

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PESSEGUEIROS QUANTO À REAÇÃO À PODRIDÃO-PARDA EM FRUTOS¹

AMÉRICO WAGNER JÚNIOR², KELI CRISTINA FABIANE³,
JÉSSICA SCARLET MARTH ALVES DE OLIVEIRA⁴, JULIANO ZANELA⁵, IDEMIR CITADIN⁶

RESUMO - O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética em pessegueiros quanto à reação à podridão-parda em frutos. Foram avaliados 26 e 29 genótipos de pessegueiro no ciclo produtivo de 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente. O experimento foi realizado no Laboratório de Fitossanidade, da UTFPR – Câmpus Dois Vizinhos. A inoculação foi realizada sobre a epiderme dos frutos com aspersão de uma suspensão conidial ($1,0 \times 10^5$ esporos.mL⁻¹) de aproximadamente 0,15 mL de *M. fructicola*. Os frutos foram observados 72 e 120 horas após a inoculação, sendo avaliada a incidência e a severidade da doença. Com estes dados, foi aplicado o estudo da divergência genética por meio da análise de agrupamento através do método “vizinho mais próximo”, e agrupamento de otimização pelo método “Tocher”, utilizando-se como medida de dissimilaridade a distância de Mahalanobis, para ambos os métodos. Há pequena divergência genética entre os genótipos de pessegueiro analisados quanto à podridão-parda em frutos, o que pode dificultar a obtenção de material resistente à mesma.

Termos para indexação: melhoramento; *Monilinia fructicola*; resistência; *Prunus* sp.

PEACHES TREE GENETIC DIVERGENCE FOR BROWN ROT REACTION

ABSTRACT - It was evaluated the genetic divergence in peach genotypes for brown rot reaction. It was evaluated 26 and 29 peach genotypes in the 2009/2010 and 2010/2011 production cycle, respectively. The experiment was carried out at the Laboratório de Fitossanidade, da UTFPR – *Campus* Dois Vizinhos. The experimental design was entirely randomized, considering each peach genotype a treatment, and it was use three replication of nine fruits. The treatment control use three replication of three peach. The fruit epidermis were inoculated individually with 0.15 mL of *M. fructicola* conidial suspension (1.0×10^5 spores mL⁻¹). In the control treatment was sprayed with 0.15 mL of distilled water. The fruits were examined 72 and 120 hours after inoculation, and the incidence and severity disease were evaluated. These results allowed realized study for genetic divergence, used as dissimilarity measure the Generalized Mahalanobis distance. Cluster analysis using Tocher’s optimization method and distances in the plan were applied.

There was smallest genetic divergence among peach trees evaluated for brown rot, what can difficult to obtain resistance in the genotypes.

Index terms: Breeding; *Monilinia fructicola*. Resistance. *Prunus* sp.

INTRODUÇÃO

A podridão-parda, causada pelo fungo *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey, é a principal doença das fruteiras de caroço (*Prunus* spp.) (BYRDE; WILLETTS, 1977; LANDGRAF; ZEHR, 1982), uma vez que pode ser encontrada em praticamente todos os pomares das mesmas, causando severas perdas aos fruticultores (GARRIDO; SONEGO, 2003). Neste

sentido, essa doença possui importância econômica em quase todas as regiões do mundo (GRADZIEL et al., 1998).

O fungo ataca flores, ramos e frutos das plantas hospedeiras (BYRDE; WILLETTS, 1977; WAGNER JÚNIOR et al., 2005a; WAGNER JÚNIOR et al., 2005b; MAY-DE MIO et al., 2008). Normalmente, a tentativa de controle dessa doença depende de várias pulverizações com fungicidas,

¹Trabalho Sinfruit 092 - Simpósio Internacional de Fruticultura - Avanços na Fruticultura (17 a 21 Outubro)

²Eng. Agr. Dr. Professor. Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Câmpus Dois Vizinhos.

E-mail: americowagner@utfpr.edu.br. Tutor Grupo PET-Conexão dos Saberes – Agricultura Familiar

³Bióloga. MSc. Instituto Federal de Santa Catarina – Câmpus São Miguel do Oeste. E-mail: kelicristinafabiane@yahoo.com

⁴Acadêmico do curso de Zootecnia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Câmpus Dois Vizinhos.

