-17,36
		par.11.6	M15	38,26	12Bb059	3,08	0,00	4,90*	-16,12
		par.11.7	M19	30,85	22Bg155	3,54	0,77	6,17*	-18,14

¹Posição (cM) do QTL baseada região onde ocorreu o maior LOD. ²Distância (cM) entre o QTL e o marcador. ³Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador associado ao QTL. ⁴Efeito fenotípico. Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL. * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

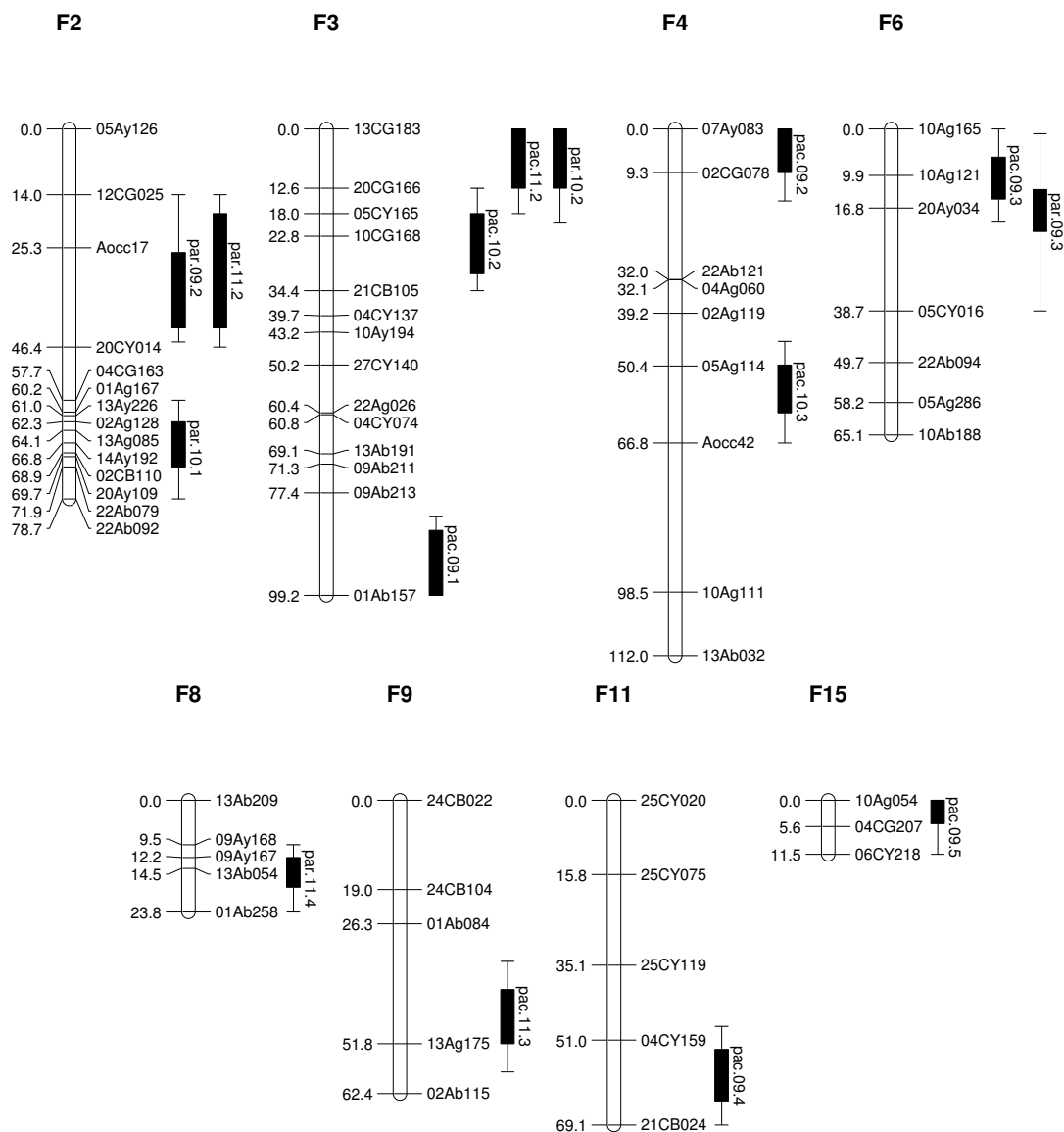


Figura 16. Localização dos QTLs identificados para flores hermafroditas no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

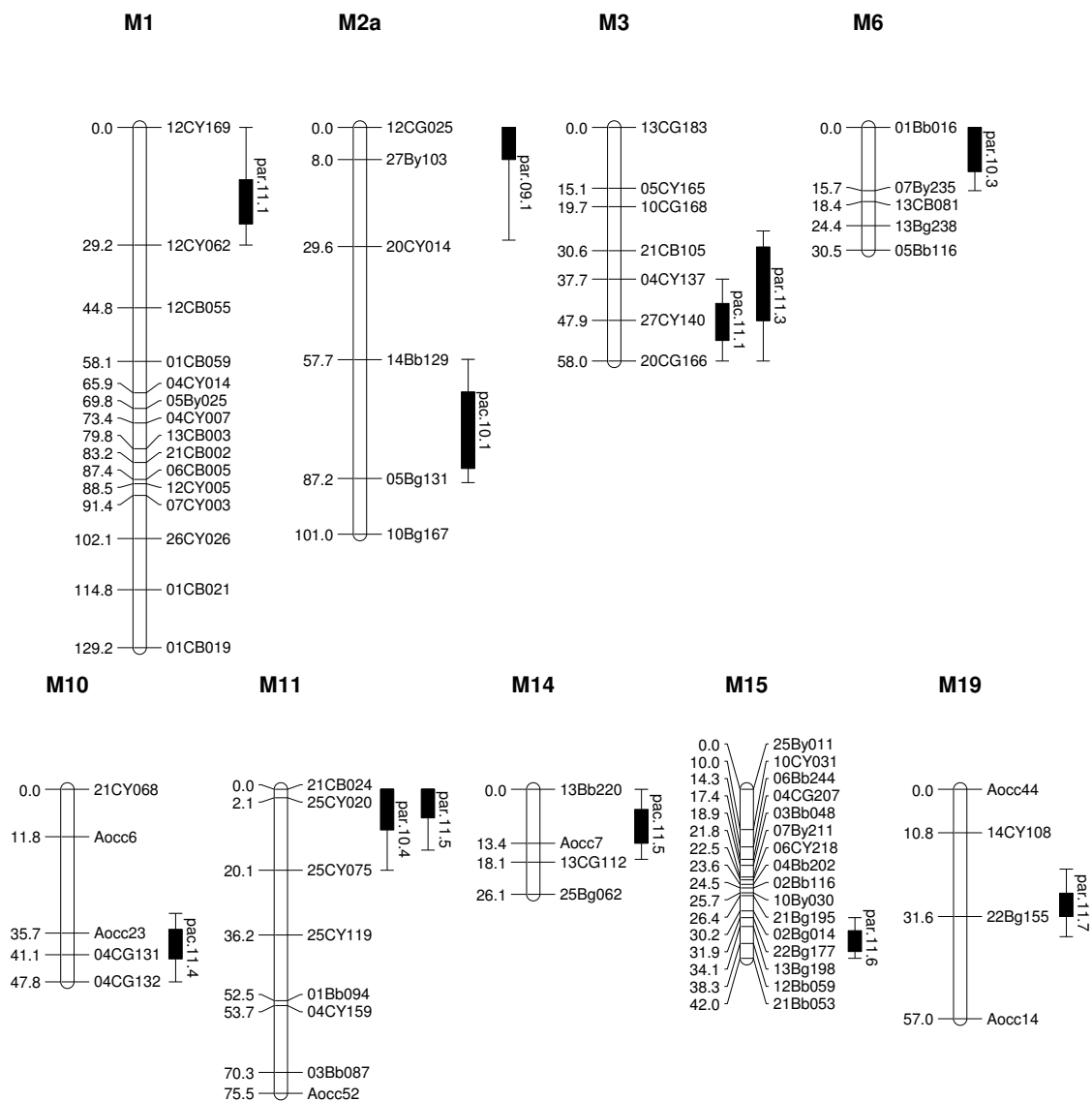


Figura 17. Localização dos QTLs identificados para flores hermafroditas no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

Cavalcanti *et al.* (2012), identificaram quatro QTLs relacionados a produção de flores hermafroditas em cajueiro, com efeitos fenotípicos variando entre -31,81% e 34,25%. Já a explicação da variação fenotípica ficou entre 6,04% e 12,98%. Segundo os autores, os resultados refletiram a importância dos QTLs na expressão do caráter e suportaram a existência de QTLs verdadeiros. Os resultados anteriores estão próximos dos observados no presente estudo, onde os QTLs identificados explicaram entre 3,56% (pac.09.3) e 19,47% (par.09.2) da variação fenotípica total, sendo considerados QTLs de efeito menor e moderado, respectivamente (Tabela 28). Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -27,10% (20CG166 - pac.11.2) e 58,27% (Aocc17 - par.09.2), ou seja, a presença desses marcadores conferiu um decréscimo ou acréscimo no número de flores hermafroditas/panícula em relação a média dos genótipos que não o possuíam.

Muitas análises de QTL, em espécies florestais e fruteiras, têm sugerido importantes efeitos da interação genótipo x ambiente na detecção de QTLs, como por exemplo, em maçã (CONNER *et al.* 1998) e pinus (KAYA *et al.* 1999). A detecção de QTLs dependentes do ambiente é normalmente relacionada com a falta de estabilidade na expressão da maioria dos QTLs identificados ao longo dos anos. Este fato pode ser explicado pela alternância nas classificações dos genótipos durante os vários anos de avaliação, comum em fruteiras (GARCÍA *et al.*, 2000).

Os marcadores Aocc17 (F2); 20CG166 (F3); 27CY140 (M3); 07Ay083 (F4); 21CB024 (F11 e M11), foram os que apresentaram maiores potências para serem utilizados na seleção assistida para o caráter flores hermafroditas, pois eles foram os mais estáveis e/ou apresentaram boa explicação da variação fenotípica e maior efeito fenotípico, ressaltando a importância dessas regiões no controle do caráter.

4.6. Peso da castanha

Os resultados das análises de variância individuais indicaram a existência de variabilidade genética para o caráter peso da castanha nos clones da geração F₁. Os tratamentos (clones) apresentaram diferenças significativas ($p < 0,01$), indicando que eles são diferentes entre si, sendo uma condição favorável à seleção e sugerindo a possibilidade de sucesso para alteração desta característica (Tabela 29). A média da geração F₁ para o peso da castanha foi relativamente baixa (7,43 g – média dos quatro ambientes), e apresentou média semelhante ao genitor feminino CCP 1001 que produz castanhas de 7,42 g (PAIVA *et al.*, 1998). Valor este bem inferior à média do genitor masculino CP 96, que produz castanhas de

10,18 g (SANTOS, 2008). No entanto, a geração F₁ apresentou valor médio semelhante ao clone testemunha CCP 76, que foi de 7,87 g (média dos quatro ambientes). Além disso, foi observada uma elevada variação fenotípica nos clones da geração F₁ para peso da castanha, situando-se entre 4,15 g (Paraipaba, 2010) e 12,48 g (Paraipaba, 2010). Este fato permite selecionar genótipos superiores ao clone-testemunha CCP 76.

