



**Análise da correlação genotípica  
rendimento - qualidade em variedades de videira**

**Raquel Portanova de Almeida**

Dissertação para a obtenção do Grau de Mestre em

**Biologia Funcional**

Orientador: Doutor Antero Martins

Co-orientador: Doutora Elsa Gonçalves

**Juri:**

Presidente: Doutora Sara Barros Queiroz Amâncio, Professora Associada com Agregação do Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa.

Vogais: Doutor Antero Lopes Martins, Professor Associado Jubilado do Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa.

Doutora Maria Helena Reis de Noronha Ribeiro de Almeida, Professora Associada do Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa.

Lisboa, 2013



**Análise da correlação genotípica  
rendimento - qualidade em variedades de videira**

**Raquel Portanova de Almeida**

Dissertação para a obtenção do Grau de Mestre em

**Biologia Funcional**

Orientador: Doutor Antero Martins

Co-orientador: Doutora Elsa Gonçalves

**Juri:**

Presidente: Doutora Sara Barros Queiroz Amâncio, Professora Associada com Agregação do Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa.

Vogais: Doutor Antero Lopes Martins, Professor Associado Jubilado do Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa.

Doutora Maria Helena Reis de Noronha Ribeiro de Almeida, Professora Associada do Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa.

Lisboa, 2013

## Agradecimentos

Ao Professor Antero Martins por todo o conhecimento cedido com verdadeiro gosto em ensinar, pela revisão crítica e por toda atenção que sempre demonstrou.

À Doutora Elsa pela imensa disponibilidade em transmitir conhecimentos e esclarecer dúvidas, por toda a ajuda, compreensão e paciência.

À Alexandra, pelo importante incentivo e amizade.

O Instituto Superior de Agronomia não se responsabiliza  
pelas ideias expressas neste relatório

## Índice

Resumo .....	XIII
Abstract.....	XV
Abstract.....	XVII
1. Introdução.....	1
2. Materiais e Métodos .....	5
2.1. Materiais .....	5
2.2. Métodos.....	6
2.2.1. Avaliação das características.....	6
2.2.2. Métodos para a avaliação da correlação entre pares de características e das respectivas consequências na seleção .....	6
3. Resultados.....	12
3.1. Alvarinho.....	12
3.2. Aragonez .....	15
3.3. Arinto .....	18
3.4. Fernão Pires .....	20
3.5. Malvasia Fina .....	23
3.6. Rabo de Ovelha.....	26
4. Discussão .....	29
5. Conclusões.....	35
Referências bibliográficas .....	37

## Índice de Quadros

Quadro 1 - Descrição dos ensaios, os anos de avaliação e características avaliadas nas várias castas .....	5
Quadro 2 - Dados relativos à POP, ganhos genéticos previstos de rendimento obtidos ao seleccionar um grupo de clones superior e o número de CCClo instalados para cada casta .....	5
Quadro 3 - Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Alvarinho.....	12
Quadro 4 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Alvarinho .....	13
Quadro 5 - Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Alvarinho.....	14
Quadro 6 - Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Aragonez .....	15
Quadro 7 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Aragonez.....	16
Quadro 8 - Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Aragonez .....	17
Quadro 9 – Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Arinto .....	18
Quadro 10 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Arinto.....	19
Quadro 11 Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Arinto .....	20
Quadro 12 - Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Fernão Pires .....	21
Quadro 13 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Fernão Pires.....	22
Quadro 14 - Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Fernão Pires .....	22
Quadro 15 - Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Malvasia Fina.....	24
Quadro 16 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Malvasia Fina .....	25
Quadro 17 – Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Malvasia Fina.....	25
Quadro 18 - Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Rabo de Ovelha.....	26
Quadro 19 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Rabo de Ovelha .....	27
Quadro 20 – Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Rabo de Ovelha.....	28

## Resumo

A antiguidade da viticultura portuguesa permitiu a acumulação de uma grande variabilidade genética intravarietal das castas autóctones, matéria-prima disponível para realizar a selecção. Para tal é relevante a escolha das características a seleccionar e o conhecimento da correlação genotípica entre elas.

O objectivo deste trabalho foi verificar se entre rendimento e características da qualidade do mosto existem correlações fenotípicas e genotípicas. Este foi conduzido em seis castas portuguesas, em várias combinações local/ano.

Foram ajustados modelos univariados por característica e, nos casos em que foi detectada variabilidade genética significativa, foram avaliadas as correlações fenotípicas entre pares de características. Paralelamente foram ajustados dois modelos multivariados: um assumindo independência entre características (MM1); e outro assumindo características correlacionadas (MM2). Por último, foram avaliadas as consequências ao seleccionar com base nos melhores preditores lineares não enviesados empíricos dos valores genotípicos obtidos com o ajustamento dos dois modelos.

Para as seis castas estudadas as correlações genotípicas entre todos os pares de características obtidas com o ajustamento do modelo multivariado MM2 foram sempre superiores às correlações fenotípicas obtidas com a abordagem univariada. A qualidade do ajustamento do modelo MM2 foi sempre superior à do MM1, conduzindo a uma selecção mais precisa e eficiente.

Palavras-chave: videira, selecção genética, modelos mistos, correlação genotípica

## TITLE: ANALYSIS OF YIELD - QUALITY GENOTYPIC CORRELATION IN GRAPEVINE VARIETIES

### **Abstract**

The ancient Portuguese viticulture led to the accumulation of a large amount of genetic variability within native grapevine varieties. This variability is a high raw material for selection. When performing genetic selection concerning several traits, it is very important to know the genetic correlation between them.

Our main purpose was to study whether there are any phenotypic and genotypic correlations between yield and quality traits. The study was conducted in six Portuguese grapevine varieties, in different site/year combinations. Two different approaches were used. Firstly an univariate mixed model was fitted to the data of different traits. When significant genetic variability was detected, the phenotypic correlations between pairs of traits were evaluated. Secondly, two multivariate mixed models were fitted. One considering independence between traits (model MM1) and the other considering dependence between traits (modelo MM2). The efficiency of model MM2 over model MM1 was calculated using the predicted standard errors of the empirical best linear unbiased predictors of genotypic values of the traits.

For the six varieties, the genotypic correlations between traits obtained with model MM2 were always higher than the phenotypic correlations. Model MM2 had always a better fit than model MM1, leading to a more precise and efficient selection.

Key-words: grapevine, genetic selection, mixed models, genotypic correlation

## TITLE: ANALYSIS OF YIELD - QUALITY GENOTYPIC CORRELATION IN GRAPEVINE VARIETIES

### Abstract

The ancient Portuguese viticulture led to the accumulation of a large amount of genetic variability within native grapevine varieties. This variability is a high raw material for selection.

When performing genetic selection concerning several traits, it is very important to know the genetic correlation between them. To study these genetic correlations we must keep in mind which approach is the best and its consequences in the selection efficiency.

Our main purpose was to study whether there are any phenotypic and genotypic correlations between different must quality traits and between yield and quality traits. Also if there are any genotypic correlations and these are not considered in the model for data analysis we need to know the consequences in the efficiency of selection.

In order to answer all these questions we conducted a study including six Portuguese grapevine varieties, in different environments (different site/year combinations). Two different approaches both based on mixed models and quantitative genetics tools were used. In the first approach an univariate mixed model was fitted to the data of different traits. Then, when significant genetic variability was detected, the phenotypic correlations between pairs of traits were evaluated. In the second approach, two multivariate mixed models were fitted. One considering independence between traits (model MM1) and the other considering dependence between traits (modelo MM2). In the last model, the genotypic and error correlations between traits were estimated. Both models were compared and the relative efficiency of model MM2 over model MM1 was calculated using the predicted standard errors of the empirical best linear unbiased predictors (EBLUPs) of genotypic values of the traits. The superior group of genotypes selected according both model was also compared.

The genotypic correlations between trait pairs obtained when model MM2 was fitted were always higher than the phenotypic correlations. The genetic correlations between trait pairs were different among grapevine varieties. For "Rabo de Ovelha" and sometimes for "Malvasia Fina" the genetic correlation between yield and alcohol was negative, while for other varieties (like the "Arinto") the genetic correlation between yield and alcohol was positive. In all other varieties the genetic correlations between these two traits were lower. The pair with a higher negative genetic correlation was alcohol and acidity.

Although the genetic correlations were low in the majority of cases, the model MM2 had always a better fit than model MM1. The advantages of using model MM2 increased when the genotypic correlations between trait pairs were higher, leading to a decrease in the asymptotic predicted standard error of the EBLUPs of the genotypic values and, consequently, to a more precise and efficient selection.

Our results showed that hereafter the multivariate mixed model MM2 should be applied in the grapevine selection data analysis.

Key-words: grapevine, genetic selection, mixed models, genotypic correlation

## 1. Introdução

A antiguidade da viticultura portuguesa conduziu à acumulação de uma grande variabilidade genética intravarietal no interior das castas autóctones. Apesar de a videira ser propagada vegetativamente, os mecanismos naturais de variação, sobretudo mutações, originaram plantas com informação genética distinta da da planta original da casta. Estas plantas quando multiplicadas dão origem a clones também distintos. Assim, em cada ano originam-se novas distribuições genótípicas de determinada característica com amplitude crescente (Rives 1961, 1971). De facto, embora semelhantes fenotipicamente, os inúmeros genótipos existentes dentro de cada casta apresentam diferenças genéticas quanto a características economicamente importantes, nomeadamente, rendimento e características de qualidade do mosto (Martins *et al.*, 2006; Martins, 2007; Martins, 2009).

Existindo variabilidade genética intravarietal, existe matéria prima disponível para orientar a selecção no sentido dos actuais interesses da viticultura. Em Portugal, a selecção da videira iniciou-se em 1978, com a casta Touriga Nacional, na região do Douro. Esta era uma casta de grande notoriedade pela sua ligação ao vinho do Porto, mas com rendimento muito reduzido, até poucas centenas de gramas por planta (Martins, 2011). A selecção de genótipos superiores quanto a uma ou várias características pode ser conduzida segundo várias metodologias. A metodologia praticada em Portugal desde 1985 (Figura 1), foi modificada a partir da metodologia clássica francesa (Martins *et al.*, 1987; Martins *et al.*, 1990), substituindo-se a primeira fase de observação das características agronómicas e sanitárias de pés-mães durante quatro anos, por uma amostragem aleatória, no primeiro ano, de 100 a 500 pés-mães da casta. Estes são posteriormente enxertados por grupos clonais num mesmo ambiente segundo delineamentos experimentais adequados (Gonçalves e Martins, 2012).

É fácil compreender que um aspecto de primordial importância a considerar no âmbito da selecção tem a ver com a escolha das características a seleccionar e as vantagens e/ou inconvenientes que daí decorrem em se optar por privilegiar uma determinada característica em detrimento de outra. Por outras palavras, quando se opta, é essencial conhecer a correlação genética entre características. No nosso país, devido ao tradicional baixo rendimento das vinhas, um dos principais critérios de selecção tem sido o rendimento. No entanto, é indispensável avaliar que repercussão poderá ter ao nível das características de qualidade do mosto a escolha de genótipos com maior potencial produtivo. Este ponto é particularmente sensível, já que a relação entre rendimento e qualidade constitui um tema de permanente discussão em viticultura.

Existe a convicção, mais ou menos generalizada, de que uma produção elevada tem como consequência um decréscimo de qualidade. No entanto, em geral, crê-se também que a qualidade decresce, mas somente para além de determinados níveis de rendimento. Num estudo conduzido na Suíça, Rochaix *et al.* (1972) concluíram que existe um limite para o aumento da produção até ao qual não ocorre uma diminuição na qualidade, limite esse que varia com a região e com as condições edafoclimáticas, mas que se situa sempre abaixo das 20 t/ha. No Norte de França, Huglin &

Balthazard (1976) concluíram que, para diversas castas, até 5 t/ha não há qualquer correlação entre rendimento e teor em álcool provável, mas acima desse valor, cada aumento de 1t/ha no rendimento diminui em 0,17 graus o teor de álcool provavel. Segundo Humbert-Droz (1979), na região de Auvernier (Suíça) o aumento do rendimento afecta pouco a acidez total, mas influencia o teor em álcool provável. A partir de 12 t/ha está comprometida a qualidade das uvas, no entanto, este valor não é fixo, podendo variar com a variedade, o ano e as condições edáfico-climáticas. A convicção de que existe um antagonismo entre quantidade e qualidade também é partilhada por outros autores, por exemplo, Pouget (1985) Huglin (1986) e Navarre (1997).