E-mail: jeh.alves93@hotmail.com. Bolsista Fundação Araucária.

⁵Tecnólogo em Controle de Processos Químicos, Mestrando em Ciência de Alimentos. UEL. Técnico de Laboratório. UTFPR – Câmpus Dois Vizinhos. E-mail: julianoz@utfpr.edu.br

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

Neste sentido, maior ênfase deve ser aplicada a outras estratégias de controle que minimizem o uso de fungicidas por meio de métodos alternativos, como a adoção do controle genético. Porém, apesar da resistência à podridão-parda ser um dos objetivos de vários programas de melhoramento genético do pessegueiro pelo mundo, este apresenta-se ainda limitado para podridão-parda. Coletivamente, estudos no passado e no presente descrevem a existência de diferentes níveis de suscetibilidade à podridão-parda, tendo poucos genótipos com limitada resistência [ex: ‘Bolinha’ (FELICIANO et al., 1987; WAGNER JÚNIOR, 2005a e 2005b), ‘Dr. Davis’, ‘Ross’ (GRADZIEL; WANG, 1993), ‘Contender’ e ‘Venus’ (BASSI et al., 1998)].

Neste sentido, estudos de divergência genética são importantes e necessários para o conhecimento da variabilidade genética entre os genótipos quanto à podridão-parda, uma vez que gera informações para a escolha dos genitores, permitindo ao melhorista concentrar seus esforços nas combinações mais promissoras, o que aumenta a probabilidade de obter híbridos com bom desempenho para a característica desejada.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética em pessegueiros quanto à reação à podridão-parda em frutos.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado no Laboratório de Fitossanidade, da UTFPR – Câmpus Dois Vizinhos, nos ciclos produtivos de 2009/2010 e 2010/2011.

Foram avaliados 26 genótipos de pessegueiro (*Prunus persica*) no ciclo produtivo de 2009/2010, sendo 9 cultivares e 17 seleções, e 29 genótipos no ciclo de 2010/2011, sendo 8 cultivares e 21 seleções.

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

Os frutos coletados foram obtidos da coleção de pessegueiro implantado na área experimental da UTFPR, no município de Pato Branco-PR (lat. 26°41’ S, long. 56°07’ O e altitude média de 750 m).

As plantas de cada genótipo estão sendo conduzidas em sistema de vaso, com espaçamento 5 x 4 m entre plantas e linhas, respectivamente. As práticas de manejo foram realizadas conforme recomendações gerais para a cultura.

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

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

A inoculação foi realizada sobre a epiderme dos frutos com aspersão de uma suspensão conidial de aproximadamente 0,15 mL de *M. fructicola*. O procedimento foi realizado com borrifador plástico, sobre área com 2,5 cm de diâmetro na superfície da fruta. Após a inoculação, os frutos foram acondicionados sobre anéis de PVC dentro de caixas plásticas (24,0 x 23,0 x 10,0 cm) umedecidas e fechadas (com pequenos orifícios nas laterais) e forradas com papel-toalha umedecido. Todo o processo de inoculação foi realizado em câmara de fluxo laminar. As caixas foram, por sua vez, mantidas em ambiente natural. Os frutos foram observados 72 e 120 horas após a inoculação, sendo avaliada a incidência da doença, expresso em % de frutos contaminados, e individualmente a severidade de infecção do fruto atacado, baseados na escala de 0 a 4 (nota 0 - fruto sem infecção; nota 1 - $0\% \geq 25\%$ da superfície do fruto com lesão da doença; nota 2 - $25\% \geq 50\%$ da superfície do fruto com lesão da doença; nota 3 - $50\% \geq 75\%$ da superfície do fruto com lesão da doença, e nota 4 - 75% da superfície do fruto com lesão da doença (WAGNER JÚNIOR et al., 2005b). Foram utilizadas 3 repetições de nove frutos cada.