Tabela 29. Resumo da análise de variância para o caráter peso da castanha, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2010 e 2011.

Fonte de variação	gl	Pacajus		Paraipaba	
		2010	2011	2010	2011
Quadrados médios					
Blocos	1	0,0781	0,0295	0,3013	0,2239
Tratamentos	83	3,8732 **	3,1260 **	5,2572 **	4,8216 **
Genótipos F ₁ 's (G)	82	3,9123 **	3,1525 **	5,3199 **	4,8695 **
G vs Testemunha	1	0,6698 *	0,9525 *	0,0536 ^{ns}	0,8491 ^{ns}
Resíduo	83	0,1663	0,1554	0,8623	0,7688
Média geral		7,43	7,11	8,00	7,19
Média genótipos F ₁ 's		7,42	7,11	8,00	7,18
Média testemunha		8,01	7,80	7,84	7,84
Valor mínimo		4,72	4,64	4,15	4,17
Valor máximo		10,54	10,42	12,48	11,00
DMS - Tukey(5%)		1,80	1,74	4,10	3,87

^{ns} não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Os coeficientes de variação experimental (CV_e) apresentaram valores baixos, entre 5,49% e 12,20% (Tabela 30), o que indica boa precisão na obtenção dos dados e atribui confiabilidade aos resultados para peso da castanha. O coeficiente de variação genético (CV_g) é um parâmetro comumente usado para comparar a variabilidade genética expressa para cada caráter, conforme destacado por Rosado *et al.* (2009). Segundo Sebbenn *et al.* (1998), o CV_g acima de 7% pode ser considerado alto. Portanto, para peso da castanha, este parâmetro foi de alta magnitude para todos os ambientes, apresentando valores entre 17,23% e 19,94%, o que indica variabilidade genética entre os genótipos avaliados, principalmente em razão dos parentais (CCP 1001 e CP 96) serem altamente heterozigóticos. Cavalcanti *et al.* (2007) avaliaram o controle genético do peso da castanha e observaram CV_g situados entre 23,24 e 23,71. Resultados próximos aos obtidos no presente estudo. Isto indica que a população pode ser considerada apropriada para a realização de melhoramento genético.

Tabela 30. Parâmetros genéticos para o caráter peso da castanha, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2010 e 2011.

Parâmetros genéticos	Pacajus		Paraipaba	
	2010	2011	2010	2011
σ_f^2	1,9561	1,5762	2,6600	2,4347
σ_e^2	0,0832	0,0777	0,4311	0,3844
σ_g^2	1,8730	1,4986	2,2288	2,0503
h^2 (%)	95,75	95,07	83,79	84,21
CVg (%)	18,44	17,23	18,66	19,94
CVe (%)	5,49	5,54	11,61	12,20
CVg/CVe	3,36	3,11	1,61	1,63

σ_f^2 : variância fenotípica. σ_e^2 : variância ambiental. σ_g^2 : variância genotípica. h^2 : herdabilidade. CVg: coeficiente de variação genotípico. CVe: coeficiente de variação experimental.

A variância genética (σ_g^2) é considerada um dos mais importantes parâmetros para quantificar o potencial de melhoramento e os méritos das estratégias de seleção utilizadas para modificar a frequência de alelos favoráveis. A variância genotípica (σ_g^2) para peso da castanha apresentou diferenças de comportamentos ao longo dos anos, com estimativas de 1,4986 a 2,2288 (Tabela 30). Quanto maior suas magnitudes, mais heterogêneos são os genótipos avaliados e maior a possibilidade de selecionar genótipos superiores, visando seu uso como genitores.

A razão CVg/CVe, variou entre 1,61 e 3,36, sendo uma situação muito favorável à seleção, pois a variação genética disponível é a maior responsável pelos valores de CV estimados dos experimentos. A herdabilidade no sentido amplo para peso da castanha foi de alta magnitude (>80%), para todos os ambientes avaliados (Tabela 30), conforme classificação de Cavalcante *et al.* (2012). Este resultado evidencia possibilidade de sucesso na seleção, pois o caráter será transmitido de maneira expressiva de uma geração para outra, indicando alta viabilidade para o emprego de métodos simples de seleção em populações segregantes. Estudos de parâmetros genéticos têm indicado herdabilidade alta para peso do fruto, como por exemplo, em feijão (FALEIRO *et al.*, 2003) e mamão (DIAS *et al.*, 2011). Coeficientes de herdabilidade mais altos podem ser associados com maior variância genética aditiva, menor variação de ambiente e menor interação entre genótipos e ambientes (COIMBRA *et al.*, 1999). As estimativas da variabilidade genética, do coeficiente de herdabilidade e da razão CVg/CVe, superior à unidade para peso da castanha, indicam excelente probabilidade de êxito na seleção.

A análise de variância conjunta dos anos de 2010 e 2011 indicou que houve diferença significativa ($p < 0,01$) para peso da castanha, entre os clones de cajueiro (Tabela 31). Os efeitos da interação ano por local foram significativos ($p < 0,01$) indicando que os efeitos das combinações entre ano e local são importantes para o peso da castanha, sendo este caráter afetado pelas mudanças do ambiente. A interação tripla local por ano por clone, também, foi significativa ($p < 0,01$) o que indica que os clones responderam de forma diferenciada às variações do ambiente. Este fato pode estar associado a uma possível interação QTL x ambiente, ou seja, genes expressando-se em condições ambientais específicas ou em determinada idade da planta, o que poderá ser confirmado por meio das análises de QTL.

Tabela 31. Análise de variância conjunta para peso da castanha de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2010 e 2011.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio
(B/I)/a	4	0,1507
Local	1	12,8705 **
Ano	1	53,2238 **
Clone	83	13,544 **
Ano x clone	83	0,9116 ^{ns}
Local x clone	83	1,0939 ^{ns}
Local x ano	1	10,2663 **
Local x ano x clone	83	0,9925 **
Erro	332	0,493
CVe (%)	9,48	
Média	7,41	

^{ns} não significativo; ** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

No melhoramento do cajueiro, tem-se buscado a seleção de clones com peso da castanha superior a 10 g (BARROS *et al.*, 2000). No entanto, castanha com peso médio superior a 8,0 g são bem aceitas pela indústria de beneficiamento da amêndoa. Este valor é próximo do peso médio do clone-testemunha CCP 76 que foi de 7,87 g (Tabela 32). Com relação ao teste de médias, os clones estudados foram separados em sete grupos (a; b; c; d; e; f; g). Os cinco clones do grupo a (28, 40, 30, 29 e 33) foram os que apresentaram as melhores médias para o caráter peso da castanha, diferindo do clone-testemunha CCP 76 sendo os mais promissores.

Tabela 32. Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica peso da castanha (PC).

Tratamentos	r	PC (g)	Tratamentos	r	PC (g)	Tratamentos	r	PC (g)
28	1	10,41 a	77	29	7,98 c	31	57	6,56 e
40	2	9,93 a	83	30	7,97 c	26	58	6,54 e
30	3	9,85 a	51	31	7,90 c	32	59	6,53 e
29	4	9,76 a	42	32	7,89 c	54	60	6,49 e
33	5	9,46 a	84 (CCP 76)	33	7,87 c	25	61	6,48 e
74	6	9,39 b	50	34	7,84 c	14	62	6,46 e
34	7	9,31 b	16	35	7,77 c	58	63	6,44 e
37	8	9,25 b	78	36	7,68 c	46	64	6,39 e
66	9	9,14 b	11	37	7,59 c	36	65	6,39 e
21	10	9,06 b	44	38	7,51 d	81	66	6,32 f
38	11	8,99 b	79	39	7,47 d	39	67	6,19 f
2	12	8,95 b	48	40	7,47 d	69	68	6,18 f
27	13	8,93 b	47	41	7,40 d	61	69	6,16 f
1	14	8,83 b	18	42	7,32 d	24	70	6,14 f
76	15	8,80 b	53	43	7,24 d	23	71	6,12 f
56	16	8,80 b	55	44	7,24 d	63	72	6,08 f
9	17	8,75 b	59	45	7,09 d	43	73	6,02 f
65	18	8,73 b	49	46	7,03 d	13	74	5,99 f
71	19	8,73 b	45	47	7,02 d	3	75	5,97 f
10	20	8,71 b	7	48	6,95 d	52	76	5,94 f
60	21	8,51 c	75	49	6,95 d	80	77	5,92 f
19	22	8,45 c	8	50	6,94 d	20	78	5,90 f
35	23	8,20 c	82	51	6,83 e	22	79	5,69 f
17	24	8,20 c	5	52	6,82 e	70	80	5,66 f
57	25	8,17 c	72	53	6,82 e	73	81	5,43 g
41	26	8,14 c	68	54	6,70 e	62	82	5,00 g
6	27	8,11 c	67	55	6,62 e	64	83	4,81 g
15	28	8,07 c	4	56	6,58 e	12	84	4,64 g

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

Vale ressaltar que, o maior peso de castanha nem sempre indica amêndoas com maior peso, por este motivo, os índices de rendimento da amêndoa devem ser avaliados (BARROS *et al.*, 2000). Neste sentido, é importante que sejam realizados estudos quanto à qualidade das amêndoas nos genótipos que se destacaram, visando atender às exigências do mercado consumidor.

O caráter peso da castanha apresentou um padrão contínuo de distribuição na população F_1 mapeada (Figura 18). Segundo Tanksley (1993), a grande maioria das características hereditárias de importância econômica são quantitativas. Os fenótipos resultantes apresentaram uma variação contínua na população em vez de classes discretas. Esse tipo de herança é determinado pela segregação de vários locos (QTLs), cada um com um pequeno efeito no fenótipo. Além disso, pode-se observar a frequência considerável de indivíduos (>25%) da geração F_1 com média superior ao clone-testemunha CCP 76 para o caráter peso da castanha. A frequência de indivíduos abaixo da média da população mapeada para peso da castanha foi um pouco maior em relação à frequência de indivíduos acima da média em Paraipaba nos anos de 2010 e 2011 (55%) e Pacajus em 2010 (55%). Já em Pacajus, no ano de 2011, o caráter peso da castanha apresentou a mesma frequência de indivíduos acima e abaixo da média da população mapeada.