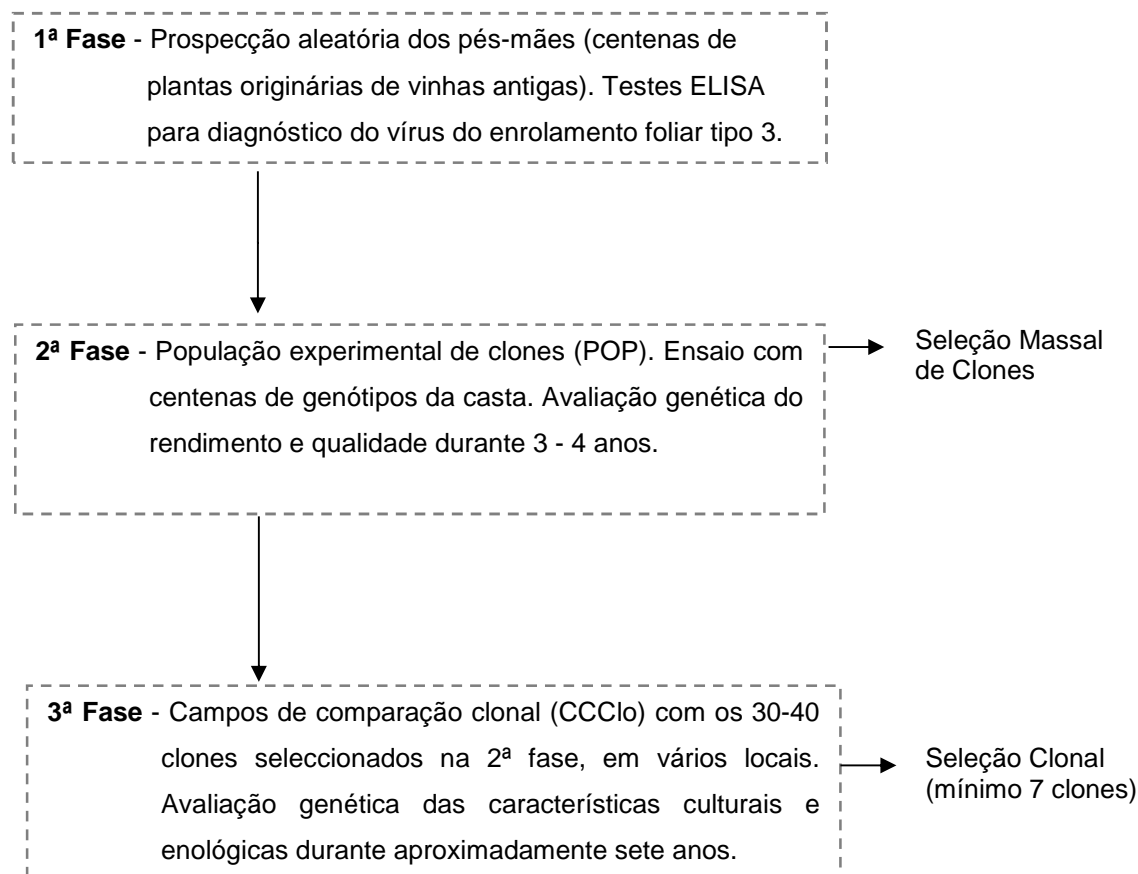


Figura 1- Esquema simplificado da metodologia de selecção praticada actualmente em Portugal (adaptado de: Martins *et al.*, 1987).

No entanto, e apesar de ser usual admitir-se a existência de uma correlação negativa entre o rendimento e as características de qualidade do mosto, já em 1971 Loinger e Safran demonstraram que vinhas de baixo rendimento nem sempre dão os melhores vinhos, e que existem numerosos casos em que o rendimento é elevado e os vinhos são de qualidade semelhante ou superior, aos casos de baixo rendimento. Em Portugal, Costa-Rodrigues *et al.* (2010) num ensaio com a casta Touriga Nacional na região do Dão, concluíram que nessa região a casta pode produzir mais que 60hl/ha, sem que se comprometa a qualidade. Em dois anos com rendimentos semelhantes obtiveram bagos com qualidade superior no ano mais seco, sendo, assim, o factor ano o mais decisivo para a qualidade.

Estudos mais recentes tendem a acentuar cada vez mais a importância de outros factores cruciais na qualidade do mosto, como o regime hídrico, temperatura, tipo de solo, fertilização e outras operações culturais (Constantini *et al.*, 2009; Zsófi, *et al.*, 2011; Bramley, 2011; Assimakopoulou e Tsougrianis, 2012; Baluja *et al.*, 2012; Santos *et al.*, 2012). Porém, muito pouco é referido quanto às características genéticas dos materiais seleccionados, nomeadamente as correlações genotípicas existentes entre rendimento e características de qualidade do mosto. No entanto, usualmente a selecção de génotipos superiores é baseada em várias características.

Um ponto crucial no estudo da correlação genotípica entre características é saber qual a melhor metodologia para avaliar essas correlações e quais as consequências na eficiência da selecção. Cada vez mais são defendidos os modelos mistos multivariados que assumem correlação entre pares de características. Nesta abordagem diversas variáveis são incluídas no modelo, assumindo-se que o valor de uma dada característica é resultante do valor próprio devido a essa característica e das interações entre todas as restantes. Apesar de este tema não ter sido até agora aprofundado com a videira, esta metodologia tem sido correntemente usada no melhoramento animal (Henderson e Quaas, 1976; Mrode, 2000) e no melhoramento agrícola e florestal (Souza *et al.*, 1998a, 1998b; Costa *et al.*, 2000; Aleta *et al.*, 2004; Piepho e Möhring, 2005; Holland, 2006; Bauer e Léon 2008; Piepho *et al.*, 2008; Gapare *et al.*, 2009; Viana *et al.*, 2010). Segundo os trabalhos dos vários autores citados, os resultados obtidos com os modelos mistos multivariados são geralmente diferentes dos obtidos com a análise individual por característica. Observam-se menores viés e erros padrão associados aos melhores preditores lineares não enviesados (BLUPs) dos efeitos genotípicos das características e, portanto, maior exactidão e precisão na selecção.

Num trabalho de revisão sobre o uso dos BLUPs no melhoramento de plantas, Piepho *et al.* (2008) referiram que a metodologia baseada em modelos mistos multivariados é mais vantajosa quando as características analisadas estão altamente correlacionadas. As desvantagens desta técnica estão associadas à exigência de elevados recursos computacionais, dado o lento processo de convergência do método de estimação de máxima verosimilhança restrita e à pouca parcimónia dos modelos. Estas limitações serão tanto mais agravadas quanto maior for o número de características consideradas (Piepho *et al.*, 2008; Mehrabani-Yeganeh *et al.*, 1999).

Os modelos mistos têm sido aplicados para a análise de dados provenientes de ensaios de selecção da videira (Gonçalves *et al.*, 2007; Gonçalves, 2008; Gonçalves e Martins, 2012). Porém nenhuma dessas anteriores abordagens assumiu correlações entre efeitos genotípicos de várias características, nem avaliou quais as consequências dessas correlações nos BLUPs desses efeitos genotípicos. Na videira, uma primeira aproximação a este tema foi realizada por Gomes (1998), porém usando apenas correlações fenotípicas. Nesse trabalho, estudou-se a relação entre rendimento e qualidade com base nos valores fenotípicos de 24 castas tradicionais portuguesas obtidos em vários ensaios de selecção. Segundo os resultados obtidos, concluiu-se que para a maioria das castas estudadas e para os níveis de rendimento constantes da análise, não existiu correlação entre rendimento e qualidade, com excepção das castas Rabo de Ovelha e Alvarelhão. A primeira, apresentou uma

acentuada correlação negativa entre rendimento e álcool e entre rendimento e pH do mosto. Para a segunda, este tipo de correlação foi também observado apenas entre rendimento e pH.

O objectivo central deste trabalho é verificar se entre rendimento e características da qualidade do mosto, e entre as diferentes características da qualidade, existem correlações fenotípicas e genotípicas. Este assunto é pertinente, já que quando se faz a selecção convém saber se ao melhorar uma característica não estamos a prejudicar outra e, caso existam correlações genotípicas, e estas não sejam consideradas no modelo de análise, em que medida é afectada a eficiência da selecção. Portanto, o presente estudo procura dar resposta a estas questões. Ele é conduzido relativamente a seis castas portuguesas, em vários ambientes (combinações local/ano) e envolverá duas metodologias, ambas utilizando modelos mistos e instrumentos da genética quantitativa. Será conduzida uma abordagem univariada, isto é, uma análise característica a característica, assumindo – se, assim, que existe independência entre elas. Nos casos em que for detectada variabilidade genética significativa, serão avaliadas as correlações fenotípicas entre pares de características. Paralelamente será desenvolvida uma abordagem multivariada em que serão avaliadas as correlações genotípicas e do erro entre pares de características. Por último, analisar-se-ão as consequências na eficiência da selecção ao seleccionar com base nos BLUPs empíricos do modelo que não prevê correlação entre características e com base nos BLUPs empíricos do modelo multivariado que assume a existência de correlação entre características.

## 2. Materiais e Métodos

### 2.1. Materiais

Os dados utilizados provêm de ensaios de selecção da videira, na sua grande maioria de campos de comparação clonal (CCClo, Fig. 1) das castas Alvarinho, Aragonez, Arinto, Fernão Pires, Malvasia Fina e Rabo de Ovelha (Quadro 1). Os clones presentes nesses ensaios foram seleccionados a partir da população experimental de clones (POP) inicial. O critério de selecção utilizado foi quase exclusivamente o rendimento (kg/planta). Para cada casta a informação relativa ao processo de selecção encontra-se descrita no Quadro 2.

Quadro 1 - Descrição dos ensaios, os anos de avaliação e características avaliadas nas várias castas

Casta	Local	Nº clones	Delineamento Experimental	Características	Anos de avaliação
Alvarinho	Monção (Ceivães)	35	RCB, 9 rep. X 4 pl.	Rendimento, álcool, acidez	1997;1998;1999;2003
	Monção (Pias)	35	RCB, 9 rep. X 3 pl.	Rendimento, álcool, acidez,	1996;1998;1999
Aragonez	Estremoz	40	RCB, 8 rep. X 6 pl.	Rendimento, álcool, acidez, antocianas	1997;1998;1999
	Reguengos	257	RCB, 5 rep. X 3 pl.	Rendimento, álcool, acidez, antocianas	2002;2004
	Tabuaço	40	RCB, 8 rep. X 7 pl.	Rendimento, álcool, acidez, antocianas	1996,1998
Arinto	Felgeiras	40	RCB, 9 rep. X 3 pl.	Rendimento, álcool, acidez	1994;1995;1996;1998;1999
Fernão Pires	Alpiarça	35	RCB, 8 rep. X 8 pl.	Rendimento, álcool, acidez	1996
	Anadia	35	RCB, 8 rep. X 6 pl.	Rendimento, álcool, acidez	1999;2000;2002;2004;2005
	Óbidos	35	RCB, 8 rep. X 6 pl.	Rendimento, álcool, acidez	1996;1998
Malvasia Fina	Palmela	39	RCB, 8 rep. X 7 pl.	Rendimento, álcool, acidez	1996;1998
	Régua	39	RCB, 5 rep. X 3 pl.	Rendimento, álcool, acidez	1996
	Mangualde	39	RCB, 8 rep X 6 pl.	Rendimento, álcool, acidez	1995 a 2000
Rabo de Ovelha	Reguengos	68	RCB, 4 rep. X 5 pl.	Rendimento, álcool, acidez	1992
	Redondo	32	RCB, 8 rep. X 7 pl.	Rendimento, álcool, acidez	1996;1997;1998;1999

RCB - blocos casualizados completos, rep. – repetições, pl. – plantas

Quadro 2 - Dados relativos à POP, ganhos genéticos previstos de rendimento obtidos ao seleccionar um grupo de clones superior e o número de CCClo instalados para cada casta

Casta	POP					Nº CCClo
	Nº. Clones	Delineamento Experimental (POP)	Anos de avaliação	Nº. Clones seleccionados	Ganho genético de rendimento previsto <sup>(1)</sup>	
Alvarinho	196	RCB,3 rep. X 5 pl.	1990;1991;1992	35	23,2%	2
Arinto	266	RCB, 4 rep. X 4 pl.	1988;1989	40	42,9%	3
Aragonez	245	RCB, 4 rep. x 5 pl.	1987, 1988 e 1989	40	21%	2
Fernão Pires	232	RCB, 3 rep. x 4 pl.	1989, 1990 e 1991	35	18%	3
Malvasia Fina	180	RCB, 5 rep. x 3 pl.	1989 e 1990	39	30,8%	2
Rabo de Ovelha	250	RCB, 4 rep. x 5 pl.	1994 a 1998	32	22,7%	1

<sup>(1)</sup> A previsão dos ganhos genéticos é calculada através da expressão,  $R = S \times H^2$ , em que S é o diferencial de selecção e  $H^2$  a heritabilidade em sentido lato (Falconer e Mackay, 1996).