As cultivares e seleções estudadas quanto à incidência e severidade de podridão-parda nos frutos, nos dois ciclos produtivos, foram avaliadas quanto à análise de agrupamento através do método “vizinho mais próximo”, e agrupamento de otimização, pelo método “Tocher”, utilizando-se como medida de

dissimilaridade a distância de Mahalanobis, para ambos os métodos (CRUZ et al., 2004). Todas as análises estatísticas foram realizadas no Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, GENES® (CRUZ, 2006).

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Pelo agrupamento realizado pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, houve a individualização de 6 e 7 grupos mutuamente exclusivos quanto à reação à podridão-parda em frutos dos genótipos de pessegueiro analisados, nos ciclos de 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente (Tabelas 1 e 2).

Analisando-se os resultados da Tabela 1, pode-se verificar que o maior número de populações estava presente no grupo I, com 14 (Cascata 962; Cascata 967; Rubimel; Cascata 1063; Kampai; Conserva 844; Tropic Snow; Conserva 985; Cascata 1055; Conserva 1187; Conserva 1186; Bonão; Tropic Beauty e Conserva 1434), das 26 analisadas, o que indica pequena divergência genética entre as mesmas. Neste mesmo grupo (I), também foi obtido o maior número de genótipos no ciclo de 2010/2011, com 11 dos 26 analisados (Grupo I – Cascata 962; Rubimel; Kampai; Cascata 1303; Tropic Beauty; Libra; Tropic Snow; Bonão; Cascata 1063; Cascata 1065 e Conserva 1187) (Tabela 2).

Deste grupo, Libra, Bonão e Conserva 1187 possuem a mesma genitora materna (Conserva 594), a qual possui em sua genealogia a cultivar ‘Aldrighi’, bem como o genótipo Cascata 1063 e Cascata 1303, explicando o agrupamento desses genótipos em um mesmo grupo. Os genótipos Rubimel e Kampai são oriundos do cruzamento entre Chimarrita x Flordaprince e o Cascata 1065 tem como progenitor a cultivar Chimarrita, sendo então parentais. Os genótipos Tropic Snow e Tropic Beauty são da Universidade da Flórida e não se sabe sobre sua genealogia. O genótipo ‘Conserva 844’ não possui genealogia identificada.

Contudo, de acordo com as Tabelas 1 e 2, constatou-se que não houve similaridade nos genótipos que formaram os grupos nos ciclos de 2009/2010 e 2010/2011, exceção apenas para Rubimel, Kampai, Tropic Beauty, Tropic Snow, Bonão, Cascata 1063 e Conserva 1187, que foram agrupados no mesmo grupo em ambos os ciclos (Grupo I), o que pode ser explicado pelo grau de parentesco existente entre eles, exceção para Tropic Beauty e Tropic Snow que foram provenientes de pólen da Universidade da Flórida, conforme já ressaltado anteriormente. Esta diferença observada na formação dos demais

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

Entretanto, apesar do diferente número de grupos formados pelos dendrogramas obtidos pelo método de agrupamento do vizinho mais próximo, nos ciclos de 2009/2010 e 2010/2011 (2 e 3 grupos, respectivamente), verificou-se semelhança no agrupamento de alguns genótipos analisados (Figuras 1 e 2).

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

Os genótipos 19 (Atenas) e 23 (Conserva 681) possuem o mesmo progenitor materno (Alpes), explicando a pequena divergência entre os mesmos. No ciclo produtivo de 2010/2011 (Figura 2), houve a formação de grupo (I) com único genótipo (Conserva 1153). Por outro lado, o grupo III agrupou a maioria dos genótipos, com 18 dos 29 analisados [25 (Âmbar), 24 (Conserva 871), 15 (Conserva 844), 12 (Conserva 985), 9 (Conserva 1396), 27 (Conserva 1223), 26 (Santa Áurea), 23 (Conserva 681), 5 (Conserva 1187), 7 (Cascata 1063), 3 (Bonão), 8 (Tropic Snow), 1 (Libra), 10 (Cascata 1303), 2 (Tropic Beauty), 6 (Kampai), 11 (Rubimel) e 4 (Cascata 962)].