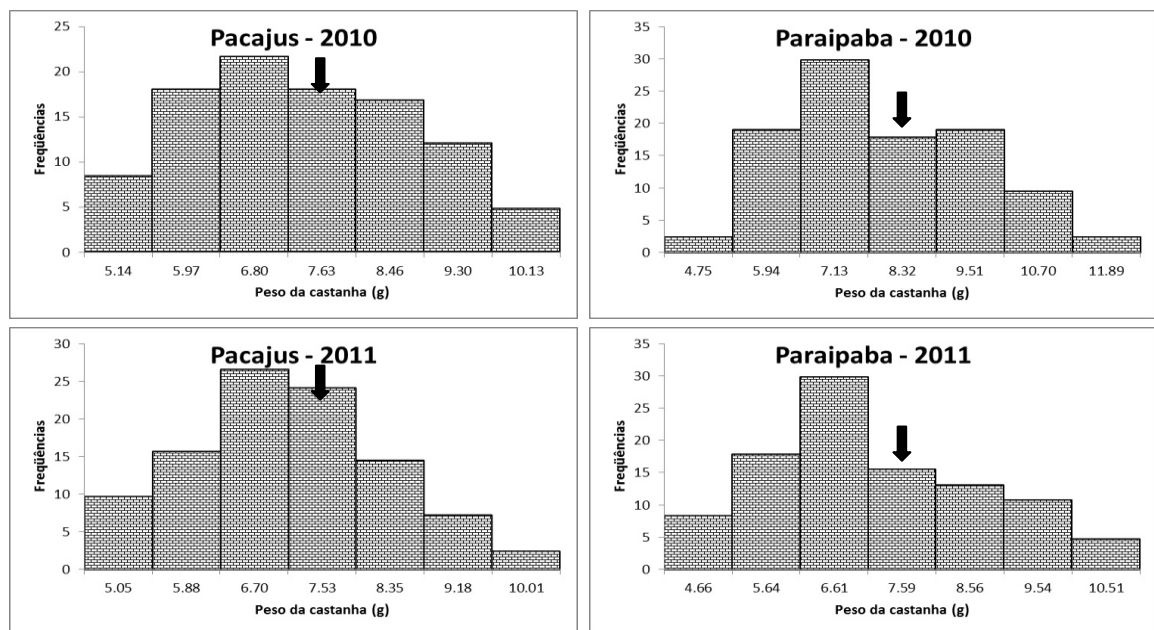


Figura 18. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o caráter peso da castanha em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-testemunha CCP 76 pertence.

Com relação ao caráter peso da castanha, foi identificado no grupo de ligação F4 no mapa do genitor feminino, um QTL candidato estável associado ao marcador 22Ab121. O referido QTL foi identificado nos quatro ambientes estudados e apresentou boa explicação da variação fenotípica total, sendo considerado um QTL de efeito moderado ($R^2 > 10\%$), tanto em Pacajus como em Paraipaba, no ano de 2011. Também, foram detectados mais dez marcadores associados à QTLs, sendo dois no mapa do genitor feminino (22Ag026 e 04Ag192) e oito no mapa do genitor masculino (14Bb129, Aocc55, 03Bb087, 10Bg167, 21By111, 26CG080, 04CY007, 25Bg062) (Tabela 33; Figuras 19 e 20). Os marcadores associados aos QTLs apresentaram efeitos fenotípicos variando entre -10,73% (25Bg062) e 18,09% (04Ag192), ou seja, a presença desses marcadores conferiram um decréscimo ou acréscimo no peso da castanha em relação a média dos genótipos que não o possuíam. Segundo Broman (2001), um efeito fenotípico diferente de zero entre os grupos de indivíduos marcados indica ligação entre marcador e QTL. No entanto, a utilidade do QTL não depende somente de sua significância (LOD score), mas também da percentagem de explicação da variação fenotípica observada na população (KENIS *et al.*, 2008). Os marcadores próximos aos QTLs explicaram entre 2,78% (par.10.1) e 17,02% (par.10.5) da variação fenotípica total, sendo considerados QTLs de efeito menor e moderado, respectivamente.

Tabela 33. Descrição dos QTLs candidatos para a característica peso da castanha detectados nos mapas dos genitores feminino (F) e masculino (M) usando o método mapeamento de QTLs múltiplos.

Local	Ano	QTL	Grupo	Posição ¹	Marcador	LOD	Distância ²	R ² (%) ³	EF (%) ⁴
Pacajus	2010	pac.10.1	F4	32,03	22Ab121	3,69	0,00	9,78**	12,69
Pacajus	2011	pac.11.1	M2a	72,73	14Bb129	3,00	15,00	4,46	7,72
		pac.11.2	M2b	27,25	Aocc55	3,13	0,58	5,65*	8,81
		pac.11.3	F4	32,03	22Ab121	3,25	0,00	11,67**	12,58
		pac.11.4	M11	65,72	03Bb087	3,12	4,62	5,60*	8,91
Paraipaba	2010	par.10.1	M2a	94,19	10Bg167	4,18	6,77	2,78	7,03
		par.10.2	F3	58,24	22Ag026	3,10	2,15	2,99	7,39
		par.10.3	M4	36,00	21By111	3,63	0,00	7,78*	12,60
		par.10.4	F4	25,29	22Ab121	3,74	6,74	7,24*	11,73
		par.10.5	F5	15,16	04Ag192	3,00	0,00	17,02**	18,09
		par.10.6	M7	2,77	26CG080	3,19	0,00	6,38*	10,53
Paraipaba	2011	par.11.1	M1	73,37	04CY007	3,43	0,00	4,59	11,48
		par.11.2	F4	26,29	22Ab121	3,74	5,74	12,04**	15,91
		par.11.3	M14	26,09	25Bg062	4,60	0,00	6,67*	-10,73

¹Posição (cM) do QTL baseada região onde ocorreu o maior LOD. ²Distância (cM) entre o QTL e o marcador. ³Porcentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador associado ao QTL. ⁴Efeito fenotípico. Diferença entre as médias dos genótipos com e sem o marcador associado ao QTL. * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

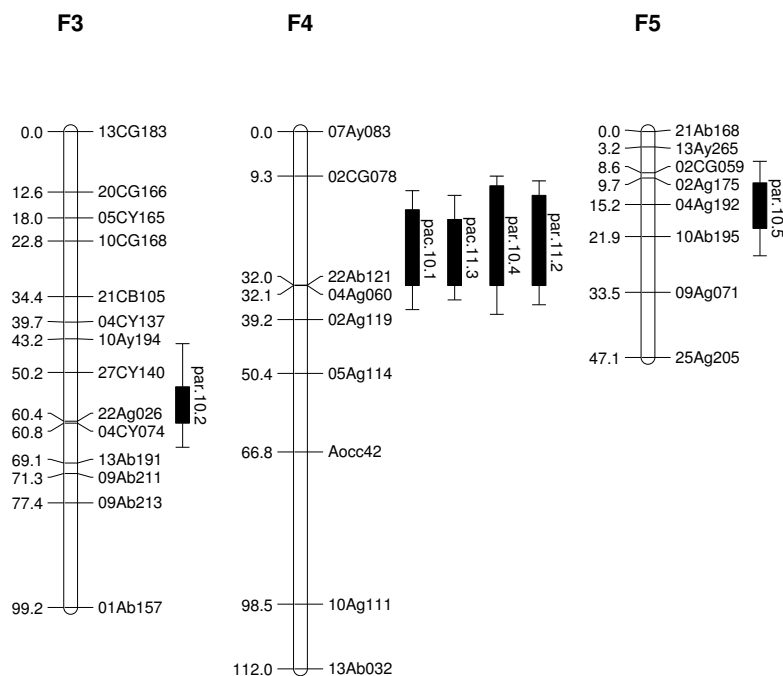


Figura 19. Localização dos QTLs identificados para peso da castanha no mapa de ligação do genitor feminino – CCP 1001. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

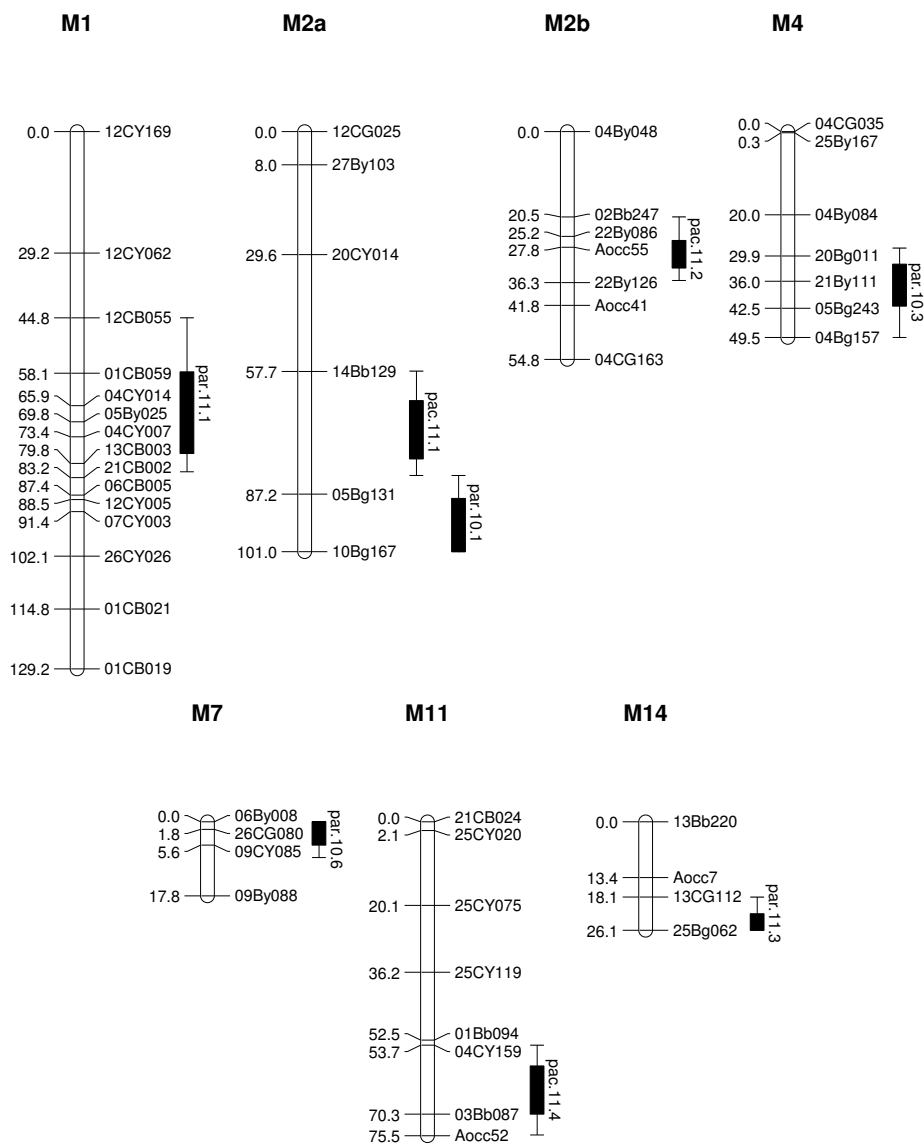


Figura 20. Localização dos QTLs identificados para peso da castanha no mapa de ligação do genitor masculino – CP 96. A esquerda e a direita do grupo de ligação está a sua posição (cM) e o marcador, respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90% (LOD 1,0) e 95% (LOD 2,0), respectivamente.

García *et al.* (2000) identificaram dois grupos de ligação em citrus afetando o peso do fruto no genitor feminino (V2 e V7) e um na região genômica do genitor masculino (NL₁₂). Embora o estudo tenha sido realizado durante os anos de 1995, 1996 e 1997, os QTLs para peso do fruto foram detectados somente em 1996. No presente estudo, o grupo de ligação F4 apresentou QTLs em todos os ambientes, demonstrando sua importância no controle genético do caráter peso da castanha. Este QTL já havia sido detectado por Cavalcanti *et al.* (2012), em estudo visando identificar QTLs associados a características relacionadas à produção. Os resultados ressaltam a importância desta região genômica no controle do caráter, bem como sua estabilidade. Fato semelhante foi observado por Wang *et al.* (2007), mapeando QTLs associados a produtividade em algodão, onde foi detectado QTL estável para o caráter peso da semente em diferentes ambientes.