## 2.2. Métodos

### 2.2.1. Avaliação das características

A avaliação do rendimento obedece a um processo rigoroso orientado para a minimização de erros. Durante a vindima, um técnico especializado acompanha e controla cada grupo de 2 a 4 vindimadores. São pesados os cachos de cada clone em todas as repetições (parcelas) do ensaio, utilizando balanças dinamométricas, e o técnico regista esses dados em folhas de vindima, que serão posteriormente introduzidos no computador.

Os parâmetros que afectam a qualidade do vinho são, normalmente, agrupados em quatro categorias fundamentais (Huglin, 1986): açúcares, ácidos, compostos aromáticos e fenóis. Actualmente, os parâmetros de qualidade correntemente avaliados são: o teor em álcool provável (%v/v), a acidez total (g/l ác. tartárico), o pH, as antocianas (mg/l) e os fenóis totais. Acidez total e pH são variáveis altamente correlacionadas, assim como antocianas e fenóis totais. Neste trabalho serão tratadas as características teor em álcool provável, acidez total e, na casta Aragonéz, o teor em antocianas. Para avaliar estes parâmetros foram aleatoriamente colhidos em todas as partes da planta (superior, média e inferior) sessenta bagos por clone em cada repetição. Por motivos de exequibilidade, essa colheita foi efectuada em apenas 3 repetições do ensaio (depois de uma análise de dados prévia, foram seleccionadas as 3 repetições mais homogéneas). Os bagos foram acondicionados em sacos identificados e transportados para o laboratório. No laboratório as análises foram realizadas por métodos correntes: refratométrico para o açúcar, álcool provável por conversão em tabela do açúcar, acidez por titulação, pH por potenciometria, antocianas por espectrofotometria.

Como para as características de qualidade só existem dados de 3 repetições, para o rendimento só foram utilizados os dados referentes a essas repetições.

### 2.2.2. Métodos para a avaliação da correlação entre pares de características e das respectivas consequências na selecção

#### 2.2.2.1. Modelos de análise e estimação das correlações

A análise de dados provenientes de ensaios de selecção da videira é suportada pela teoria dos modelos mistos (Gonçalves *et al.*, 2007; Gonçalves, 2008; Gonçalves e Martins, 2012). Os métodos aplicados para o estudo das correlações entre características basear-se-ão também neste tipo de modelos, adoptando duas abordagens, uma univariada e outra multivariada. Em ambos os casos, o modelo misto geral para a análise dos dados pode ser escrito, sob notação matricial, como

$$y = X\beta + Zu + e \quad (1)$$

onde  $y_{(n \times 1)}$  é o vector das observações,  $X_{(n \times p)}$  é a matriz de delineamento dos efeitos fixos,  $\beta_{(p \times 1)}$  é o vector de efeitos fixos,  $Z_{(n \times q)}$  é a matriz de delineamento dos efeitos aleatórios,  $u_{(q \times 1)}$  é o vector de efeitos aleatórios e  $e_{(n \times 1)}$  é o vector dos erros aleatórios.

Os vectores,  $u$  e  $e$ , assumem-se independentes com distribuição normal multivariada com valor médio  $0_{(n \times 1)}$  e matrizes de variâncias-covariâncias,  $G_{(q \times q)}$  e  $R_{(n \times n)}$ , respectivamente. A distribuição de  $y$  é normal multivariada com valor médio  $X\beta$  e matriz de variâncias-covariâncias  $V$ ,

$$V = ZGZ^T + R,$$

onde  $Z^T$  é a transposta de  $Z$ .

Na abordagem univariada, no modelo da equação (1) o vector  $y$  representa um vector com  $n$  observações relativas a uma única característica, o vector  $\beta$  inclui a média geral e os efeitos dos blocos do ensaio, o vector  $u$  é um vector com  $q$  efeitos genotípicos da característica avaliada (tantos quanto o número de genótipos do ensaio) e o vector  $e$  é um vector com  $n$  erros aleatórios associados às  $n$  observações. Os efeitos dos blocos assumiram-se fixos e os efeitos dos genótipos como variáveis aleatórias independentes e identicamente distribuídas (*iid*) com distribuição normal de valor médio 0 e variância  $\sigma_g^2$ . Os erros aleatórios assumiram-se variáveis aleatórias *iid* com distribuição normal, de valor médio 0 e variância  $\sigma_e^2$ . Os efeitos genotípicos e os erros assumiram-se variáveis aleatórias mutuamente independentes.

Assim, a análise dos dados começou com a selecção dos anos e características para posterior análise da correlação fenotípica entre rendimento e características de qualidade. Esse critério de selecção baseou-se nas estimativas de máxima verosimilhança restrita da variância genotípica obtidas para cada característica em cada combinação local/ano, resultantes do ajustamento do modelo linear misto univariado acima descrito. A componente de variância genotípica foi testada através de um teste de razão de verosimilhanças. De acordo com Self e Liang (1987) e Stram e Lee (1994), ao testar uma única componente de variância, a distribuição assintótica da estatística do teste de razão de verosimilhanças restritas trata-se de uma mistura de distribuições qui-quadrado ( $0,5\chi_0^2 + 0,5\chi_1^2$ ).

Quando não foi detectada variabilidade genética significativa para uma dada característica num determinado ano e local, não foram estimadas as correlações de Pearson entre pares de características. Recorde-se que o objectivo é chegar o mais próximo possível às correlações genotípicas entre características. Uma maneira aproximada de o conseguir será através das correlações fenotípicas. Mas, a correlação fenotípica é constituída por uma parte genotípica e por outra ambiental. Isto significa que, se toda a variação existente nos valores fenotípicos fosse devida unicamente a causas ambientais, então as correlações observadas seriam unicamente dessa origem.

As correlações fenotípicas ( $r_p$ ) entre pares de características foram então estimadas como

$$\hat{r}_p = \frac{\hat{\sigma}_{p_i p_i'}}{\hat{\sigma}_{p_i} \hat{\sigma}_{p_i'}},$$

onde  $\hat{\sigma}_{p_i p_{i'}}$  designa a covariância entre os valores fenotípicos médios das características  $i$  e  $i'$ ,  $\hat{\sigma}_{p_i}$  o desvio padrão fenotípico para a característica  $i$  e  $\hat{\sigma}_{p_{i'}}$  o desvio padrão fenotípico para a característica  $i'$ .

Na abordagem multivariada, ou seja, quando várias características são simultaneamente consideradas num modelo, foram incluídas as características rendimento, teor em álcool provável, acidez total e, na casta Aragonez, o teor em antocianinas. No caso de um modelo multivariado, os vectores das observações e dos erros aleatórios são dados, respectivamente, por

$$y = (y_1^T, y_2^T, \dots, y_t^T)^T,$$

e

$$e = (e_1^T, e_2^T, \dots, e_t^T)^T,$$

onde  $y_1$  é o vector com  $n_1$  observações de rendimento,  $y_2$  é o vector com  $n_2$  observações de álcool provável, etc., e  $e_1$ ,  $e_2$ , etc., são os correspondentes vectores de erros aleatórios.

O vector  $\beta$  contém os efeitos das várias características e dos blocos para cada característica. O vector  $u$  consiste em  $t$  sub-vectores, em que  $t$  representa o número de características avaliadas (ou seja, o vector  $u$  é composto por um conjunto de  $t$  sub-vectores, cada um contendo as observações de uma característica),

$$u = (u_1^T, \dots, u_t^T)^T,$$

e a matriz de delineamento associada ao vector  $u$  é dada por

$$Z = [Z_1 \quad Z_2 \quad \dots \quad Z_t],$$

onde  $Z_1, Z_2, \dots, Z_t$  são, respectivamente, as matrizes de delineamento associadas aos vectores de efeitos genotípicos. Consequentemente,

$$Zu = [Z_1 \quad \dots \quad Z_t] \begin{bmatrix} u_1 \\ \vdots \\ u_t \end{bmatrix} = \sum_{i=1}^t Z_i u_i.$$

Para a característica  $i$ , assume-se que o vector  $u_i$  tem distribuição normal multivariada, com valor médio  $E[u_i] = 0_{(q_i \times 1)}$  e matriz de variâncias-covariâncias  $G_i = Var[u_i] = \sigma_{g_i}^2 I_{q_i}$ , e que o vector  $e_i$  tem distribuição normal multivariada, com valor médio  $E[e_i] = 0_{(n_i \times 1)}$  e matriz de variâncias-covariâncias  $R_i = Var[e_i] = \sigma_{e_i}^2 I_{n_i}$ .

Uma variante deste modelo multivariado pode assumir independência entre características (este modelo será designado por MM1), ou seja, assume que as covariâncias genótípicas e dos erros entre todos os pares de características são zero. Consequentemente, a matriz de variâncias-covariâncias do vector  $u$  ( $G$ ) e do vector  $e$  ( $R$ ) são dadas, respectivamente, por:

$$G = Var[u] = \begin{bmatrix} \sigma_{g_1}^2 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \sigma_{g_2}^2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & \sigma_{g_t}^2 \end{bmatrix} \otimes I_{q_i}$$

e

$$R = Var[e] = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \sigma_{e_2}^2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & \sigma_{e_t}^2 \end{bmatrix} \otimes I_{n_i}$$

onde  $\sigma_{g_i}^2$  ( $i = 1, \dots, t$ ) representa a variância genotípica para a característica  $i$ ,  $I_{q_i}$  é a matriz identidade  $q_i \times q_i$ ,  $\sigma_{e_i}^2$  ( $i = 1, \dots, t$ ) a variância do erro referente à característica  $i$ ,  $I_{n_i}$  é a matriz identidade  $n_i \times n_i$  e  $\otimes$  representa o produto directo (Kronecker) de matrizes.

Outra variante do modelo multivariado pode assumir dependência entre características (este modelo será designado por MM2), ou seja, assume que as covariâncias genótípicas e do erro entre todos os pares de características são diferentes de zero (ou, de forma equivalente, assume a existência de correlações genótípicas e do erro entre pares de características). Consequentemente, a matriz de variâncias-covariâncias do vector  $u$  ( $G$ ) e do vector  $e$  ( $R$ ) são dadas, respectivamente, por:

$$G = Var[u] = \begin{bmatrix} \sigma_{g_1}^2 & \sigma_{g_1g_2} & \cdots & \sigma_{g_1g_t} \\ \sigma_{g_2g_1} & \sigma_{g_2}^2 & \cdots & \sigma_{g_2g_t} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{g_tg_1} & \sigma_{g_tg_2} & \cdots & \sigma_{g_t}^2 \end{bmatrix} \otimes I_{q_i}$$

e

$$R = Var[e] = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} & \cdots & \sigma_{e_1e_t} \\ \sigma_{e_2e_1} & \sigma_{e_2}^2 & \cdots & \sigma_{e_2e_t} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{e_te_1} & \sigma_{e_te_2} & \cdots & \sigma_{e_t}^2 \end{bmatrix} \otimes I_{n_i}$$

onde  $\sigma_{g_i}^2$  ( $i = 1, \dots, t$ ) representa a variância genotípica para a característica  $i$ ,  $\sigma_{g_i g_{i'}}$  representa a covariância genotípica entre duas características,  $I_{q_i}$  é a matriz identidade  $q_i \times q_i$ ,  $\sigma_{e_i}^2$  ( $i = 1, \dots, t$ ) é a variância do erro referente à característica  $i$ ,  $\sigma_{e_i e_{i'}}$  representa a covariância do erro entre duas características,  $I_{n_i}$  é a matriz identidade  $n_i \times n_i$  e  $\otimes$  representa o produto directo (Kronecker) de matrizes.