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

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

Os genótipos ‘Conserva 1186’, ‘Cascata 1055’ e ‘Conserva 1216’ possuem em comum o genitor ‘Granada’, e o mesmo apresenta em sua genealogia a cultivar ‘Alpes’, bem como os genótipos ‘Conserva 1434’, ‘Atenas’. Os genótipos ‘Conserva

1129' e 'Conserva 1127' possuem em sua genealogia a cultivar 'Aldrighi', genitor da cultivar 'Alpes', tornando-os parentais dos demais genótipos citados. Quanto aos genótipos 'Cascata 1070', 'Cascata 587' e 'Cascata 967', não é possível observar se há ou não grau de parentesco pela genealogia apresentada, porém não se descarta que haja alguma.

Para a formação do dendrograma pelo método do vizinho mais próximo, considerou-se a maior distância, 16,0 e 5,20 (obtida pela D^2) como 100% de distância nos ciclos de 2009/2010 e 2010/2011, respectivamente (Figuras 1 e 2).

No ciclo de 2009/2010, a maior divergência foi obtida entre os genótipos Libra (1) e Atenas (19), pertencentes aos grupos II e IV, pelo método de Tocher (Tabela 1) e/ou grupos I e II pelo método do vizinho mais próximo (Figura 1). Já no ciclo de 2010/2011, os genótipos Libra e Conserva 1153 foram os mais divergentes, sendo estes pertencentes aos grupos I e VII pelo método de Tocher (Tabela 2) e/ou I e III pelo do método do vizinho mais próximo (Figura 2). Isso demonstra maior potencial heterótico

nestas duas combinações, apesar de haver certo grau de parentesco entre os mesmos, em ambas as análises (ciclos de 2009/2010 e 2010/2011).

A obtenção de informações sobre os padrões heteróticos existentes é essencial para maximizar o uso das fontes genéticas nos programas de melhoramento (SANTOS et al., 2001), possibilitando maiores ganhos durante o processo de seleção.

Pode-se verificar, no presente estudo, que houve certas semelhanças entre os genótipos agrupados pelo método de Tocher com os obtidos pelo dendrograma por meio do método de agrupamento do vizinho mais próximo, em ambos os ciclos de avaliação (Tabelas 1 e 2, e Figuras 1 e 2).

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

TABELA 1 - Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, utilizando-se de 4 variáveis analisadas, baseado na distância de Mahalanobis, entre 26 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de germoplasma da área experimental da UTFPR, Pato Branco-PR ciclo produtivo de 2009/2010. UTFPR, Câmpus Pato Branco, 2011.

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

TABELA 2 - Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, utilizando-se de 4 variáveis analisadas, baseado na distância de Mahalanobis, entre 29 genótipos de pessegueiro provenientes da coleção de germoplasma da área experimental da UTFPR, Pato Branco-PR. ciclo produtivo de 2010/2011. UTFPR, Câmpus Pato Branco, 2011.