Dentre os QTLs identificados para o peso da castanha, os marcadores 22Ab121 (F4), 04Ag192 (F5) e 21By111 (M4) são os que tem o maior potencial para a seleção assistida devido ao fato de apresentarem os maiores efeitos fenotípicos (EF>11%) e boa explicação da variação fenotípica ($R^2 > 7\%$). No entanto, estes QTLs devem ser validados, i.e., deve-se determinar a eficiência de seleção que eles terão em outras populações de cajueiro, considerando o caráter a ser melhorado, o que será objetivo de futuros estudos.

4.7. Produtividade

Os resultados das análises de variância individuais indicaram a existência de variabilidade genética para produtividade nos clones da geração F₁. Os tratamentos (clones) apresentaram diferenças significativas ($p < 0,01$), indicando que são diferentes entre si (Tabela 34), sugerindo a possibilidade de sucesso na seleção para alteração desta característica. Foi observada diferença significativa ($p < 0,01$) entre as médias dos clones da geração F₁ e a média do clone-testemunha CCP 76, em Paraipaba 2010.

Os coeficientes de variação experimental (CVe) para essa característica, apesar de relativamente altos, mantiveram-se em níveis aceitáveis para experimentação em cajueiro (CAVALCANTI *et al.*, 2003; PAIVA *et al.*, 2008). Dos CVe obtidos, 16,67% foram inferiores a 10%; 50% estavam entre 10 e 20%; 33,33% entre 20 e 30% (Tabela 35). Os CVe mais elevados em espécies perenes podem estar associados a causas como longo ciclo da cultura, respostas diferenciadas dos genótipos aos estresses de altas temperaturas e seca, e respostas diferenciadas dos clones a incidências de pragas e doenças. Já os coeficientes de variação genético (CVg), apresentaram valores de moderados a altos, variando entre 6,81% e

32,06%. Esses resultados são próximos aos obtidos por Cavalcanti *et al.* (2007) e indicam que a população pode ser considerada apropriada para o melhoramento genético, ou seja, espera-se ganho genético aplicando-se seleção.

A razão CV_g/CV_e variou entre 0,69 e 1,68, sendo que quatro dos seis ambientes apresentaram valores superiores a 1,0 indicando uma situação muito favorável a seleção, pois a variação genética disponível foi a maior responsável pelos valores de CV estimados dos experimentos (Tabela 35). O conhecimento de parâmetros genéticos, como herdabilidade no sentido amplo, é importante para espécies propagadas vegetativamente, em que o genótipo é herdado integralmente por seus descendentes (CAVALCANTE *et al.*, 2012). As estimativas de herdabilidade no sentido amplo variaram entre 48,87% e 84,98%. Essas estimativas evidenciaram a existência de variabilidade genética e condições favoráveis para a realização de seleção nas duas localidades. As diferentes estimativas encontradas para anos e locais, provavelmente são decorrentes dos diferentes genes que estão se expressando ao longo do desenvolvimento das plantas, com a influência dos anos e das condições ambientais.

Tabela 34. Resumo da análise de variância para o caráter produtividade (kg/ha), conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.¹

Fonte de variação	gl	Pacajus			Paraipaba		
		2009	2010	2011	2009	2010	2011
Quadrados médios							
Blocos	1	0,1706	0,0447	0,1207	0,8828	0,9496	0,1548
Tratamentos	83	0,4172 **	0,3343 **	0,1073 **	0,4917 **	0,5732 **	0,1978 **
Genótipos F ₁ 's (G)	82	0,4206 **	0,3378 **	0,1069 **	0,4974 **	0,5617 **	0,1972 **
G vs Testemunha	1	0,1437 ^{ns}	0,0470 ^{ns}	0,1411 ^{ns}	0,0148 ^{ns}	1,5200 **	0,2460 ^{ns}
Resíduo	83	0,1125	0,0507	0,0478	0,1107	0,1310	0,1008
Média geral		1,90	1,86	2,52	1,37	1,69	2,48
Média genótipos F ₁ 's		1,90	1,86	2,52	1,37	1,70	2,48
Média testemunha		1,63	1,71	2,25	1,28	0,82	2,13
Valor mínimo		0,00	0,00	1,70	0,00	0,00	0,61
Valor máximo		2,66	2,71	3,10	2,50	2,98	3,24
DMS – Tukey (5%)		1,48	0,99	0,97	1,47	1,60	1,40

¹Dados transformados por $\log x$. ^{ns} não significativo; ** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 35. Parâmetros genéticos para as características produtividade, conduzido em Pacajus e Paraipaba, CE, nos anos de 2009, 2010 e 2011.

Parâmetros genéticos	Pacajus			Paraipaba		
	2009	2010	2011	2009	2010	2011
σ_f^2	0,2103	0,1689	0,0534	0,2487	0,2809	0,0986
σ_e^2	0,0562	0,0254	0,0239	0,0554	0,0655	0,0504
σ_g^2	0,1540	0,1435	0,0295	0,1934	0,2153	0,0482
h^2 (%)	73,25	84,98	55,24	77,74	76,67	48,87
CVg (%)	20,66	20,34	6,81	32,06	27,27	8,84
CVe (%)	17,69	12,10	8,68	24,28	21,40	12,80
CVg/CVe	1,17	1,68	0,78	1,32	1,27	0,69

σ_f^2 : variância fenotípica. σ_e^2 : variância ambiental. σ_g^2 : variância genotípica. h^2 : herdabilidade. CVg: coeficiente de variação genotípico. CVe: coeficiente de variação experimental.

Os clones da geração F₁ apresentaram produtividade superior ao clone-testemunha CCP 76. Este fato pode ser melhor visualizado no terceiro ano de avaliação (2011), onde a frequência de genótipos da geração F₁ com média superior ao clone-testemunha CCP 76 foi superior a 75% (Figura 21). Esses resultados indicam a possibilidade de incorporação dos genótipos com maior produtividade no programa de melhoramento genético do cajueiro.

A análise de variância conjunta indicou que houve diferença significativa ($p < 0,01$) para produtividade, entre os clones de cajueiro (Tabela 36). Os efeitos da interação ano por local foram significativos ($p < 0,01$), indicando que os efeitos das combinações entre ano e local são importantes para a produtividade, sendo este caráter afetado pelas mudanças do ambiente. A interação tripla local por ano por clone, também, foi significativa ($p < 0,01$), o que indica que os clones responderam de forma diferenciada às variações do ambiente. Este fato pode ser explicado pela alternância nas classificações dos genótipos durante os vários anos de avaliação, comum em espécies florestais e fruteiras (GARCÍA *et al.*, 2000), associado à expressão de diferentes genes ao longo do desenvolvimento das plantas, com a influência dos anos e das condições ambientais nas diversas colheitas.

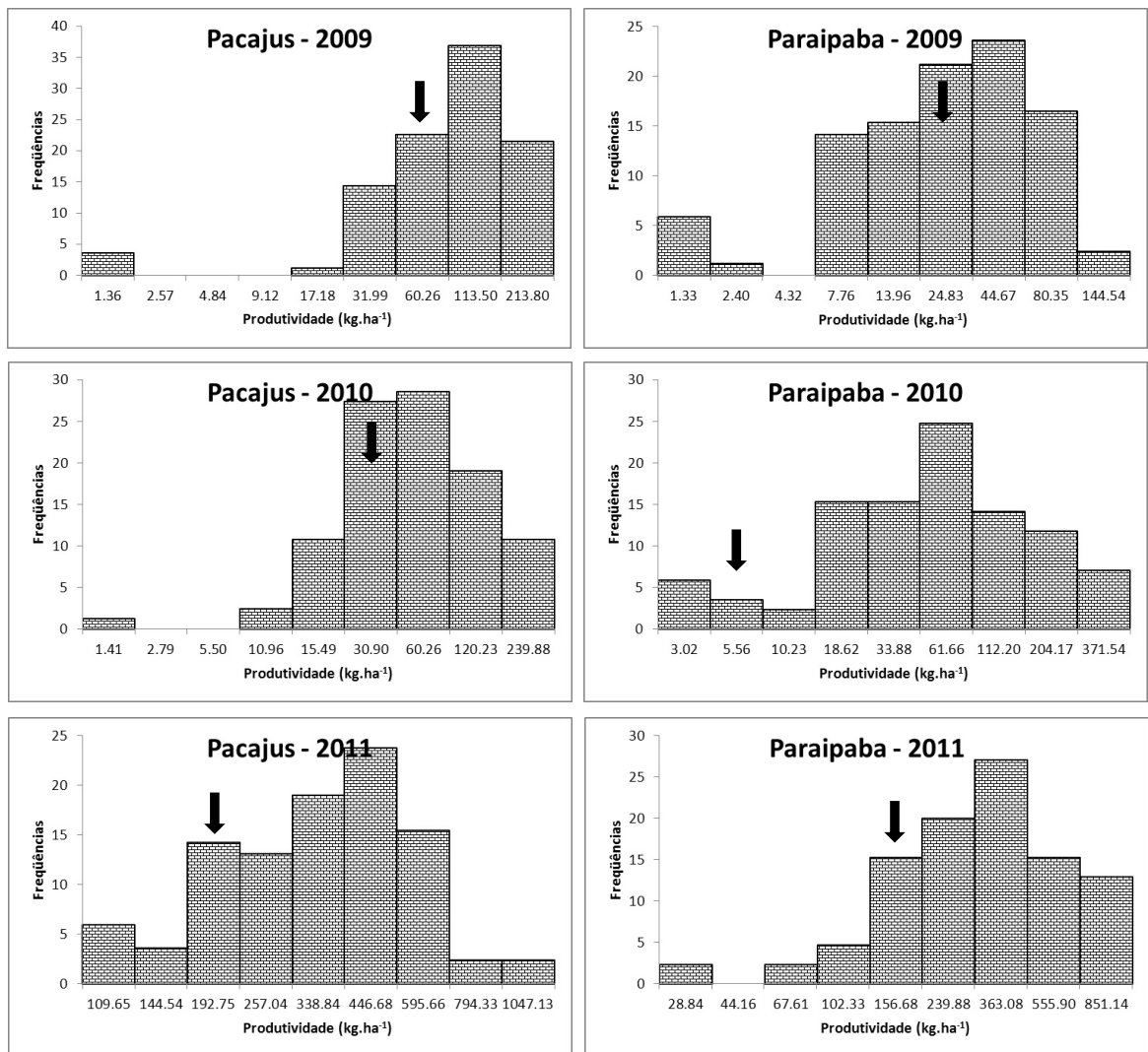


Figura 21. Distribuição de frequências dos clones de cajueiro para o caráter produtividade em Pacajus e Paraipaba, nos anos de 2009, 2010 e 2011. A seta indica a classe que o clone-temunha CCP 76 pertence.