Os parâmetros de variância foram estimados pelo método de máxima verosimilhança restrita (Patterson & Thompson, 1971), usando o algoritmo de informação média (Gilmour *et al.*, 1995).

As correlações genotípicas e do erro entre pares de características foram estimadas, respectivamente, como

$$\hat{r}_g = \frac{\hat{\sigma}_{g_i g_{i'}}}{\hat{\sigma}_{g_i} \hat{\sigma}_{g_{i'}}}$$

e

$$\hat{r}_e = \frac{\hat{\sigma}_{e_i e_{i'}}}{\hat{\sigma}_{e_i} \hat{\sigma}_{e_{i'}}},$$

em que  $\hat{\sigma}_{g_i}$  e  $\hat{\sigma}_{e_i}$  são, respectivamente, as estimativas dos desvios padrão genotípico e do erro para a característica  $i$ ,  $\hat{\sigma}_{g_{i'}}$  e  $\hat{\sigma}_{e_{i'}}$  são, respectivamente, as estimativas dos desvios padrão genotípico e do erro para a característica  $i'$ .  $\hat{\sigma}_{g_i g_{i'}}$  representa a estimativa da covariância genotípica entre a característica  $i$  e a característica  $i'$  e  $\hat{\sigma}_{e_i e_{i'}}$  representa a estimativa da covariância do erro entre essas duas características.

### 2.2.2.2. Comparação e selecção de modelos

Os resultados obtidos com o ajustamento do modelo MM1 são iguais aos obtidos com o ajustamento de modelo univariado para cada característica.

As estimativas das componentes de variância genotípica e do erro serão iguais em todos os modelos ajustados, isto é, com o ajustamento do modelo univariado por característica, e com o ajustamento dos modelos multivariados MM1 e MM2. Contudo, o ajustamento do modelo MM2 terá consequências ao nível das covariâncias entre características e, conseqüentemente, ao nível dos melhores preditores lineares não enviesados empíricos (EBLUPs) dos valores genotípicos (Searle *et al.*, 1992; McCulloch *et al.*, 2008).

A qualidade do ajustamento dos dois modelos multivariados MM1 e MM2 foi comparada utilizando o critério de informação de Akaike (AIC) (Sakamoto *et al.*, 1986). Este critério beneficia não só os

modelos com maior log-verosimilhança restrita mas também os mais parcimoniosos (ou seja, os modelos com menos parâmetros). Assim para um dado modelo  $k$ , o AIC é dado por:

$$AIC = -2LR_k + 2p_k,$$

em que  $LR_k$  é a log-verosimilhança restrita do modelo  $k$  e  $p_k$  é o número de parâmetros de variância do modelo  $k$ . Assim, quando se comparam dois modelos, o modelo com menor AIC é o que revela melhor ajustamento aos dados.

### 2.2.2.3. Consequências na selecção

O critério anteriormente descrito indicará se é preferível ajustar o modelo que assume independência entre características (MM1) ou o que assume correlação entre características (MM2). No entanto, convém quantificar até que ponto essa melhoria no ajustamento justifica uma abordagem mais complexa, isto é, a opção pelo modelo MM2. Esta decisão foi tomada pela avaliação dos efeitos que o ajustamento destes modelos tem ao nível dos EBLUPs dos valores genotípicos, estes últimos com consequências directas na selecção. Esses EBLUPs obtiveram-se a partir das equações do modelo misto (Henderson, 1975; Searle *et al.*, 1992).

A precisão associada à selecção realizada com bases nos diferentes modelos, foi avaliada através da média dos erros padrão de predição assintóticos associados aos respectivos EBLUPS dos valores genotípicos. Assim, para cada característica, a eficiência relativa (RE) do modelo multivariado MM2 comparativamente ao modelo multivariado MM1, foi avaliada como:

$$RE(MM_2 \text{ com } MM_1) = \frac{APSE_{EBLUPs1}}{APSE_{EBLUPs2}},$$

onde  $APSE_{EBLUPs1}$  e  $APSE_{EBLUPs2}$  representam, respectivamente, a média dos erros padrão de predição assintóticos associados aos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com o modelo MM1 e MM2.

As consequências na selecção foram medidas através do coeficiente de correlação de Spearman ( $r_s$ ) entre as ordenações dos EBLUPs dos valores genotípicos para cada característica obtidos pelos dois modelos MM1 e MM2 e através da percentagem de clones comuns nos dois conjuntos de clones seleccionados: {clones seleccionados MM1}  $\cap$  {clones seleccionados MM2}.

A análise geral dos dados foi realizada utilizando o programa R (The R Foundation, 2011). Para o ajustamento dos modelos lineares mistos descritos anteriormente utilizou-se o package ASREML-R (Butler *et al.*, 2007).

### 3. Resultados

#### 3.1. Alvarinho

Segundo os resultados do ajustamento do modelo linear misto univariado foi sempre detectada variabilidade genética significativa ( $p < 0,05$ ) para as três características em estudo (Quadro 3).

Nas sete combinações local/ano estudadas, apenas numa situação (Monção/Ceivães, 1996) não se obteve convergência com o ajustamento do modelo misto multivariado com as três características em estudo e que assumiu correlação entre elas (MM2). Quando este modelo convergiu, os valores do AIC foram sempre mais baixos (indicando um melhor ajustamento) comparativamente ao modelo multivariado sem correlação entre características, com excepção de Ceivães/1997. Em Monção (Ceivães)/1996, o modelo multivariado assumindo correlação entre características obteve convergência com apenas duas características, rendimento e álcool.

Quadro 3 - Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Alvarinho

Local	Ano	Característica	Modelo univariado		Modelo multivariado	
			$\hat{\sigma}_g^2$ ( <i>p-value</i> )	$\hat{\sigma}_e^2$	MM1	MM2
					<i>AIC</i> <sub>1</sub>	<i>AIC</i> <sub>2</sub>
Monção (Ceivães)	1996	Rendimento	0,996 (0,0013)	2,167	379,3	Sem convergência
		Álcool	0,291 (<0,0001)	0,354		
		Acidez	0,167 (0,0342)	0,721		
	1997	Rendimento	1,003 (0,0002)	1,723	303,8	307,9
		Álcool	0,347 (<0,0001)	0,427		
		Acidez	0,177 (0,0001)	0,289		
	1998	Rendimento	0,575 (0,0002)	0,963	429,0	414,7
		Álcool	0,290 (0,0002)	0,481		
		Acidez	1,247 (<0,0001)	1,570		
	1999	Rendimento	5,929 (<0,0001)	6,152	395,9	394,7
		Álcool	0,089 (0,0162)	0,313		
		Acidez	0,252 (<0,0001)	0,270		
Monção (Pias)	1996	Rendimento	3,738 (0,0002)	6,255	474,4	466,7
		Álcool	0,185 (0,0071)	0,540		
		Acidez	0,142 (0,0104)	0,451		
	1998	Rendimento	1,706 (0,0004)	3,215	501,6	450,9
		Álcool	0,283 (0,0002)	0,483		
		Acidez	0,573 (0,0004)	1,076		
	1999	Rendimento	7,648 (<0,0001)	10,762	437,8	436,8
		Álcool	0,080 (0,0305)	0,332		
		Acidez	0,229 (<0,0001)	0,241		

$\hat{\sigma}_g^2$  – estimativa da variância genotípica e respectivo *p-value*;  $\hat{\sigma}_e^2$  - estimativa da variância do erro; MM1 - modelo multivariado que assume independência entre características; MM2 - modelo multivariado que assume correlação entre características; *AIC*<sub>1</sub> e *AIC*<sub>2</sub> – critérios de informação de Akaike obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2, respectivamente.

Relativamente aos resultados obtidos para as correlações entre pares de características (Quadro 4), com a abordagem univariada não se observaram correlações fenotípicas negativas ou positivas, entre

o rendimento e as características de qualidade, uma vez que os valores de  $r_p$  foram, em geral, muito próximos de zero. A correlação fenotípica entre rendimento e grau álcool provável mais elevada foi observada em Monção (Pias) /1999, ainda assim com um valor muito moderado (-0,353). A mesma tendência foi observada para as correlações fenotípicas entre rendimento e acidez. Como esperado, as correlações fenotípicas negativas mais relevantes observaram-se quase sempre entre álcool e acidez. No geral, entre rendimento e álcool a correlação fenotípica variou entre -0,353 (Pias/1999) e 0,228 (Ceivães/1998), entre rendimento e acidez variou entre -0,305 (Pias/1999) e -0,022 (Ceivães/1996) e entre álcool e acidez variou de -0,695 (Pias/1998) a 0,077 (Pias/1999).

Analisando os resultados com a abordagem multivariada (Quadro 4), as correlações genotípicas entre pares de características foram, em geral, mais elevadas que as correlações fenotípicas obtidas com a abordagem univariada. No geral, entre rendimento e álcool a correlação genética variou de -0,584 (Ceivães/1999) a 0,480 (Ceivães/1998), entre rendimento e acidez variou de -0,572 (Pias/1996) a 0,156 (Ceivães/1999), e entre álcool e acidez variou de -0,759 (Ceivães/1998) a 0,232 (Pias/1999). Na maioria dos casos estudados, a correlação do erro entre pares de características foi menor que a correlação genotípica.

Quadro 4 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Alvarinho

Ensaio	Ano	Média			Correlação	Abordagem univariada	Abordagem multinivariada MM2	
		Rend. (kg/planta)	Alc. (%v/v)	Acid. (g/l Ác. Tartárico)		$\hat{r}_p$	$\hat{r}_g$	$\hat{r}_e$
Monção (Ceivães)	1996	3,67	2,18	10,29	Rend., Alc.	-0,159	-0,154	-0,173
					Rend., Acid.	-0,022		
					Alc., Acid.	<b>-0,625</b>		
	1997	4,79	11,88	7,37	Rend., Alc.	-0,050	-0,015	-0,122
					Rend., Acid.	-0,188	-0,311	0,032
					Alc., Acid.	-0,330	-0,424	-0,133
	1998	2,24	12,21	9,56	Rend., Alc.	0,228	0,480	-0,228
					Rend., Acid.	-0,194	-0,343	0,114
					Alc., Acid.	<b>-0,600</b>	-0,759	-0,274
	1999	7,55	13,28	9,01	Rend., Alc.	-0,290	-0,584	0,139
					Rend., Acid.	0,149	0,156	0,131
					Alc., Acid.	<b>-0,406</b>	-0,612	-0,650
Monção (Pias)	1996	11,69	11,43	10,54	Rend., Alc.	-0,237	-0,158	-0,349
					Rend., Acid.	-0,238	-0,572	0,191
					Alc., Acid.	-0,211	-0,221	-0,202
	1998	6,26	11,50	11,14	Rend., Alc.	-0,033	-0,110	0,096
					Rend., Acid.	-0,160	-0,219	-0,066
					Alc., Acid.	<b>-0,695</b>	-0,723	-0,650
	1999	15,94	11,39	9,96	Rend., Alc.	<b>-0,353</b>	-0,507	-0,191
					Rend., Acid.	-0,305	-0,496	0,163
					Alc., Acid.	0,077	0,232	-0,136

Rend. – rendimento; Alc. – teor em álcool provável; Acid. – acidez total;  $\hat{r}_p$  – correlação fenotípica;  $\hat{r}_g$  – estimativa da correlação genotípica;  $\hat{r}_e$  – estimativa da correlação do erro. **Bold** significa correlação fenotípica diferente de zero (para um nível de significância 0,05).