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

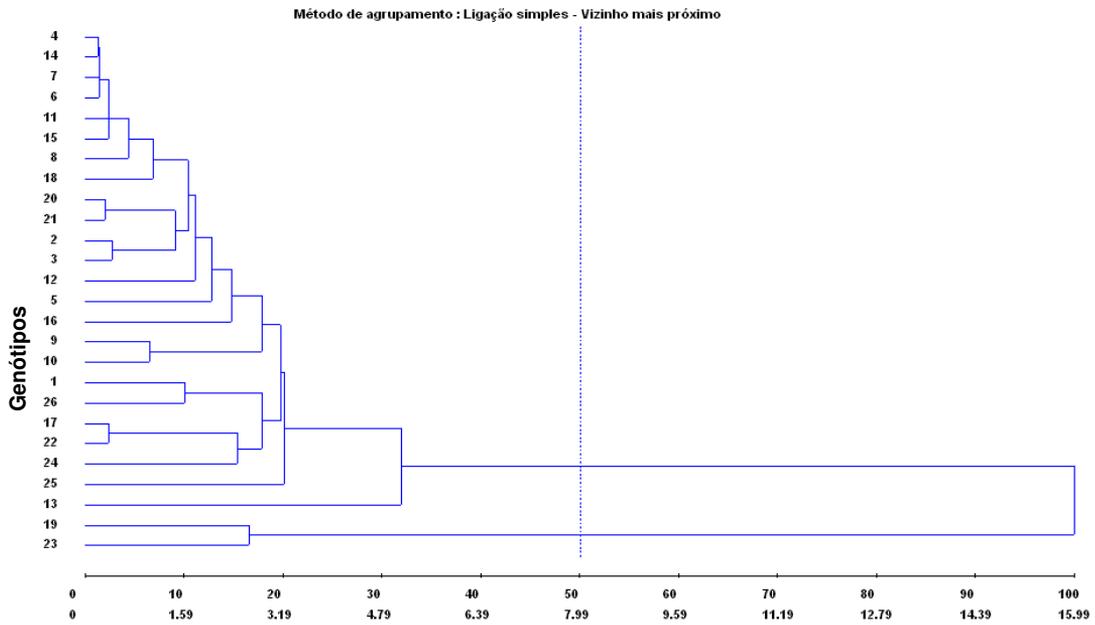


FIGURA 1 - Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 26 genótipos de pessegueiro (ciclo de 2009/2010) obtido pelo método ‘vizinho mais próximo’ com base nas variáveis de incidência e severidade de podridão-parda nos frutos em 2009, utilizando-se da distância generalizada de mahalanobis. No eixo X, foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações, e no eixo Y foram representados os 26 genótipos. UTFPR, Câmpus Pato Branco, 2011.

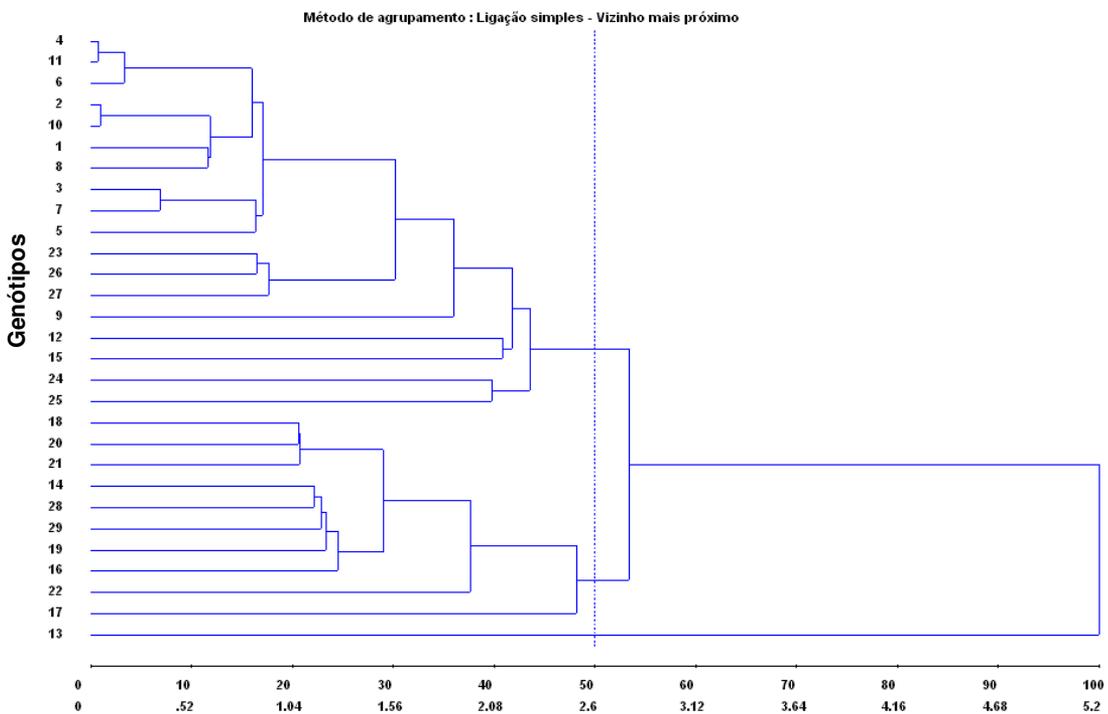


FIGURA 2 - Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos de pessegueiro (ciclo de 2010/2011) obtido pelo método ‘vizinho mais próximo’, com base nas variáveis de incidência e severidade de podridão-parda nos frutos em 2010, utilizando-se da distância generalizada de Mahalanobis. No eixo X, foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e no eixo Y foram representados os 29 genótipos. UTFPR, Câmpus Pato Branco, 2011.