Tabela 36. Análise de variância conjunta para produção de 84 clones de cajueiro em Pacajus e Paraipaba, Ceará, nos anos de 2009, 2010 e 2011.¹

Fonte de variação	GL	Quadrado médio
Local	1	14,3699 **
Ano	2	73,2375 **
Clone	83	0,7980 **
Bloco(local)	2	1,1105 **
Ano x clone	166	0,1820 **
Local x clone	83	0,5331 **
Local x ano	2	5,4576 **
Ano x bloco(local)	4	0,0959 ^{ns}
Bloco x clone(local)	166	0,1504 **
Local x ano x clone	166	0,2065 **
Erro	332	0,0574
CVe (%)	12,14	
Média	1,97	

¹Dados transformados por $\log x$. ^{ns} não significativo; ** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Para o caráter produtividade, os clones estudados foram separados, pelo teste de médias, em cinco grupos (a; b; c; d; e). Os cinco clones mais produtivos da geração F₁ foram: 75, 5, 17, 52 e 16 (grupo a), apresentando valores médios de produtividade superior a 360 kg.ha⁻¹, diferindo do clone-testemunha CCP 76 e, portanto, os mais promissores (Tabela 37). Tais valores podem ser considerados bons, tendo em vista que Barros *et al.* (2000), analisando a produção de castanhas de 30 clones de cajueiro anão precoce, observaram que a maior produtividade alcançada entre os clones de cajueiro anão precoce foi de 449,0 kg.ha⁻¹ para o clone CAP 26, no quarto ano de idade. Já os clones testemunhas CCP 76 e CCP 09 produziram 220,7 e 356,5 kg.ha⁻¹, respectivamente. Como se observa na Figura 21, existem clones da geração F₁ com produção acima de 800 kg.ha⁻¹ em Paraipaba 2011, onde os clones estavam com quatro anos no momento da avaliação. Estes resultados ressaltam o potencial produtivo destes genótipos.

Tabela 37. Classificação (r) e médias dos 83 clones da geração F₁ e do clone-testemunha CCP 76 para a característica produtividade (PROD).

Tratamentos	r	PROD (kg.ha ⁻¹)	Tratamentos	r	PROD (kg.ha ⁻¹)	Tratamentos	r	PROD (kg.ha ⁻¹)
75	1	432,17 a	45	29	217,10 b	10	57	153,51 c
5	2	430,25 a	47	30	216,88 b	54	58	153,18 c
17	3	383,07 a	26	31	216,80 b	44	59	151,89 c
52	4	367,81 a	74	32	215,82 b	73	60	151,04 c
16	5	360,15 a	24	33	214,75 b	72	61	147,47 c
1	6	348,92 a	50	34	212,37 b	34	62	142,89 c
46	7	348,92 a	13	35	209,02 b	80	63	138,99 c
61	8	336,45 a	53	36	204,55 b	37	64	137,74 c
3	9	327,56 a	6	37	201,99 b	31	65	129,37 c
4	10	322,94 a	55	38	198,43 b	70	66	122,26 c
68	11	320,93 a	42	39	188,97 b	28	67	122,26 c
36	12	316,24 a	2	40	186,41 b	82	68	121,48 c
32	13	298,51 a	49	41	186,02 b	12	69	115,73 c
57	14	295,27 a	60	42	185,82 b	7	70	114,85 c
20	15	291,82 a	18	43	185,71 b	48	71	114,50 c
33	16	277,28 a	64	44	180,52 b	77	72	112,63 c
23	17	274,70 a	27	45	180,51 b	29	73	108,39 c
76	18	253,39 b	81	46	176,96 b	59	74	103,39 c
25	19	251,89 b	39	47	173,66 b	21	75	97,80 d
65	20	247,85 b	43	48	171,71 b	83	76	88,20 d
67	21	246,29 b	79	49	171,33 b	30	77	86,31 d
78	22	244,67 b	40	50	167,41 c	51	78	79,14 d
62	23	241,62 b	8	51	163,50 c	56	79	79,01 d
63	24	237,02 b	66	52	162,82 c	84 (CCP 76)	80	79,01 d
14	25	236,56 b	35	53	162,39 c	9	81	78,38 d
22	26	232,19 b	15	54	160,51 c	11	82	71,58 d
41	27	229,97 b	58	55	160,41 c	19	83	50,01 e
38	28	224,89 b	69	56	158,68 c	71	84	45,19 e

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

4.8. Seleção de genótipos elite

O sucesso no melhoramento de populações depende fundamentalmente da disponibilidade de variabilidade genética na população original. Outros fatores, todavia, devem ser cuidadosamente observados, como qual método de seleção deverá ser adotado (PAIVA *et al.*, 2002b).

Na Tabela 38 consta o somatório dos valores da classificação dos clones (r), tomando-se como referência os caracteres altura de planta, diâmetro de copa, incidência de antracnose e mofo-preto, número de flores hermafroditas/panícula, peso da castanha e produtividade, com destaque para clones selecionados pelo método em “tandem”, utilizando os seguintes critérios: produtividade $> 200 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$; peso da castanha $> 7,60 \text{ g}$; flores hermafroditas > 15 ; antracnose $< 1,00$; mofo-preto $< 2,50$; altura de planta $< 4,00 \text{ m}$; e diâmetro de copa $< 5,50 \text{ m}$ (média dos seis ambientes). A seleção de clones de cajueiro utilizando o somatório dos valores da classificação - metodologia de Mulamba e Mock (1978) diverge da seleção que considera o desempenho individual de cada clone separadamente por característica (método em tandem). Utilizando o mesmo critério de seleção, ou seja, selecionando-se 10% dos clones da geração F_1 (oito clones), somente três clones foram selecionados simultaneamente, sendo eles 16, 76 e 65, classificados pela metodologia de Mulamba e Mock em primeiro, quinto e oitavo, respectivamente. Os demais clones selecionados pelo método em tandem foram distribuídos em posições intermediárias, ou seja, 9° (78), 10° (1), 13° (41), 20° (57) e 21° (17).

Neste sentido, apesar da facilidade e praticidade na aplicação da metodologia de Mulamba e Mock (1978), o seu uso no melhoramento do cajueiro anão precoce mostrou-se limitada, comparada à seleção pelo método em tandem. Paiva *et al.* (2007), chegaram a conclusão semelhante quanto à metodologia de Mulamba e Mock (1978) na seleção de clones de cajueiro comum. Os autores consideraram o índice da soma de classificação inapropriado quando comparado ao método em tandem. Isto é devido ao mecanismo da seleção de plantas envolver, além de características quantitativas, àquelas relacionadas à qualidade da amêndoa e a performance fenotípica da planta no campo. Normalmente, essas características são de difícil mensuração e dependem da experiência do selecionador. No presente caso, um fator que influenciou na não adequação do método de Mulamba e Mock, foi o efeito da classificação dos genótipos em caracteres tais como a incidência de antracnose. Neste caráter, plantas que podiam ser consideradas resistentes, com notas variando de 0,00 a 1,00 (Tabela 17), foram classificadas entre 1° e 74°, respectivamente, ou seja, diferenças mínimas quanto à

qualidade do material genético se tornaram altamente significativas pela classificação tornando o método inadequado para seleção de genótipos superiores neste experimento. No entanto, Paiva *et al.* (2002a) relataram que, no melhoramento da aceroleira, este índice mostrou-se eficiente na seleção de genótipos elite, ao contrario do que foi observado nos cajueiros anão precoce e comum.

Na Figura 22 pode-se observar o desempenho dos clones selecionados (1, 16, 17, 41, 57,65, 76 e 78) na geração F₁ pelo método em “tandem” em relação ao clone-testemunha CCP 76, considerando os ganhos em produtividade, número de flores hermafroditas e menor severidade de doença para mofo-preto. Quanto à característica antracnose, pode-se verificar que todos os clones selecionados apresentaram valores de severidade da doença inferior a 1,00, podendo ser considerados resistentes a esta doença.

Tabela 38. Somatória dos valores da classificação (r) dos clones de cajueiro da geração F₁ e do clone-testemunha CCP 76 para os caracteres altura de planta (AP), diâmetro de copa (DC), antracnose (ANT), mofo-preto (MP), flores hermafroditas (FH), peso da castanha (PC) e produtividade (PROD). (Continua...)

Tratamentos	Classificação dos clones (r)							Soma r	r final
	AP	DC	ANT	MP	FH	PC	PROD		
16*	17	23	15	52	16	35	5	163	1
28	52	8	26	16	13	1	67	183	2
8	20	5	47	15	5	50	51	193	3
74	22	16	62	18	38	6	32	194	4
76*	23	27	51	36	25	15	18	195	5
62	43	15	18	6	10	82	23	197	6
83	2	2	6	9	73	30	76	198	7
65*	13	46	20	59	23	18	20	199	8
78*	19	36	21	26	44	36	22	204	9
1*	24	55	24	41	60	14	6	224	10
45	37	47	5	37	28	47	29	230	11
14	30	57	32	23	3	62	25	232	12
41*	62	40	55	11	21	26	27	242	13
37	48	37	36	33	19	8	64	245	14
79	3	4	2	70	78	39	49	245	15
81	7	14	22	14	76	66	46	245	16
42	77	42	27	19	12	32	39	248	17
18	32	6	41	27	59	42	43	250	18
70	5	9	13	12	67	80	66	252	19
57*	84	84	39	5	2	25	14	253	20
17*	54	29	70	69	14	24	3	263	21
69	31	18	12	25	54	68	56	264	22
73	4	7	1	29	82	81	60	264	23
64	12	28	19	8	71	83	44	265	24
47	60	32	9	44	50	41	30	266	25
54	21	45	48	4	30	60	58	266	26
21	53	17	10	32	72	10	75	269	27
38	40	30	80	46	34	11	28	269	28
59	41	21	17	3	70	45	74	271	29
22	11	35	52	21	52	79	26	276	30
25	51	41	25	57	24	61	19	278	31
9	38	56	40	38	9	17	81	279	32
80	8	3	14	67	47	77	63	279	33
7	47	34	4	10	68	48	70	281	34
46	74	39	28	20	49	64	7	281	35
63	14	22	65	31	55	72	24	283	36

Tabela 38. Somatória dos valores da classificação (r) dos clones de cajueiro da geração F₁ e do clone-testemunha CCP 76 para os caracteres altura de planta (AP), diâmetro de copa (DC), antracnose (ANT), mofo-preto (MP), flores hermafroditas (FH), peso da castanha (PC) e produtividade (PROD). (Continua...)