Finalmente, os resultados referentes à selecção e à sua eficiência constam do Quadro 5. Em geral, os erros padrão assintóticos dos valores genotípicos previstos resultantes do ajustamento do modelo multivariado que assumiu correlação entre características (MM2) foram menores do que os

resultantes do ajustamento do modelo multivariado que assumiu independência entre características (MM1). A eficiência comparada do MM2 relativamente ao MM1, variou de 0% a mais 7% para o rendimento, de 0% a mais 19% para o álcool e de mais 1% a mais 11% para a acidez. Em geral, a maior eficiência está associada a uma maior correlação entre características (Ceivães/1998; Ceivães/1999; Pias/1996). Ou seja, a redução no APSE foi tanto menor quanto menor a correlação entre características. Relativamente aos valores do coeficiente de correlação de Spearman ( $r_s$ ) entre as ordenações dos valores genotípicos previstos obtidas com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 (Quadro 5), para o rendimento variaram de 0,963 a 0,999, esta última precisamente na situação em que se observou menor correlação entre características e sem alteração do APSE, Ceivães/1996. Para o álcool essa correlação variou entre 0,820 (onde se observa maior correlação com o rendimento, Ceivães/1999) e 0,996 (na situação com menor correlação entre características e sem alteração no APSE, Ceivães/1996) e, para a acidez, entre 0,885 (Pias/1996, na situação de maior correlação negativa com o rendimento) e 0,995 (Ceivães/1999, precisamente na situação com menor correlação com o rendimento). Isto é, a ordenação dos genótipos diferiu mais nas situações em que se observou maior correlação entre características. Entre as três características em estudo, a que manifestou maiores alterações na ordenação dos genótipos e, portanto, na selecção foi o álcool em Ceivães/1999. De facto, observando a percentagem de clones coincidentes com a selecção de 12 clones de acordo com os dois modelos, esta variou de 83% a 100% para o rendimento, de 67% a 100% para o álcool e de 83% a 92% para a acidez.

Quadro 5 - Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Alvarinho

Local	Ano	Característica	Modelo multivariado		RE	$r_s$	SC(%)
			MM1	MM2			
			$APSE_{EBLUPs1}$	$APSE_{EBLUPs2}$			
Monção (Ceivães)	1996	Rendimento	0,654	0,654	1,00	0,999	100
		Álcool	0,291	0,291	1,00	0,996	91,7
	1997	Rendimento	0,609	0,601	1,01	0,989	100
		Álcool	0,319	0,317	1,01	0,990	100
		Acidez	0,252	0,244	1,03	0,955	91,7
	1998	Rendimento	0,457	0,430	1,06	0,966	91,7
		Álcool	0,324	0,289	1,12	0,939	91,7
		Acidez	0,611	0,584	1,05	0,978	91,7
	1999	Rendimento	1,240	1,177	1,05	0,985	91,7
		Álcool	0,223	0,187	1,19	0,820	66,7
		Acidez	0,259	0,256	1,01	0,995	91,7
	Monção (Pias)	1996	Rendimento	1,166	1,091	1,07	0,963
Álcool			0,306	0,306	1,00	0,998	100
Acidez			0,274	0,247	1,11	0,885	83,3
1998		Rendimento	0,819	0,797	1,03	0,982	100
		Álcool	0,323	0,321	1,01	0,992	100
		Acidez	0,474	0,471	1,01	0,989	91,7
1999		Rendimento	1,573	1,486	1,06	0,971	91,7
		Álcool	0,220	0,211	1,04	0,945	100
		Acidez	0,245	0,233	1,05	0,977	91,7

$APSE_{EBLUPs1}$  e  $APSE_{EBLUPs2}$  – média dos erros padrão assintóticos associados aos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com o ajustamento do modelo multivariado MM1 e MM2, respectivamente; RE - eficiência relativa do modelo multivariado MM2 comparativamente ao modelo MM1;  $r_s$  - coeficiente de correlação de Spearman entre as ordenações dos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com as duas abordagens; SC – {clones seleccionados MM1}  $\cap$  {clones seleccionados MM2}, em percentagem.

### 3.2. Aragonez

Segundo o modelo univariado, a variabilidade genética do rendimento foi apenas significativa nas combinações Estremoz/1997, Reguengos/2002 e Reguengos/2004 (Quadro 6). No que respeita às três características de qualidade avaliadas, a variabilidade genética foi sempre significativa ( $p < 0,05$ ). Como consequência, só se avaliou a correlação entre todos os pares de características para as três situações mencionadas. Para as restantes, o estudo da correlação entre características e das respectivas consequências na selecção foi apenas efectuado para o álcool provável, acidez total e antocianas. Relativamente ao ajustamento dos modelos multivariados, não se obteve convergência com o ajustamento do modelo multivariado MM2 com as quatro características. O modelo multivariado que assumiu correlação entre características obteve apenas convergência com as características rendimento, álcool e acidez em Estremoz/1997 e Reguengos/2002, com o álcool provável e acidez total em Estremoz/1999 e Tabuaço/1998 e com rendimento e álcool em Reguengos/2004.

Quadro 6 - Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Aragonez

Local	Ano	Característica	Modelo univariado		Modelo multivariado	
			$\hat{\sigma}_g^2$ ( <i>p-value</i> )	$\hat{\sigma}_e^2$	MM1	MM2
					<i>AIC</i> <sub>1</sub>	<i>AIC</i> <sub>2</sub>
Estremoz	1997	Rendimento	0,300 (0,0374)	1,447	1352,4	Sem convergência
		Álcool	0,645 (<0,0001)	0,279		
		Acidez	0,052 (<0,0001)	0,074		
		Antocianas	9487,1 (<0,0001)	6366,8		
	1998	Rendimento	0,021 (0,1049)	0,155	Sem convergência	Sem convergência
		Álcool	0,398 (<0,0001)	0,190		
		Acidez	0,046 (<0,0001)	0,034		
		Antocianas	15168,3 (<0,0001)	16327,9		
	1999	Rendimento	0,161 (0,1296)	1,338	1425,4	Sem convergência
		Álcool	0,633 (<0,0001)	1,069		
		Acidez	0,020 (<0,0001)	0,033		
		Antocianas	10776,9 (<0,0001)	13675,2		
Tabuaço	1996	Rendimento	0,332 (0,0510)	1,7828	298,4	Sem convergência
		Álcool	0,000 (1)	0,097		
		Acidez	0,003 (0,4324)	0,213		
	1998	Rendimento	0,032 (0,2174)	0,405	1411,9	Sem convergência
		Álcool	0,774 (<0,0001)	0,930		
		Acidez	0,044 (0,0002)	0,083		
		Antocianas	10346,1 (0,0002)	19982,5		
Reguengos	2002	Rendimento	0,537 (<0,0001)	1,835	100084,0	Sem convergência
		Álcool	0,360 (<0,0001)	1,418		
		Acidez	0,008 (0,0061)	0,073		
		Antocianas	4629,9 (<0,0001)	27095,2		
	2004	Rendimento	0,183 (0,0003)	1,227	9139,4	Sem convergência
		Álcool	0,305 (<0,0001)	0,580		
		Acidez	0,007 (0,0131)	0,079		
		Antocianas	5015,1 (<0,0001)	23835,42		

$\hat{\sigma}_g^2$  – estimativa da variância genotípica e respectivo *p-value*;  $\hat{\sigma}_e^2$  - estimativa da variância do erro; MM1 - modelo multivariado que assume independência entre características; MM2 - modelo multivariado que assume correlação entre características; *AIC*<sub>1</sub> e *AIC*<sub>2</sub> – critérios de informação de Akaike obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2, respectivamente.

A maioria das correlações fenotípicas entre rendimento e características de qualidade foram muito fracas (Quadro 7). Entre rendimento e álcool provável os valores da correlação fenotípica variaram entre -0,294 (Reguengos/2004) e -0,081 (Estremoz/1997), entre rendimento e acidez total entre -0,080 (Reguengos/2002) e 0,175 (Reguengos/2004), e entre rendimento e antocianas entre -0,296 (Reguengos/2004) e -0,030 (Estremoz 1997). Entre pares de características de qualidade, esses valores oscilaram de -0,635 (Estremoz/1997) a -0,187 (Estremoz/1999) entre álcool e acidez total, de 0,461 (Reguengos/2002) a 0,873 (Estremoz/1999) entre álcool e antocianas e de -0,629 (Tabuaço/1998) a -0,031 (Reguengos/2002) entre acidez e antocianas. Nas situações em que se conseguiram obter correlações genéticas com o ajustamento do modelo multivariado, estas foram superiores às correlações fenotípicas. Por exemplo, entre rendimento e álcool variaram entre -0,449 (Reguengos/2004) e 0,120 (Estremoz/1997), e entre rendimento e acidez de -0,323 a -0,133 e entre álcool e acidez de -0,722 e 0,147. Em geral, em Estremoz, a correlação do erro entre pares de características foi maior que a correlação genotípica.

Quadro 7 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Aragonez

Local	Ano	Média				Correlação	Abordagem univariada		Abordagem multivariada MM2	
		Rend. (kg/planta)	Álc. (%v/v)	Acid. (g/l ác. tartárico)	Antocianas (mg/l)		$r_p$	$r_g$	$r_e$	
Estremoz	1997	5,51	12,43	3,51	636,16	Rend., Alc.	-0,081	0,120	-0,539	
						Rend., Acid.	0,041	-0,323	0,460	
						Rend., Ant.	-0,030			
						Alc., Acid.	<b>-0,635</b>	-0,722	-0,395	
						Alc., Ant.	<b>0,810</b>			
	1998	0,80	13,86	3,94	841,91	Acid., Ant.	<b>-0,608</b>			
						Alc., Acid.	<b>-0,587</b>			
						Alc., Ant.	<b>0,801</b>			
	1999	5,69	11,74	3,25	786,69	Acid., Ant.	<b>-0,328</b>			
						Alc., Acid.	-0,187	-0,133	-0,284	
1999	5,69	11,74	3,25	786,69	Alc., Ant.	<b>0,873</b>				
					Acid., Ant.	<b>-0,465</b>				
					Alc., Ant.	<b>-0,491</b>	-0,653	-0,174		
Tabuaço	1998	1,73	13,63	3,45	606,11	Alc., Ant.	<b>0,581</b>			
						Acid., Ant.	<b>-0,629</b>			
						Alc., Ant.	<b>-0,629</b>			
Reguengos	2002	2,91	14,37	2,58	744,82	Rend., Alc.	<b>-0,204</b>	-0,266	-0,153	
						Rend., Acid.	-0,08	-0,181	-0,031	
						Rend., Ant.	<b>-0,238</b>			
						Alc., Acid.	-0,021	0,147	-0,103	
						Alc., Ant.	<b>0,461</b>			
	2004	2,33	12,19	31,4	593,55	Acid., Ant.	-0,031			
						Rend., Alc.	<b>-0,294</b>	-0,449	-0,190	
						Rend., Aci	<b>0,175</b>			
						Rend., Ant.	<b>-0,296</b>			
						Alc., Acid.	<b>-0,424</b>			
Alc., Ant.	<b>0,668</b>									
Acid., Ant.	<b>-0,303</b>									

Rend. – rendimento; Alc. – teor em álcool provável; Acid. – acidez total; Ant. - antocianas-  $\hat{r}_p$  – correlação fenotípica;  $\hat{r}_g$  – estimativa da correlação genotípica;  $\hat{r}_e$  – estimativa da correlação do erro. **Bold** significa correlação fenotípica diferente de zero (para um nível de significância 0,05).

Os erros padrão assintóticos dos valores genotípicos previstos resultantes do ajustamento do modelo multivariado que assumiu correlação entre características (MM2) tenderam a ser menores do que os resultantes do ajustamento do modelo que assumiu características independentes (MM1) (Quadro 8). No caso do rendimento, a eficiência relativa (RE) do MM2 comparativamente ao MM1, variou de 0% a mais 7%. Para o grau álcool, a RE variou de 0% a mais 10% e, para a acidez, de 0% a mais 19%. Em geral, a maior eficiência do modelo MM2 está associada a uma maior correlação entre características (Estremoz/1997 e Tabuaço/1998). Relativamente ao rendimento, os valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as ordenações dos valores genotípicos previstos obtidas com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 (Quadro 8), variaram de 0,863 a 0,997. Para o álcool essa correlação variou entre 0,982 (Estremoz/1997, caso em que se registou a maior correlação negativa com acidez) e 0,999. Finalmente, para a acidez, os valores de  $r_s$  variaram de 0,900 (Estremoz/1997, caso em que se registou a maior correlação negativa com álcool) a 0,995 (Estremoz/1999, precisamente das situações com menor correlação com o álcool). Em suma, geralmente a ordenação dos genótipos diferiu mais nas situações em que se observou maior correlação entre características. Entre as três características em estudo, a que manifestou maiores alterações na ordenação dos genótipos e, portanto, na selecção foi o rendimento. De facto, para o rendimento a percentagem de clones coincidentes entre seleções de 12 clones superiores de acordo com os dois modelos variou de 75% a 92%, enquanto que para o álcool e acidez variou entre 83% e 100% e entre 83% a 92%, respectivamente.