CONCLUSÕES

Há pequena divergência genética entre os genótipos de pessegueiro analisados quanto à podridão-parda em frutos, o que pode dificultar a obtenção de material resistente à mesma.

AGRADECIMENTOS

À Fundação Araucária, pelo auxílio financeiro para a execução dos trabalhos.

REFERÊNCIAS

- BASSETTO, E.; AMORIM, L.; BENATO, E. A.; GONÇALVES, F. P.; LOURENÇO, S. A. Efeito da irradiação UV-C no controle da podridão-parda (*Monilinia fructicola*) e da podridão-mole (*Rhizopus stolonifer*) em pós-colheita de pêssegos. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.32, p. 393-399, 2007.
- BASSI, D.; RIZZO M.; CANTONI, L. Assaying brown rot [*Monilinia laxa* Adern. Et Ruhl. (Honey)] susceptibility in peach cultivars and progeny. **Acta Horticulturae**, The Hague, v. 465, p. 715-722, 1998.
- BYRDE, R. J. W.; WILLETS, H. J. **The brown rot fungi of fruit**. New York: Pergamon Press, 1977. 171 p.
- CANTILLANO, R. F. F.; SACHS, S. Colheita, classificação, embalagem e armazenagem. In: EMBRAPA. **A cultura do pessegueiro**. Pelotas: EMBRAPA/CNPFT, 1984. p.113-119.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; DESTRO, D.; PRETE, C.E.C.; GONZALES, M.G.N.; POPPER, I.; ZANNATTA, S.; SILVA, F.A. da. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, p.1613-1619, 2000.
- CRUZ, C. D. **Programa genes: biometria**. Viçosa (MG): Editora UFV, 2006. 382p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. p. 223-375.
- FELICIANO, A.; FELICIANO, A.J.; OGAWA, J.M. *Monilinia fructicola* resistance in peach cultivar Bolinha. **Phytopathology**, Saint Paul, v.77, n.6, p. 776-780, 1987.
- GARRIDO, L. R.; SÔNEGO, O. R. **Sistema de produção de pêssego de mesa na região da Serra Gaúcha**. Bento Gonçalves: Embrapa Uva e Vinho, 2003. Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/>>. Acesso em: 10 jan. 2011.
- LANDGRAF, F. A.; ZEHR, E. I. Inoculum sources for *Monilinia fructicola* in South Carolina peach orchards. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 72, p. 185-190, 1982.
- MAY-DE MIO, L. L.; MOREIRA, L. M.; MONTEIRO, L.; JUSTINIANO JUNIOR, P. Infecção de *Monilinia fructicola* no período de floração e incidência de podridão-parda em frutos de pessegueiro, em dois sistemas de produção. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 33, n.03, p. 227-234, 2008.
- SANTOS, M.X.; POLLAK, L.M.; CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.G.; GUIMARÃES, P.E.O.; ANDRADE, R.V. Heterotic responses of tropical elite maize accessions from Latin America with Brazilian testers. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.58, n.4, p.767-775, 2001.
- WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M.C.B.; PIROBOM, C.R.; FORTES, J.F.; SILVA, J.B. Peach flower reaction to inoculation with *Monilinia fructicola* (Wint.) Honey. **Journal of the Pomological Society**, Blacksburg, v.59, n.03, p.141-147, 2005a.
- WAGNER JÚNIOR, A.; RASEIRA, M.C.B.; PIROBOM, C.R.; FORTES, J.F.; SILVA, J.B. Non-Correlation of Flower and Fruit Resistance to Brown Rot (*Monilinia fructicola* (Wint.) Honey) Among 27 Peach Cultivars and Selections. **Journal of the American Pomological Society**, Blacksburg. v.59, n.03, p.148-152, 2005b.