Tratamentos	Classificação dos clones (r)							Soma r	r final
	AP	DC	ANT	MP	FH	PC	PROD		
50	26	10	74	73	33	34	34	284	37
60	10	12	58	63	79	21	42	285	38
23	55	78	11	55	1	71	17	288	39
53	79	58	3	51	22	43	36	292	40
35	42	70	76	22	8	23	53	294	41
75	18	51	79	58	39	49	1	295	42
48	64	33	16	65	7	40	71	296	43
31	16	53	7	30	69	57	65	297	44
71	15	20	57	47	56	19	84	298	45
66	67	44	56	49	27	9	52	304	46
27	35	31	64	66	51	13	45	305	47
84 (CCP 76)	1	1	23	84	84	33	80	306	48
49	28	64	77	34	17	46	41	307	49
32	33	76	35	83	11	59	13	310	50
58	6	11	44	56	75	63	55	310	51
26	73	71	34	2	42	58	31	311	52
4	27	49	68	68	36	56	10	314	53
55	61	48	43	62	20	44	38	316	54
10	39	72	60	7	64	20	57	319	55
30	59	54	30	72	26	3	77	321	56
52	76	73	42	35	15	76	4	321	57
67	50	38	29	54	74	55	21	321	58
43	36	26	49	24	66	73	48	322	59
20	75	65	33	1	57	78	15	324	60
2	71	75	72	28	32	12	40	330	61
36	65	59	69	17	43	65	12	330	62
29	63	62	75	13	48	4	73	338	63
51	9	19	71	48	83	31	78	339	64
33	78	81	8	76	77	5	16	341	65
6	69	69	46	43	53	27	37	344	66
12	25	24	61	53	31	84	69	347	67
61	34	43	50	81	63	69	8	348	68
5	57	61	63	75	40	52	2	350	69
11	29	13	53	77	62	37	82	353	70
82	45	63	45	40	45	51	68	357	71
3	58	68	82	42	29	75	9	363	72

Tabela 38. Somatória dos valores da classificação (r) dos clones de cajueiro da geração F₁ e do clone-testemunha CCP 76 para os caracteres altura de planta (AP), diâmetro de copa (DC), antracnose (ANT), mofo-preto (MP), flores hermafroditas (FH), peso da castanha (PC) e produtividade (PROD). (Continuação)

Tratamentos	Classificação dos clones (r)							Soma r	r final
	AP	DC	ANT	MP	FH	PC	PROD		
77	70	25	67	39	61	29	72	363	73
56	49	60	38	82	46	16	79	370	74
24	83	66	54	64	6	70	33	376	75
40	81	82	84	45	35	2	50	379	76
34	66	80	31	78	58	7	62	382	77
15	72	77	73	61	18	28	54	383	78
68	68	50	66	60	80	54	11	389	79
72	44	67	59	74	37	53	61	395	80
44	82	83	81	50	4	38	59	397	81
39	80	74	37	79	41	67	47	425	82
13	56	52	78	71	65	74	35	431	83
19	46	79	83	80	81	22	83	474	84

* Clones selecionados pelo método em “tandem”.

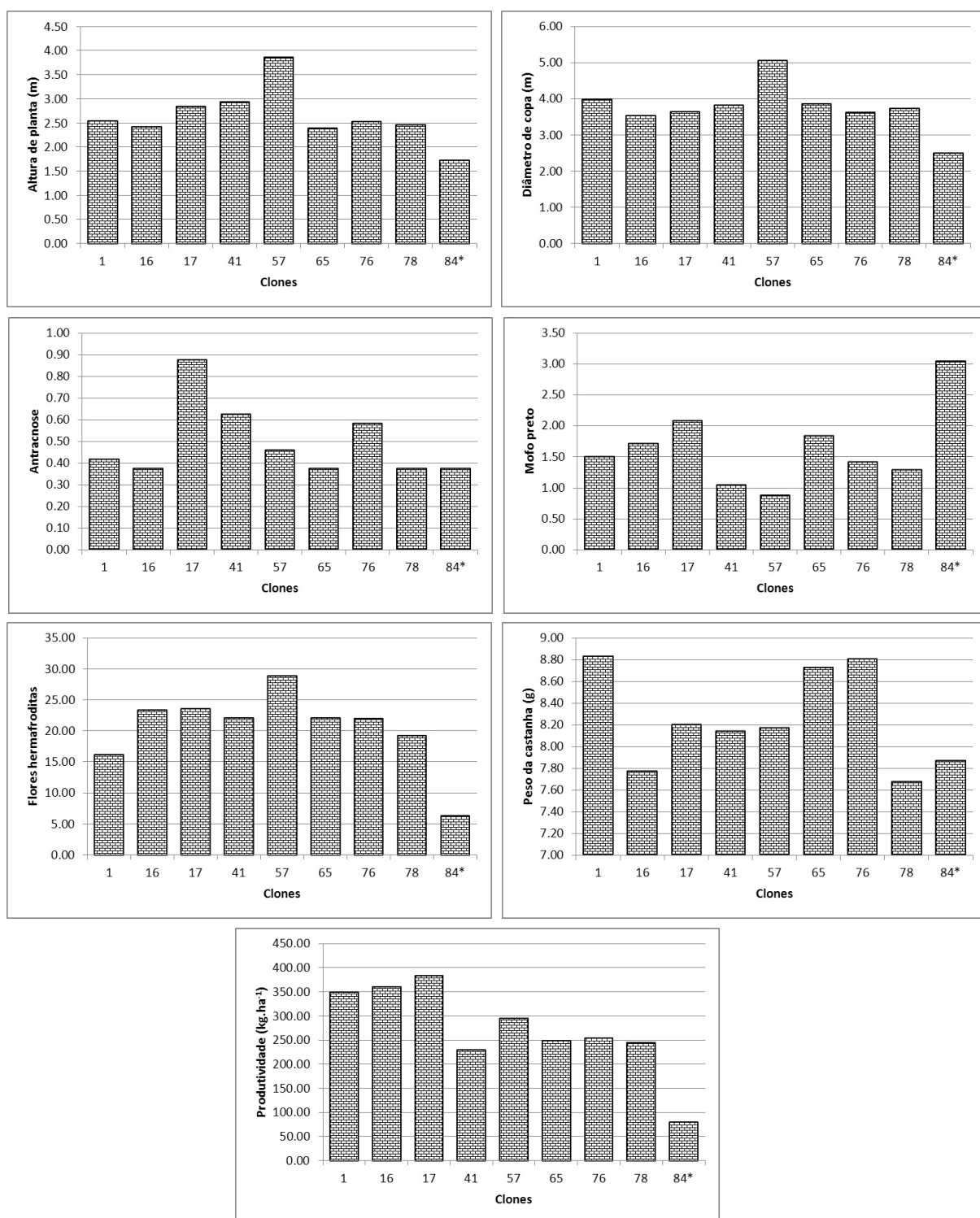


Figura 22. Valores médios dos seis ambientes para as características altura de planta, diâmetro de copa, antracnose, mofo-preto, flores hermafroditas, peso da castanha e produtividade dos oito clones selecionados na geração F₁ e da testemunha. *clone-testemunha CCP 76 (tratamento 84).

4.9. Considerações finais

O cajueiro, por ser uma espécie perene, apresenta vários aspectos biológicos peculiares que tornam o seu melhoramento genético bastante diferenciado do melhoramento de espécies vegetais anuais. Dentre os referidos aspectos, citam-se: ciclo reprodutivo longo, reprodução sexuada e assexuada, expressão dos caracteres ao longo das várias idades. Em consequência destes fatores, verificam-se os seguintes reflexos no melhoramento desta espécie: utilização dos indivíduos selecionados para produção durante vários anos; uso de avaliações repetidas em cada indivíduo ao longo do tempo; seleção envolvendo comparações de indivíduos avaliados em diferentes condições ambientais; relevância da unidade de seleção “indivíduo” em detrimento da unidade de seleção “média de grupos de indivíduos”, fato que demanda a predição dos valores genéticos individuais para fins de seleção; outro fator a considerar nesta espécie é a possível alteração no controle genético dos caracteres ao longo das idades (RESENDE, 2002).

Os resultados obtidos no presente estudo indicam condições favoráveis para obtenção de êxito no programa de melhoramento, utilizando os clones deste trabalho devido: à variabilidade genética presente na maioria das características estudadas; aos CVE, na maioria dos caracteres inferiores a 20%, o que mostra boa precisão experimental; às estimativas de variabilidade genotípica (σ_g^2), que indicaram a possibilidade de êxito nos trabalhos, pela predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais; aos elevados coeficientes de herdabilidade que, na maioria das variáveis, foi superior a 60%, evidenciando maior importância da variância devido a causas genéticas, em relação à causas ambientais, na expressão do fenótipo; os bons CVg, indicativos da grandeza relativa das mudanças em um caráter, que podem ser obtidas por meio da seleção; e à adequada relação de CVg/CVe com valores acima de 0,50 na maioria dos caracteres estudados, como indicador da importância dos efeitos genéticos sobre o ambiental no melhoramento.

É importante a realização de estudos sobre os clones disponíveis na geração F₁ de cruzamento entre cajueiro anão precoce e cajueiro comum, pois a existência de variabilidade genética possibilita encontrar indivíduos superiores que podem ser selecionados para participar de experimentos de competições de clones e, também, servir de base para cruzamentos.

Os programas de melhoramento do cajueiro podem ser beneficiados pelo desenvolvimento de métodos que possibilitem uma seleção mais precoce e eficiente de

genótipos superiores, como os estudos baseados em dados de marcadores moleculares, notadamente estudos da arquitetura genética por meio do mapeamento de QTLs (*Quantitative Trait Loci*), isto é, regiões cromossômicas contendo locos que controlam caracteres poligênicos.

Ambos os mapas genéticos parentais foram considerados capazes de identificar QTLs para os caracteres avaliados. Segundo Cavalcanti (2004), apesar dos marcadores AFLPs serem dominantes, eles contribuíram muito para identificação e localização de QTLs. No entanto, problemas com diferença de posição entre o alelo do QTL e marcadores AFLP (principalmente os que segregam na relação 3:1, pois não diferenciam o heterozigoto do homozigoto) causam distorções na estimação e interpretação dos parâmetros. Futura produção de um mapa saturado com mais marcadores codominantes, semelhantes ao SSR (microsatélites), deve aumentar substancialmente a eficiência da análise de QTL e fornecer melhor informação para a seleção assistida por marcadores nesta espécie.

Este trabalho é o mais extenso estudo relatando a detecção de QTL para os caracteres altura de planta, diâmetro de copa, intensidade de antracnose e mofo-preto, número de flores hermafroditas/panícula e peso da castanha em cajueiro em diferentes ambientes. Os marcadores moleculares associados aos QTLs podem ser utilizados para auxiliar a seleção de indivíduos com combinações favoráveis de vários caracteres de interesse econômico em estágio precoce (viveiro), podendo reduzir significativamente o número de indivíduos indesejáveis transferidos para o campo. Os resultados apresentados refletem a importância dos QTLs identificados, com possíveis impactos no processo seletivo desta espécie vegetal. Com isso, um expressivo ganho genético, otimização da área experimental e, conseqüentemente, redução nos custos e tempo podem ser alcançados. No entanto, os QTLs candidatos detectados neste estudo devem ser validados para que possam ser utilizados na seleção assistida por marcadores em programas de melhoramento do cajueiro, o que será objeto de futuros estudos.

5. CONCLUSÕES

Os parâmetros genéticos estimados indicam que há variabilidade genética entre os clones para os caracteres em estudo, possibilitando progresso genético por meio de seleção fenotípica simples para os caracteres antracnose, mofo-preto e peso da castanha. No entanto, para os caracteres altura de planta, diâmetro de copa e flores hermafroditas, a seleção deve ser criteriosa, pois estes apresentaram os menores valores de herdabilidade e razão CVg/CVe .

Os clones da geração F_1 1, 16, 17, 41, 57,65, 76 e 78 se destacaram em relação aos demais, por associarem alta produtividade de castanhas e flores hermafroditas, porte baixo, resistência às doenças antracnose e mofo-preto, caracteres desejáveis para o cultivo.