Quadro 8 - Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Aragonez

Local	Ano	Característica	Modelo multivariado		RE	$r_s$	SC(%)
			MM1	MM2			
			$APSE_{EBLUPs1}$	$APSE_{EBLUPs2}$			
Estremoz	1997	Rendimento	0,438	0,409	1,07	0,863	75
		Álcool	0,285	0,259	1,10	0,982	100
		Acidez	0,130	0,109	1,19	0,900	83
	1999	Álcool	0,481	0,479	1,04	0,996	100
		Acidez	0,085	0,085	1,00	0,995	92
Tabuaço	1998	Álcool	0,473	0,463	1,02	0,982	92
		Acidez	0,131	0,125	1,05	0,957	92
Reguengos	2002	Rendimento	0,536	0,535	1,00	0,997	92
		Álcool	0,453	0,450	1,01	0,987	83
		Acidez	0,076	0,076	1,00	0,955	83
	2004	Rendimento	0,357	0,347	1,03	0,942	83
		Álcool	0,344	0,344	1,00	0,999	92

$APSE_{EBLUPs1}$  e  $APSE_{EBLUPs2}$  – média dos erros padrão assintóticos associados aos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com o ajustamento do modelo multivariado MM1 e MM2, respectivamente; RE - eficiência relativa do modelo multivariado MM2 comparativamente ao modelo MM1;  $r_s$  coeficiente de correlação de Spearman entre as ordenações dos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com as duas abordagens; SC – {clones seleccionados MM1}  $\cap$  {clones seleccionados MM2}, em percentagem.

### 3.3. Arinto

De acordo com o modelo univariado a variabilidade genética das diversas características foi quase sempre significativa ( $p < 0,05$ ), excepto em 2 casos, rendimento e acidez em 1994 (Quadro 9). Por esta razão, o estudo da correlação entre características e o relativo à selecção não foram efectuados para este ano. Relativamente ao modelo multivariado, obteve-se sempre convergência com o ajustamento do modelo misto multivariado com as três características em estudo e que assumiu correlação entre elas (MM2). Os valores do AIC obtidos com este modelo foram sempre mais baixos (indicando um melhor ajustamento) do que os obtidos com o ajustamento do modelo multivariado assumindo independência entre características.

Quadro 9 – Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Arinto

Ano	Característica	Modelo univariado		Modelo multivariado	
		$\hat{\sigma}_g^2$ ( <i>p-value</i> )	$\hat{\sigma}_e^2$	MM1	MM2
				AIC <sub>1</sub>	AIC <sub>2</sub>
1994	Rendimento	0,078 (0,2542)	1,168	464,3	425,5
	Álcool	0,821 (<0,0001)	0,379		
	Acidez	0,263 (0,0819)	1,712		
1995	Rendimento	0,597 (0,0043)	1,740	545,9	484,7
	Álcool	1,599 (<0,0001)	0,357		
	Acidez	2,102 (<0,0001)	0,956		
1996	Rendimento	1,194 (0,0304)	5,415	505,0	434,8
	Álcool	0,652 (<0,0001)	0,290		
	Acidez	0,634 (<0,0001)	0,378		
1998	Rendimento	0,412 (<0,0001)	0,574	334,8	263,5
	Álcool	0,368 (<0,0001)	0,211		
	Acidez	1,226 (<0,0001)	1,105		
1999	Rendimento	2,509 (<0,0001)	3,586	586,8	505,4
	Álcool	0,546 (<0,0001)	0,226		
	Acidez	1,131 (<0,0001)	1,425		

$\hat{\sigma}_g^2$  – estimativa da variância genotípica e respectivo *p-value*;  $\hat{\sigma}_e^2$  - estimativa da variância do erro; MM1 - modelo multivariado que assume independência entre características; MM2 modelo multivariado que assume correlação entre características; AIC<sub>1</sub> e AIC<sub>2</sub> - critérios de informação de Akaike obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2, respectivamente.

Segundo a abordagem univariada, a maioria das correlações fenotípicas entre rendimento e características da qualidade (Quadro 10) foram baixas, variando de -0.017 (em 1999) a 0,401 (em 1996) entre rendimento e teor em álcool provável, e de -0,462 (em 1996) a -0,178 (em 1999), entre rendimento e acidez. De salientar que, nestes casos, mesmo nas situações em que as correlações fenotípicas foram significativamente diferentes de zero, os valores dos coeficientes de correlação foram muito moderados. Entre grau álcool e acidez observaram-se correlações fenotípicas negativas significativas, variando entre -0,880 (1995) e -0,790 (1999).

De acordo com a abordagem multivariada, as correlações genéticas obtidas com o ajustamento do modelo multivariado MM2 foram sempre mais elevadas do que as correlações fenotípicas obtidas com o ajustamento do modelo univariado. Entre rendimento e teor em álcool provável os valores de  $r_g$  variaram de 0,028 (em 1999) a 0,853 (1996), entre rendimento e acidez total de -0,840 (em 1996)

a - 0,152 (em 1999) e entre grau álcool e acidez de -0,953 (em 1995) a -0,866 (em 1999). Em geral, na maioria dos casos estudados, a correlação do erro entre pares de características foi menor que a correlação genotípica.

Quadro 10 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Arinto

Ano	Média			Correlação	Abordagem univariada	Abordagem multivariada MM2	
	Rend. (kg/planta)	Alc. (%v/v)	Acid. (g/l ác. Tartárico)		$\hat{r}_p$	$\hat{r}_g$	$\hat{r}_e$
1995	5,1	9,31	12,11	Rend., Alc.	<b>0,373</b>	0,537	0,024
				Rend., Acid.	<b>-0,419</b>	-0,561	-0,183
				Alc., Acid.	<b>-0,880</b>	-0,953	-0,244
1996	8,80	9,21	11,75	Rend., Alc.	<b>0,401</b>	0,853	-0,363
				Rend., Acid.	<b>-0,462</b>	-0,840	0,069
				Alc., Acid.	<b>-0,837</b>	-0,912	-0,405
1998	2,29	9,55	13,35	Rend., Alc.	0,222	0,213	0,270
				Rend., Acid.	<b>-0,358</b>	-0,411	-0,222
				Alc., Acid.	<b>-0,810</b>	-0,875	-0,553
1999	9,21	8,45	13,61	Rend., Alc.	-0,017	0,028	-0,198
				Rend., Acid.	-0,178	-0,152	-0,237
				Alc., Acid.	<b>-0,790</b>	-0,866	-0,576

Rend. – rendimento; Alc. – teor em álcool provável; Acid. – acidez total;  $\hat{r}_p$  – correlação fenotípica;  $\hat{r}_g$  – estimativa da correlação genotípica;  $\hat{r}_e$  – estimativa da correlação do erro. **Bold** significa correlação fenotípica diferente de zero (para um nível de significância 0,05).

Relativamente aos resultados referentes à selecção (Quadro 11), os APSE resultantes do ajustamento do modelo multivariado que assumiu correlação entre características (MM2) foram menores do que os obtidos com o ajustamento do modelo que assumiu características independentes (MM1). De facto, a eficiência do MM2 foi sempre superior à do MM1, e a RE variou de 1% a 52% para o rendimento, de 1% a mais 16% para o álcool e de 6% a 22% para a acidez. A maior eficiência do MM2 relativamente ao MM1 registou-se quando a correlação entre o rendimento e as outras características foi maior (ano de 1996). Foi precisamente neste ano que se verificaram as maiores diferenças na ordenação dos genótipos (coeficiente de correlação de Spearman para o rendimento de 0,757). Em geral, os valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as ordenações dos valores genotípicos previstos obtidas com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2, para o rendimento, variaram de 0,755 a 0,975 (1999, ano em que se obteve uma das menores eficiência do MM2 relativamente ao MM1) (Quadro 11). Para o álcool essa correlação variou de 0,964 a 0,996, esta última observada nos anos onde se observaram as menores correlações com o rendimento e menor diferença na eficiência do modelo MM2 comparativamente ao modelo MM1. Para a acidez, a correlação de Spearman oscilou entre 0,949 (em 1995, ano em que o modelo MM2 foi mais eficiente 22% do que o modelo MM1) e 0,973 (em 1998, ano onde a diferença de eficiência entre MM2 e MM1 foi menor). A percentagem de clones coincidentes entre as selecções de 12 clones superiores, de acordo com os dois modelos, variou de 58% a 92% para o rendimento, de 83% a 100% para o álcool e de 83% a 100% para a acidez. Entre as três características em estudo, o rendimento foi a que manifestou maiores alterações na ordenação dos genótipos.

Quadro 11 Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Arinto

Ano	Característica	Modelo multivariado		RE	$r_s$	SC(%)
		MM1	MM2			
		$APSE_{EBLUPs1}$	$APSE_{EBLUPs2}$			
1995	Rendimento	0,549	0,508	1,08	0,920	75
	Álcool	0,333	0,317	1,05	0,993	100
	Acidez	0,527	0,433	1,22	0,949	83
1996	Rendimento	0,864	0,570	1,52	0,757	58
	Álcool	0,291	0,250	1,16	0,964	83
	Acidez	0,325	0,286	1,14	0,969	100
1998	Rendimento	0,364	0,358	1,02	0,974	92
	Álcool	0,243	0,241	1,01	0,996	100
	Acidez	0,534	0,503	1,06	0,973	92
1999	Rendimento	0,905	0,892	1,01	0,975	75
	Álcool	0,258	0,254	1,02	0,996	100
	Acidez	0,581	0,521	1,12	0,950	100

$APSE_{EBLUPs1}$  e  $APSE_{EBLUPs2}$  – média dos erros padrão assintóticos associados aos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com o ajustamento do modelo multivariado MM1 e MM2, respectivamente; RE - eficiência relativa do modelo multivariado MM2 comparativamente ao modelo MM1;  $r_s$  coeficiente de correlação de Spearman entre as ordenações dos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com as duas abordagens; SC – {clones seleccionados MM1}  $\cap$  {clones seleccionados MM2}, em percentagem.

### 3.4. Fernão Pires

De acordo com os resultados do ajustamento do modelo univariado, nas oito combinações local/ano estudadas a variabilidade genética do rendimento foi significativa ( $p < 0,05$ ) em quatro casos: Alpiarça/1996, Anadia/2000, Óbidos/1996 e Óbidos/1998 (Quadro 12). Para o grau álcool provável, a variabilidade genética foi sempre significativa ( $p < 0,05$ ). No caso da acidez, a variabilidade genética não foi significativa ( $p > 0,05$ ) apenas em Anadia nos anos 2002 e 2004. Assim, o estudo da correlação entre características e respectivas consequências na selecção não foi efectuado para Anadia nos anos 2002 e 2004, e em 1999 e 2005 só foi efectuado para grau álcool e acidez total.

Relativamente aos modelos multivariados, em dois casos não se obteve convergência com o ajustamento do modelo misto multivariado MM2 com as três características em estudo. Quando este modelo convergiu os valores do AIC foram sempre mais baixos (indicando um melhor ajustamento) comparativamente ao modelo multivariado assumindo a não existência de correlação entre características, com excepção do caso Alpiarça/1996.

À semelhança do já observado para as outras castas, os valores obtidos para os coeficientes de correlação fenotípica foram muito moderados (Quadro 13). Os valores obtidos com esta abordagem não suportam a existência de correlações fenotípicas positivas ou negativas entre rendimento e características de qualidade, mesmo quando  $r_p$  é significativamente diferente de zero. De facto, a correlação fenotípica entre rendimento e álcool variou entre 0,031 (Anadia/2000) e 0,392 (Óbidos/1998), entre rendimento e acidez total variou entre -0,411 (Óbidos/1998) e 0,335 (Alpiarça/1996). Álcool provável e acidez total tiveram a maior correlação fenotípica negativa (-0,716) em Anadia/2000 e a menor (-0,033) em Alpiarça/1996.

Quadro 12 - Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Fernão Pires

Local	Ano	Característica	Modelo univariado		Modelo multivariado	
			$\hat{\sigma}_g^2$ (p-value)	$\hat{\sigma}_e^2$	MM1	MM2
					AIC <sub>1</sub>	AIC <sub>2</sub>
Alpiarça	1996	Rendimento	0,488 (0.03681)	2,154	203,9	204,0
		Álcool	0,815 (<0.0001)	0,366		
		Acidez	0,050 (0.00034)	0,094		
Anadia	1999	Rendimento	0,000 (1.0000)	1,482	206,8	Sem convergência
		Álcool	0,083 (0.0395)	0,376		
		Acidez	0,109 (0.0044)	0,290		
	2000	Rendimento	0,050 (0.00093)	0,104	65,3	48,4
		Álcool	0,470 (<0.0001)	0,519		
		Acidez	0,230 (0.00019)	0,390		
	2002	Rendimento	0,172 (0.08223)	1,034	231,9	Sem convergência
		Álcool	0,388 (0.00094)	0,809		
		Acidez	0,032 (0.10465)	0,216		
	2004	Rendimento	0,077 (0.33022)	1,662	235,9	168,3
		Álcool	0,135 (0.03375)	0,581		
		Acidez	0,026 (0.17589)	0,248		
	2005	Rendimento	0,041 (0.13011)	0,319	-25,7	-64,9
		Álcool	0,207 (<0.0001)	0,302		
		Acidez	0,058 (0.0009)	0,120		
Óbidos	1996	Rendimento	0,219 (0.01513)	0,754	143,9	138,9
		Álcool	0,390 (<0.0001)	0,240		
		Acidez	0,064 (0.03388)	0,277		
	1998	Rendimento	0,533 (<0.0001)	0,685	257,8	207,4
		Álcool	0,410 (<0.0001)	0,431		
		Acidez	0,192 (0.00187)	0,443		

$\hat{\sigma}_g^2$  – estimativa da variância genotípica e respectivo *p-value*;  $\hat{\sigma}_e^2$  - estimativa da variância do erro; MM1 - modelo multivariado que assume independência entre características; MM2 - modelo multivariado que assume correlação entre características; AIC<sub>1</sub> e AIC<sub>2</sub> – critérios de informação de Akaike obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2, respectivamente.

As correlações genotípicas obtidas com o ajustamento do modelo multivariado MM2 foram sempre mais elevadas do que as correlações fenotípicas obtidas com o ajustamento do modelo univariado (Quadro 13). Entre rendimento e teor em álcool provável os valores de  $r_g$  variaram de 0,097 (Anadia/2000) a 0,578 (Óbidos/1998), entre rendimento e acidez total de -0,625 (Óbidos/1998) a 0,571 (Alpiarça 1996) e entre grau álcool e acidez de -0,959 (Anadia/2000) a -0,048 (Alpiarça/1996). Na maioria dos casos estudados, a correlação do erro entre pares de características foi menor do que a correlação genotípica.

Finalmente, os resultados referentes à selecção e à sua eficiência constam do Quadro 14. Em geral, os erros padrão assintóticos dos valores genotípicos previstos resultantes do ajustamento do modelo MM2 foram menores do que os resultantes do ajustamento do modelo MM1. A eficiência relativa do MM2 comparativamente ao MM1 variou de 1% a mais 16% para o rendimento, de 0% a mais 12% para o álcool e de 0% a mais 27% para a acidez. Em geral, a maior eficiência está associada a uma maior correlação entre características.

Quadro 13 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Fernão Pires

Ensaio	Ano	Média			Correlação	Abordagem univariada	Abordagem multivariada MM2	
		Rend. (kg/planta)	Alc. (%v/v)	Acid. (g/l ác. Tartárico)		$\hat{r}_p$	$\hat{r}_g$	$\hat{r}_e$
Alpiarça	1996	3,55	12,86	3,70	Rend., Alc.	0,180	0,435	-0,280
					Rend., Acid.	<b>0,335</b>	0,571	0,103
					Alc., Acid.	-0,033	-0,048	0,012
Anadia	1999	4,39	11,94	5,83	Alc., Acid	<b>-0,657</b>		
	2000	0,92	12,06	7,20	Rend., Alc.	0,031	0,097	-0,098
					Rend., Acid.	-0,111	-0,253	0,115
					Alc., Acid.	<b>-0,716</b>	-0,959	-0,194
	2005	1,77	11,82	6,33	Alc., Acid	<b>-0,543</b>	-0,495	-0,631
Óbidos	1996	7,1	11,76	6,50	Rend., Alc.	0,120	0,176	0,035
					Rend., Acid.	-0,125	-0,375	0,070
					Alc., Acid.	<b>-0,558</b>	-0,840	-0,213
	1998	5,25	11,33	5,56	Rend., Alc.	<b>0,392</b>	0,578	-0,086
					Rend., Acid.	<b>-0,411</b>	-0,625	-0,050
					Alc., Acid.	<b>-0,524</b>	-0,460	-0,675

Rend. – rendimento; Alc. – teor em álcool provável; Acid. – acidez total;  $\hat{r}_p$  – correlação fenotípica;  $\hat{r}_g$  – estimativa da correlação genotípica;  $\hat{r}_e$  – estimativa da correlação do erro. **Bold** significa correlação fenotípica diferente de zero (para um nível de significância 0,05).

Quadro 14 - Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Fernão Pires

Local	Ano	Característica	Modelo multivariado		RE	$r_s$	SC(%)
			MM1	MM2			
			$APSE_{EBLUPs1}$	$APSE_{EBLUPs2}$			
Alpiarça	1996	Rendimento	0,550	0,473	1,16	0,834	67
		Álcool	0,326	0,308	1,06	0,989	92
		Acidez	0,140	0,138	1,01	0,983	100
Anadia	2000	Rendimento	0,144	0,142	1,01	0,985	92
		Álcool	0,357	0,324	1,01	0,944	83
		Acidez	0,290	0,229	1,27	0,869	75
	2005	Álcool	0,262	0,260	1,01	0,982	92
		Acidez	0,155	0,155	1,00	0,999	100
Óbidos	1996	Rendimento	0,347	0,340	1,02	0,966	83
		Álcool	0,258	0,257	1,00	0,999	100
		Acidez	0,199	0,157	1,27	0,733	75
	1998	Rendimento	0,402	0,377	1,07	0,952	83
		Álcool	0,328	0,293	1,12	0,959	75
		Acidez	0,292	0,273	1,07	0,921	75

$APSE_{EBLUPs1}$  e  $APSE_{EBLUPs2}$  – média dos erros padrão assintóticos associados aos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com o ajustamento do modelo multivariado MM1 e MM2, respectivamente; RE - eficiência relativa do modelo multivariado MM2 comparativamente ao modelo MM1;  $r_s$  coeficiente de correlação de Spearman entre as ordenações dos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com as duas abordagens; SC – {clones seleccionados MM1}  $\cap$  {clones seleccionados MM2}, em percentagem.

Os valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as ordenações dos valores genotípicos previstos do rendimento obtidas com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 (Quadro 14), variaram de 0,834 a 0,985, esta última precisamente na situação em que se observaram menores correlações genotípica e do erro entre características, Anadia/2000. Para o álcool essa correlação variou entre 0,944 e 0,999 (na situação com menor correlação entre características e sem alteração no APSE,

Óbidos/1996) e, para a acidez, entre 0,733 (Óbidos/1996, numa das situação de maior correlação negativa com álcool e maior eficiência do MM2) e 0,999 (Anadia/2005, precisamente na situação em que não se observaram alterações no APSE). Isto é, a ordenação dos genótipos diferiu mais nas situações em que se observou maior correlação entre características e, conseqüentemente, perante uma maior eficiência do MM2. Observando a percentagem de clones coincidentes entre as selecções de 12 clones superiores de acordo com os dois modelos, esta variou de 67% a 92% para o rendimento e de 75% a 100% para o álcool e acidez. Entre as três características em estudo, o rendimento revelou maiores alterações na ordenação dos genótipos e, portanto, na composição do grupo seleccionado.

### 3.5. Malvasia Fina

Segundo o modelo univariado, a variabilidade genética do rendimento não foi significativa ( $p > 0,05$ ) nas combinações Mangualde/1996, Mangualde/1999 e Régua/1996 (Quadro 15). Para o grau álcool provável a variabilidade genética foi sempre significativa ( $p < 0,05$ ), excepto na Régua/1996. No caso da acidez total, a variabilidade genética não foi significativa ( $p > 0,05$ ) apenas em Palmela/1998, Mangualde/1996 e na Régua/1996. Como tal, o estudo da correlação entre características e respectivas conseqüências na selecção não foi efectuado para Mangualde/1996 e Régua/1996. Para o caso de Palmela/1998, foi apenas efectuado o estudo da correlação entre rendimento e álcool provável e, para Mangualde/1999, entre álcool provável e acidez total.

Relativamente ao ajustamento dos modelos multivariados (Quadro 15), das nove situações estudadas só em três casos (Palmela/1998, Mangualde/1997, Régua/1996) não se obteve convergência com o ajustamento do modelo multivariado MM2 com as três características. Quando este modelo convergiu os valores do AIC foram sempre mais baixos indicando, portanto, um melhor ajustamento comparativamente ao modelo multivariado assumindo independência entre características (MM1). Em Palmela/1998 e Mangualde/1997, o modelo multivariado MM2 obteve convergência com apenas duas características, rendimento e álcool.

Os resultados referentes às correlações entre pares de características constam do Quadro 16. As correlações fenotípicas entre rendimento e álcool provável foram próximas de zero, ou negativas, no entanto, com valores muito baixos ou moderados, variando de -0,555 (Mangualde/1995) a -0,011 (Palmela/1996). As correlações fenotípicas entre rendimento e acidez total foram próximas de zero, ou positivas, mas com valores também muito baixos ou moderados, variando de 0,022 (Palmela/1996) a 0,512 (Mangualde/2000). Relativamente às correlações fenotípicas observadas entre álcool provável e acidez, os valores de  $r_p$  foram negativos, variando entre -0,765 (Mangualde/1997) e -0,419 (Mangualde/1998).

Quadro 15 - Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Malvasia Fina

Local	Ano	Característica	Modelo univariado		Modelo multivariado	
			$\hat{\sigma}_g^2$ ( <i>p-value</i> )	$\hat{\sigma}_e^2$	MM1	MM2
					<i>AIC</i> <sub>1</sub>	<i>AIC</i> <sub>2</sub>
Palmela	1996	Rendimento	0,950 (0,0006)	1,950	332,8	332,0
		Álcool	1,148 (<0,0001)	0,784		
		Acidez	0,083 (0,0001)	0,142		
	1998	Rendimento	0,319 (0,0092)	1,020	341,7	Sem convergência
		Álcool	3,568 (0,0000)	1,362		
		Acidez	0,036 (0,0538)	0,187		
Mangualde	1995	Rendimento	0,120 (0,0042)	0,330	75,8	17,5
		Álcool	0,544 (<0,0001)	0,466		
		Acidez	0,085 (0,0001)	0,146		
	1996	Rendimento	0,009 (0,4635)	0,964	255,7	243,4
		Álcool	0,250 (0,0006)	0,509		
		Acidez	0,040 (0,2221)	0,489		
	1997	Rendimento	0,027 (0,0010)	0,059	-179,9	Sem convergência
		Álcool	0,979 (<0,0001)	0,397		
		Acidez	0,031 (0,0017)	0,744		
	1998	Rendimento	0,114 (0,0025)	0,286	-34,1	-42,8
		Álcool	0,092 (0,0279)	0,387		
		Acidez	0,071 (<0,0001)	0,094		
	1999	Rendimento	0,134 (0,0671)	0,797	204,9	172,5
		Álcool	0,277 (0,0015)	0,682		
		Acidez	0,085 (0,0005)	0,179		
	2000	Rendimento	0,118 (0,0280)	0,522	216,1	166,5
		Álcool	0,443 (0,0005)	0,522		
		Acidez	0,126 (<0,0001)	0,933		
Régua	1996	Rendimento	0,029 (0,4326)	1,796	361,2	Sem convergência
		Álcool	0,016 (0,4273)	0,922		
		Acidez	0,010 (0,4032)	0,424		

$\hat{\sigma}_g^2$  – estimativa da variância genotípica e respectivo *p-value*;  $\hat{\sigma}_e^2$  - estimativa da variância do erro; MM1 - modelo multivariado que assume independência entre características; MM2 - modelo multivariado que assume correlação entre características; *AIC*<sub>1</sub> e *AIC*<sub>2</sub> – critérios de informação de Akaike obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2, respectivamente.