Os clones selecionados devem ser incluídos em experimentos de competição de clones e/ou utilizados como genitores para transferências de alelos favoráveis, visando à introdução de resistência em materiais de interesse econômico.

Há presença de QTLs para todos os caracteres avaliados, explicando entre 2,16 a 19,47% da variação fenotípica total nos caracteres diâmetro de copa e flores hermafroditas, respectivamente. Estes QTLs podem ser utilizados na seleção assistida por marcadores. Todavia, faz-se necessário a realização de outros estudos visando validar os QTLs candidatos identificados utilizando outras populações de cajueiro.

Há interação QTL x ambiente, com variação do número de QTLs detectados associados aos caracteres altura de planta, diâmetro de copa, antracnose, mofo-preto, flores hermafroditas e peso da castanha ao longo dos anos e locais. Fato que pode explicar as mudanças de classificação dos clones, pela expressão dos QTLs ao longo das várias idades e em ambientes favoráveis.

REFERÊNCIAS

- ALIYU, O.M.; AWOPETU, J.A. Chromosome studies in cashew (*Anacardium occidentale* L.). **African Journal of Biotechnology**, v.6, p.131-136, 2007.
- ALZATE-MARIN, A.L.; CERVIGNI, G.D.L.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, v.30, p.333-342, 2005.
- ANDERSON, J.A.; CHAO, S.; LIU, S. Molecular breeding using a major QTL for *fusarium* head blight resistance in wheat. **Crop Science**, v.47, p.S112-S119, 2007. Suplemento.
- ANDRADE, F.N.; ROCHA, M.M.; GOMES, R.L.F.; FREIRE FILHO, F.R.; RAMOS, S.R.R. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi avaliados para feijão fresco. **Revista Ciência Agronômica**, v.41, p.253-258, 2010.
- 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, p.397-404, 2003b.
- ASINS, M.J. Present and future of quantitative trait locus analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, v.121, p.281-291, 2002.
- AZEVEDO, D.M.P.; CRISÓSTOMO, J.R.; ALMEIDA, F.C.G.; ROSSETTI, A.G. Estimates of genetic correlations and correlated responses to selection in cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Genetics and Molecular Biology**, v.21, p.399-402, 1998.
- 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 (Org.). **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 (Org.). **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. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, 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.; ALVES, R.E.; LIMA, A.C. BRS 189 dwarf cashew clone cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.02, p.157-158, 2002b.
- 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, 2002a. 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).
- BERNADO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Minnesota: Semma Press, 2002. 369p.
- BROMAN, K.W. Review of statistical methods for QTL mapping in experimental crosses. **Laboratory Animal**, v.30, p.44-52, 2001.
- CARDOSO, J.E.; CAVALCANTI, J.J.V.; CAVALCANTE, M.J.B.; ARAGÃO, M.L.; FELIPE, E.M. Genetic resistance of dwarf cashew (*Anacardium occidentale* L.) to anthracnose, black mold, and angular leaf spot. **Crop Protection**, v.18, p.23-27, 1999.
- CARDOSO, J.E.; FREIRE, F.C.O.; SOUSA, R.N.M. **Efeito de fungicidas no controle do mofo-preto do cajueiro**. Fortaleza: Embrapa-CNPAT, 1996. 3p. (Embrapa-CNPAT. Pesquisa em Andamento, 3).
- CARDOSO, J.E.; SANTOS, A.A.; BEZERRA, M.A.; SOUZA NETO, J.; SOUZA, R.N.M. **Epidemiologia do mofo-preto e danos na produção do cajueiro**. Fortaleza: Embrapa-CNPAT, 2005. 16p. (Embrapa-CNPAT. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 23).
- CARNEIRO, M.S.; VIEIRA, M.L.C. Mapas genéticos em plantas. **Bragantia**, v.61, 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. **Journal of Experimental Botany**, v.53, p.2089-2098, 2002.
- CAVALCANTE, M.; LIRA, M.A.; SANTOS, M.V.F.; FERREIRA PITA, E.B.A.; FERREIRA, R.L.C.; TABOSA, J.N. Coeficiente de repetibilidade e parâmetros genéticos em capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p.569-575, 2012.
- CAVALCANTI, J.J.V. **Genetic mapping and QTL identification in cashew (*Anacardium occidentale* L.)**. 2004. 178p. Tese (Doutorado em Biologia Molecular). - University of Reading, Reading, Inglaterra, 2004.

- CAVALCANTI, J.J.V.; CARDOSO, J.E.; BARROS, L.M.; FELIPE, E.M. **Resistência genética de clones de cajueiro anão precoce às principais fitomoléstias**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2000. 15p. (Boletim de Pesquisa, 34).
- CAVALCANTI, J.J.V.; CRISÓSTOMO, J.R.; BARROS, L.M.; PAIVA, J.R. Heterose em cajueiro anão precoce. **Ciência e Agrotecnologia**, v.27, p.565-570, 2003.
- CAVALCANTI, J.J.V.; PAIVA, J.R.; BARROS, L.M.; CRISÓSTOMO, J.R. **Banco ativo de germoplasma de caju**: variabilidade, caracterização e utilização. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 1999. 9p.
- CAVALCANTI, J.J.V.; RESENDE, M.D.V.; CRISÓSTOMO, J.R.; BARROS, L.M.; PAIVA, J.R. Genetic control of quantitative traits and hybrid breeding strategies for cashew improvement. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.7, p.186-195, 2007.
- CAVALCANTI, J.J.V.; SANTOS, F.H.C.; SILVA, F.P.; PINHEIRO, C.R. QTL detection of yield-related traits of cashew. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.12, p.60-66, 2012.
- CAVALCANTI, J.J.V.; WILKINSON, M.J. The first genetic maps of cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Euphytica**, v.157, p.131-143, 2007.
- CILAS, C.; BOUHARMONT, P.; BOCCARA, M.; ESKES, A.B.; BARADAT, P. Prediction of genetic value for coffee production in *Coffea arabica* from a half-diallel with lines and hybrids. **Euphytica**, v.104, p.49-59, 1998.
- COELHO, A.S.G. Considerações gerais sobre a análise de QTL. In: PINHEIRO, J.B.; CARNEIRO, I.F. (Ed.). **Análise de QTL no melhoramento de plantas**. Goiânia: FUNAPE, 2000. p.1-20.
- COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; CARVALHO, F.I.F. Parâmetros genéticos do rendimento de grãos e seus componentes com implicações na seleção indireta em genótipos de feijão preto. **Ciência Rural**, v.29, p.1-6, 1999.
- CONNER, P.J.; BROWN, S.K.; WEEDEN, N.F. Molecular-marker analysis of quantitative traits for growth and development in juvenile apple trees. **Theoretical and Applied Genetics**, v.96, p.1027-1035, 1998.
- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; GONÇALVES, P.S.; CHICHORRO, J.F.; ROA, R.A.R. Variabilidade genética e seleção para caracteres de crescimento da seringueira. **Bragantia**, v.67, p.299-305, 2008.
- 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.

- CRISÓSTOMO, L.A.; SANTOS, F.J.S.; OLIVEIRA, V.H.; RAIJ, B.V.; BERNARDI, A.C.C.; SILVA, C.A.; SOARES, I. **Cultivo do cajueiro anão precoce**: aspectos fitotécnicos com ênfase na adubação e na irrigação. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2001. 20p. (Embrapa Agroindústria Tropical. Circular Técnica, 08).
- 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.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2006. 585p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- DEKKERS, J.C.M.; HOSPITAL, F. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. **Nature Reviews Genetics**, v.3, p.22-32, 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. **The Journal of Horticultural Science & Biotechnology**, v.77, p.41-47, 2002.
- DIAS, N.L.P.; OLIVEIRA, E.J.; DANTAS, J.L.L. Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agronômicos e estimação de parâmetros genéticos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.1471-1479, 2011.
- FALEIRO, F.G.; SCHUSTER, I.; RAGAGNIN, V.A.; CRUZ, C.D.; CORRÊA, R.X.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes e mapeamento de locos de características quantitativas associados a ciclo e produtividade do feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.1387-1397, 2003.
- FAO. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>>. Acesso em: 08 mai. 2012.
- FERRÃO, R.G.; CRUZ, C.D.; FERREIRA, A.; CECON, P.R.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, A.F.A.; CARNEIRO, P.C.S.; SILVA, M.F. Parâmetros genéticos em café Conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.61-69, 2008.
- FERREIRA, D.F.; MUNIZ, J.A.; AQUINO, L.H. Comparações múltiplas em experimentos com grande número de tratamentos – utilização do teste de Scott Knott. **Ciência e Agrotecnologia**, v.23, 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: <http://www.sfiec.org.br/portalv2/sites/cinv2/home.php?st=exibeConteudoClipping&conteudo_id=50898&dialog=1> Acesso em: 08 mai. 2012.

FRANÇA, F.M.C. Produção, comercialização e mercado. In: LIMA, V.P.M.S. (Org.). **A cultura do cajueiro anão precoce no Nordeste do Brasil**. Fortaleza: BNB/ETENE, 1988, p.403-452. (BNB/ETENE. Estudos Econômicos e Sociais, 35).

FREIRE, F.C.O.; CARDOSO, J.E. Doenças do cajueiro. In: FREIRE, F.C.O.; CARDOSO, J.E.; VIANA, F.M.P. (Ed.). **Doenças de fruteiras tropicais de interesse agroindustrial**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p.191-226.

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. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.13, 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.

FUNCEME. **Fundação Cearense de Meteorologia e Recursos Hídricos**. Disponível em: <<http://www.funceme.br/index.php/areas/tempo/grafico-de-chuvas-dos-postos-pluviometricos>>. Acesso em: 08 de mai. 2012.

GARCÍA, M.R.; ASÍNS, M.J.; CARBONELL, E.A. QTL analysis of yield and seed number in Citrus. **Theoretical and Applied Genetics**, v.101, p.487–493, 2000.

GIORDANI, S.C.O.; FERNANDES, J.S.C.; TITON, M.; SANTANA, R.C. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento em pequi em estádio precoce. **Revista Ciência Agrônômica**, v.43, p.146-153, 2012.

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. **Theoretical and Applied Genetics**, 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**, v.137, p.1121-1137, 1994.

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

HITTALMANI, S.; HUANG, N.; COURTOIS, B.; VENUPRASAD, R.; SHASHIDHAR, H.E.; ZHUANG, J.Y.; ZHENG, K.L.; LIU, G.F.; WANG, G.C.; SIDHU, J.S.; SRIVANTANEYAKUL, S.; SINGH, V.P.; BAGALI, P.G.; PRASANNA, H.C.; MCLAREN, G.; KHUSH, G.S. Identification of QTL for growth- and grain yield-related traits in rice across nine locations of Asia. **Theoretical and Applied Genetics**, v.107, p.679–690, 2003

HITTALMANI, S.; SHASHIDHAR, H.E.; BAGALI, P.G.; HUANG, N.; SIDHU, J.S.; SINGH, V.P.; KHUSH, G.S. Molecular mapping of quantitative trait loci for plant growth, yield and yield related traits across three diverse locations in a doubled haploid rice population. **Euphytica**, v.125, p.207-214, 2002.

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: 08 mai. 2012.

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.

KAYA, Z.; SEWELL, M.M.; NEALE, D.B. Identification of quantitative trait loci influencing annual height- and diameter-increment growth in loblolly pine (*Pinus taeda* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.98, p.586-592, 1999.

KEARSEY, M.J.; FARQUHAR, A.G.L. QTL analysis in plants; where are we now. **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. **Molecular Breeding**, 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 Genetics & Genomes**, v.4, p.647-661, 2008.

KHOSLA, P.K.; SAREEN, T.S; MEHRA, P.N. Cytological studies on Himalayan anacardiaceae. **Nucleous**, v.16, 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**, v.121, p.185-199, 1989.

LANZA, M. A.; GUIMARÃES, C. T.; SCHUSTER, I. Aplicação de marcadores moleculares no melhoramento genético. **Informe Agropecuário**, v.21, p.97-108, 2000.

- LAVIOLA, B.G.; ROSADO, T.B.; BHERING, L.L.; KOBAYASHI, A.K.; RESENDE, M.D.V. Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.1117-1123, 2010.
- 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.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer, 1998. 980p.
- MACCAFERRI, M.; SANGUINETI, M.C.; CORNETI, S.; ORTEGA, J.L.A.; SALEM, M.B.; BORT, J.; DEAMBROGIO, E.; DEL MORAL, L.F.G.; DEMONTIS, A.; EL-AHMED, A.; MAALOUF, F.; MACHLAB, H.; MARTOS, V.; MORAGUES, M.; MOTAWAJ, J.; NACHIT, M.; NSERALLAH, N.; OUABBOU, H.; ROYO, C.; SLAMA, A.; TUBEROSA, R. Quantitative trait loci for grain yield and adaptation of durum wheat (*Triticum durum* desf.) across a wide range of water availability. **Genetics**, v.178, p.489-511, 2008.
- MACHADO, O. Estudos novos sobre uma planta velha - o cajueiro (*Anacardium occidentale* L.). **Rodriguesia**, v.8, p.19-48, 1944.
- MACKAY, T.F.C. The genetic architecture of quantitative traits. **Annual Review of Genetics**, v.35, p.303-339, 2001.
- 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.). **Revista Ciência Agronômica**, v.35, p.272-278, 2004.
- 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.). **The Journal of Horticultural Science & Biotechnology**, v.76, p.375-383, 2001.
- MORAES, M.C. **Mapas de ligação e mapeamento de QTL (“Quantitative Trait Loci”) em maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.)**. 2005. 141p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.
- MOREIRA, J.U.V. **Mapeamento de QTLs para reação á doença mancha de *Phaeosphaeria* em milho**. 2004. 102p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2004.
- MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.

NEALE, D.B.; SEWELL, M.M.; BROWN, G.R. Molecular dissection of the quantitative inheritance of wood property traits in loblolly pine. **Annals of Forest Science**, v.59, p.595-605, 2002.

OLIVEIRA, R.P.; CRISTOFANI, M. MACHADO, M.A. Genetic linkage maps of 'Pera' sweet orange and 'Cravo' mandarin with RAPD markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, p.159-165, 2004.

OLIVEIRA, V.H. **Cultivo do cajueiro anão precoce**. Fortaleza: EMBRAPA-CNPAT, 2002. 40p. (EMBRAPA-CNPAT. Sistema de produção, 1).

OLIVEIRA, V.H.; ANDRADE, A.P.S. **Produção integrada de caju**. Disponível em: <<http://caju.cnpat.embrapa.br/pif/artigo1.pdf>>. Acesso em 10 out. 2007.

PAIVA, J.R.; ALVES, R.E.; MELO, F.I.O.; CORDEIRO, E.R.; ALMEIDA, A.S. Genetic progress of selections between and within caribbean cherry open pollination progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, p.299-306, 2002a.

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.; BARROS, L.M.; CAVALCANTI, J.J.V.; LIMA, A.C.; CORRÊA, M.C.M.; MELO, D.S.; PORTO, Z.B. Seleção de clones de cajueiro-anão precoce para plantio comercial no Município de Aracati, CE. **Revista Ciência Agronômica**, v.36, p.338-343, 2005.

PAIVA, J.R.; BARROS, L.M.; CRISÓSTOMO, J.R.; ARAÚJO, J.P.P.; ROSSETTI, A.G.; CAVALCANTE, J.J.V.; FELIPE, E.M. Depressão por endogamia em progênies de cajueiro anão precoce (*Anacardium occidentale* L.) var. nanum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.33, p.425-431, 1998.

PAIVA, J.R.; CARDOSO, J.E.; MESQUITA, A.L.M.; CAVALCANTI, J.J.V.; SANTOS, A.A. Desempenho de clones de cajueiro-anão precoce no semi-árido do Estado do Piauí. **Revista Ciência Agronômica**, v.39, p.295-300, 2008.

PAIVA, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V.; BARROS, L.M.; CORRÊA, M.C.M.; MAIA, M.C.C.; COSTA FILHO, A.B. Seleção de clones de cajueiro comum pelo método em tandem e índice de classificação. **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, p.765-772, 2007.

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).

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

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. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.13, p.107-111, 1991.

- PASSOS, A.R.; SILVA, S.A.; SOUZA, C.S.; SOUZA, C.M.M.; FERNANDES, L.S. Parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos em genótipos de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.709-714, 2010.
- PONTE, J.J. **Doenças do cajueiro no Nordeste Brasileiro**. Brasília: Embrapa-DDT, 1984. 51p. (Embrapa-DDT. Documentos, 10).
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMAN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.
- RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.
- ROSADO, A.M.; ROSADO, T.B.; RESENDE JÚNIOR, M.F.R.; BHERING, L.L.; CRUZ, C.D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênes de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.1653-1659, 2009.
- SANTOS, F.H.C. **Identificação de QTLs candidatos associados à qualidade pós-colheita do pedúnculo de caju**. 2008. 123p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2008.
- SANTOS, F.H.C.; CAVALCANTI, J.J.V.; SILVA, F.P. Detection of quantitative trait loci for physical traits of cashew apple. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, p.101-109, 2010.
- SANTOS, F.H.C.; CAVALCANTI, J.J.V.; SILVA, F.P. QTL detection for physicochemical characteristics of cashew apple. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, p.17-26, 2011.
- SAS. **Statistics analysis systems (SAS)**. Version 6, 12.ed. Cary: 2000. 1. CD-ROM.
- SAX, K. The association of size differences with seed coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. **Genetics**, v.8, p.552-560, 1923.
- SCHLÖTTERER, C. The evolution of molecular markers – just a matter of fashion? **Nature Reviews Genetics**, v.5, p.63-69, 2004.
- SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v.30, p.507-512, 1974.
- SEBBENN, A.M.; SIQUEIRA, A.C.M.F.; KAGEYAMA, P.Y.; MACHADO, J.A.R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva (*Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão). **Scientia Forestalis**, v.53, p.31-38, 1998.
- SEMAGN, K.; BJORNSTAD, A.; NDJIONDJOP, M.N. Principles, requirements and prospects of genetic mapping in plants. **African Journal of Biotechnology**, v.5, p.2569-2587, 2006.

- SINGH, S.; SIDHU, J.S.; HUANG, N.; VIKAL, Y.; LI, Z.; BRAR, D.S.; DHALIWAL, H.S.; KHUSH, G.S.; Pyramiding three bacterial blight resistance genes (xa5, xa13 and xa21) using marker-assisted selection into indica rice cultivar PR106. **Theoretical and Applied Genetics**, v.102, p.1011-1015, 2001.
- SOUSA, L.B.; FEITOZA, L.L.; GOMES, R.L.F.; LOPES, A.C.A.; SOARES, E.B.; SILVA, E.M.P. Aspectos de biologia floral de cajueiros anão precoce e comum. **Ciência Rural**, v.37, p.882-885, 2007.
- SOUZA, A.P. Biologia molecular aplicada ao melhoramento. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT. 2001. p.939-965.
- 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.
- STUBER, C.W.; POLACCO, M.; SENIOR, L.M. Synergy of empirical breeding, marker-assisted selection, and genomics to increase crop yield potential. **Crop Science**, v.39, p.1571-1583, 1999.
- TANKSLEY, S. D. Mapping polygenes. **Annual Review of Genetics**, v.27, p.205-233, 1993.
- THODAY, J.M. Location of polygenes. **Nature**, v.191, p.368-370, 1961.
- TIMMERMAN-VAUGHAN, G.M.; FREW, T.J.; RUSSELL, A.C.; KHAN, T.; BUTLER, R.; GILPIN, M.; MURRAY, S.; FALLOON, K. QTL mapping of partial resistance to field epidemics of ascochyta blight of pea. **Crop Science**, v.42, p.2100-2111, 2002.
- 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 Genetics & Genomes**, v.4, p.159-170, 2008.
- VAN OOIJEN, J.W. **MapQTL® 5**: Software for mapping of quantitative trait loci in experimental populations. Wageningen, Kyazma B.V. 2004.
- VIEIRA, L.L.; OLIVEIRA, V.H.; SILVA, F.P.; TÁVORA, F.J.A.F.; PITOMBEIRA, J.B. Tipos de flores e frutificação de cajueiro anão precoce irrigado. **Revista Ciência Agronômica**, v.36, p.358-363, 2005.
- VOORRIPS, R.E. MapChart. Software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. **Journal of Heredity**, v.93, p.77-78, 2002.
- WANG, B.; GUO, W.; ZHU, X.; WU, Y.; HUANG, N.; ZHANG, T. QTL mapping of yield and yield components for elite hybrid derived-rils in upland cotton. **Journal of Genetics and Genomics**, v.34, p.35-45, 2007.
- WOUW, M.V.; HINTUM, T.V.; KIK, C.; TREUREN, R.V.; VISSER, B. Genetic diversity trends in twentieth century crop cultivars: a meta analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, v.120, p.1241-1252, 2010.
- WU, R.; MA, C.X.; WU, S.S.; ZENG, Z.B. Linkage mapping of sex-specific differences. **Genetical Research**, v.79, p.85-96, 2002.

XIA, X.; MELCHINGER, A.E.; KUNTZE, L.; LÜBBERSTEDT, T. Quantitative trait loci mapping of resistance to sugarcane mosaic virus in maize. **Phytopathology**, v.89, p.660-667, 1999.

XUE, D.; HUANG, Y.; ZHANG, X.; WEI, K.; WESTCOTT, S.; LI, C.; CHEN, M.; ZHANG, G.; REG LANCE, R. Identification of QTLs associated with salinity tolerance at late growth stage in barley. **Euphytica**, v.169, p.187-196, 2009.

YOKOMIZO, G.K.I.; FARIAS NETO, J.T. Caracterização fenotípica e genotípica de progênies de pupunheira para palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.67-72, 2003.

YOSHIMARU, H.; OHBA, K.; TSURUMI, K.; TOMARU, N.; MURAI, M.; MUKAI, Y.; SUYAMA, Y.; TSUMURA, Y.; KAWAHARA, T.; SAKAMAKI, Y. Detection of quantitative trait loci for juvenile growth, flower bearing and rooting ability based on a linkage map of sugi (*Cryptomeria japonica* D. Don). **Theoretical and Applied Genetics**, v.97, p.45-50, 1998.