As correlações genotípicas obtidas com o ajustamento do modelo multivariado MM2 foram sempre mais elevadas do que as correlações fenotípicas obtidas com o ajustamento do modelo univariado (Quadro 16). Entre rendimento e teor em álcool provável, os valores de  $r_g$  variaram de -0,632 (Mangualde/2000) a -0,022 (Palmela/1996), entre rendimento e acidez total variaram entre -0,081 (Palmela/1996) e 0,785 (Mangualde/2000), entre grau álcool e acidez de -0,925 (Mangualde/2005) a -0,629 (Palmela/1996). Na maioria dos casos estudados, a correlação do erro entre pares de características foi menor que a correlação genotípica.

Relativamente aos resultados referentes à selecção (Quadro 17), os erros padrão de predição assintóticos resultantes do ajustamento do modelo multivariado MM2 foram na maioria das situações menores do que os obtidos com o ajustamento do modelo MM1. De facto, em geral, a eficiência do MM2 foi sempre superior à do MM1, e a RE variou de 0% a 19% para o rendimento, de 0% a mais 30% para o álcool e de 4% a 22% a para a acidez. A maior eficiência do MM2 relativamente ao MM1 registou-se quando a correlação entre o rendimento e as outras características foi maior, casos Mangualde/1998 e Mangualde/2000.

acidez) e 0,995 (Mangualde/1997, onde se observaram as menores correlações genéticas e do erro do rendimento e igual eficiência dos modelo MM2 e MM1) (Quadro 17). Para o álcool essa correlação variou entre 0,743 e 0,999, esta última observada nos anos onde se observaram as menores correlações com o rendimento e igual eficiência do modelo MM2 comparativamente ao modelo MM1. Para a acidez, a correlação de Spearman foi relativamente próxima para os vários casos estudados, variando de 0,921 a 0,955. A percentagem de clones coincidentes com a selecção de 12 clones superiores de acordo com os dois modelos foi menor nos casos em que a eficiência do modelo MM2 foi maior (Mangualde/1998 e Mangualde/2000). A percentagem de clones coincidentes no grupo seleccionado variou de 67% a 100%, para o rendimento e álcool, e de 83% a 92% para a acidez.

### 3.6. Rabo de Ovelha

Relativamente à casta Rabo de Ovelha (Quadro 18), pode observar-se que, segundo o modelo univariado, a variabilidade genética do rendimento foi significativa ( $p < 0,05$ ) em todas as combinações ano/local, à excepção de Reguengos/1992. Em relação às duas características de qualidade, foi sempre detectada variabilidade genética significativa ( $p < 0,05$ ). Sendo assim, para o caso de Reguengos/1992 o estudo sobre a correlação entre características e a selecção foi apenas efectuado entre álcool provável e acidez total. Relativamente ao ajustamento dos modelos multivariados (Quadro 18), nos casos Redondo/1997 e Redondo/1999, o modelo multivariado com as três características MM2 não convergiu. Quando convergiu, os valores do AIC foram sempre mais baixos (indicando um melhor ajustamento) comparativamente ao modelo multivariado MM1. No caso Redondo/1997, o modelo multivariado assumindo correlação entre características obteve apenas convergência com as características rendimento e álcool, enquanto no Redondo/1999 obteve convergência apenas com as características rendimento e acidez.

Quadro 18 - Resultados do ajustamento dos modelos univariado e multivariados MM1 e MM2 aos dados da casta Rabo de Ovelha

Local	ano	característica	Modelo Univariado		Modelo Multivariado	
			$\hat{\sigma}_g^2$ ( <i>p-value</i> )	$\hat{\sigma}_e^2$	MM1	MM2
					<i>AIC</i> <sub>1</sub>	<i>AIC</i> <sub>2</sub>
Reguengos	1992	Rendimento	0,824 (0,1938)	1,245	428,5	388,3
		Álcool	0,368 (0,0010)	1,251		
		Acidez	0,034 (0,0030)	0,133		
Redondo	1996	Rendimento	2,240 (<0,0001)	2,206	286,2	258,7
		Álcool	0,721 (<0,0001)	0,942		
		Acidez	0,051 (0,0027)	0,114		
	1997	Rendimento	2,081 (<0,0001)	1,571	135,3	Sem convergência
		Álcool	0,710 (<0,0001)	0,425		
		Acidez	0,031 (0,0004)	0,049		
	1998	Rendimento	0,354 (0,0005)	0,609	138,7	100,9
		Álcool	0,354 (0,0008)	0,662		
		Acidez	0,063 (0,0026)	0,140		
	1999	Rendimento	0,849 (<0,0001)	0,338	65,3	Sem convergência
		Álcool	0,459 (<0,0001)	0,342		
		Acidez	0,094 (<0,0001)	0,101		

$\hat{\sigma}_g^2$  – estimativa da variância genotípica e respectivo *p-value*;  $\hat{\sigma}_e^2$  - estimativa da variância do erro; MM1 - modelo multivariado que assume independência entre características; MM2 modelo multivariado que assume correlação entre características; *AIC*<sub>1</sub> e *AIC*<sub>2</sub> – critérios de informação de Akaike obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2, respectivamente.

Nesta casta observaram-se correlações fenotípicas negativas significativas entre rendimento e grau álcool provável (Quadro 19), variando entre -0,877 (Redondo/1999) e -0,617 (Redondo/1998). Analisando a correlação entre rendimento e acidez total, observaram-se correlações fenotípicas significativamente positivas no Redondo em 1996 e 1999, embora com valores de  $r_p$  mais baixos. A gama de variação da correlação fenotípica entre estas duas características oscilou entre -0,227 (Redondo/1998) e 0,546 (Redondo/1999). Entre álcool provável e acidez total a correlação fenotípica variou de -0,614 (Redondo/1999) a -0,039 (Redondo/1998).

Com o ajustamento do modelo multivariado MM2, a correlação do erro entre pares de características foi menor que a correlação genotípica e as correlações genéticas entre pares de características foram sempre mais elevadas comparativamente às correlações fenotípicas obtidas com o ajustamento do modelo univariado (Quadro 19). A correlação genotípica entre rendimento e teor em álcool provável variou de -0,929 (Redondo/1996) a -0,606 (Redondo/1998). Entre rendimento e acidez total os valores da correlação genotípica oscilaram de -0,296 (Redondo/1998) a 0,672 (Redondo/1999), e entre álcool e acidez total de -0,684 (Redondo/1996) a -0,124 (Redondo/1998).

Quadro 19 - Correlação entre pares de características segundo as abordagens univariada e multivariada MM2 para a casta Rabo de Ovelha

Ensaio	Ano	Média			correlação	Abordagem univariada	Abordagem multivariada MM2	
		Rend. (kg/planta)	Alc. (%v/v)	Acid. (g/l ác.Tartárico)		$\hat{r}_p$	$\hat{r}_g$	$\hat{r}_e$
Reguengos	1992	2,66	11,12	4,25	Alc., Acid.	<b>-0,177</b>	-0,393	-0,001
Redondo	1996	6,71	10,46	6,29	Rend., Alc.	<b>-0,711</b>	-0,929	-0,141
					Rend., Acid.	<b>0,451</b>	0,630	0,113
					Alc., Acid.	<b>-0,542</b>	-0,684	-0,307
	1997	4,29	11,68	4,30	Rend., Alc.	<b>-0,648</b>	-0,662	-0,589
					Rend., Acid.	-0,084		
					Alc., Acid.	-0,060		
	1998	1,81	12,63	5,63	Rend., Alc.	<b>-0,617</b>	-0,606	-0,637
					Rend., Acid.	-0,227	-0,296	-0,123
					Alc., Acid.	-0,039	-0,124	0,084
	1999	2,28	13,1505	4,77	Rend., Alc.	<b>-0,877</b>		
					Rend., Acid.	<b>0,546</b>	0,672	0,028
					Alc., Acid.	<b>-0,614</b>		

Rend. – rendimento; Alc. – grau álcool provável; Acid. – acidez total;  $\hat{r}_p$  – correlação fenotípica;  $\hat{r}_g$  – estimativa da correlação genotípica;  $\hat{r}_e$  – estimativa da correlação do erro. **Bold** significa correlação fenotípica diferente de zero (para um nível de significância 0,05).

Os erros padrão assintóticos dos valores genotípicos previstos resultantes do ajustamento do modelo multivariado que assumiu correlação entre características (MM2) tenderam a ser menores do que os resultantes do ajustamento do modelo que assumiu características independentes (MM1) (Quadro 20). No caso do rendimento, a eficiência relativa (RE) do MM2 comparativamente ao MM1, variou de 0% a mais 12%. Para o grau álcool a RE do MM2 comparativamente ao MM1 variou de 0% a mais 19% e, para a acidez de 2% a mais 7%. A maior eficiência do modelo MM2 está associada a uma maior correlação entre características (Redondo/1996). Relativamente ao rendimento, os valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as ordenações dos valores genotípicos previstos

obtidas com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 (Quadro 20), variaram de 0,972 a 0,990, estando a maior mudança na ordenação dos genótipos associada ao caso Redondo/1996. Para o álcool essa correlação variou entre 0,900 (mais uma vez, associada ao caso Redondo/1996) e 0,998 e, para a acidez, entre 0,954 (também no caso Redondo/1996) e 0,973. Para o rendimento, álcool e acidez a percentagem de clones coincidentes entre selecções de 12 clones superiores de acordo com os dois modelos variou de 83% a 100%. Em geral, as menores percentagens de coincidência dos genótipos seleccionados está associada à maior eficiência do modelo MM2.

Quadro 20 – Resultados relativos à selecção obtidos com o ajustamento dos modelos MM1 e MM2 para a casta Rabo de Ovelha

Local	Ano	Característica	Modelo multivariado		RE	$r_s$	SC(%)
			MM1	MM2			
			$APSE_{EBLUPs1}$	$APSE_{EBLUPs2}$			
Reguengos	1992	Álcool	0,446	0,438	1,02	0,980	83
		Acidez	0,140	0,137	1,02	0,973	92
Redondo	1996	Rendimento	0,748	0,670	1,12	0,972	92
		Álcool	0,471	0,396	1,19	0,900	92
	Acidez	0,149	0,139	1,07	0,954	83	
	1997	Rendimento	0,650	0,648	1,00	0,998	100
		Álcool	0,345	0,345	1,00	1,000	100
	1998	Rendimento	0,362	0,362	1,00	0,990	83
		Álcool	0,372	0,370	1,01	0,979	100
		Acidez	0,166	0,161	1,03	0,966	100
	1999	Rendimento	0,316	0,309	1,02	0,983	83
		Acidez	0,158	0,147	1,07	0,972	92

$APSE_{EBLUPs1}$  e  $APSE_{EBLUPs2}$  - erros padrão assintóticos associados aos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com o ajustamento do modelo multivariado MM1 e MM2, respectivamente; RE - eficiência relativa do modelo multivariado MM2 comparativamente ao modelo MM1;  $r_s$  - coeficiente de correlação de Spearman entre as ordenações dos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com as duas abordagens; SC - {clones seleccionados MM1}  $\cap$  {clones seleccionados MM2}, em percentagem.

## 4. Discussão

Relativamente à temática da correlação entre rendimento e características de qualidade há que distinguir duas situações distintas. Uma situação refere-se à existência de correlações negativas entre os valores médios do rendimento e das características de qualidade devidas a condições edafo-climáticas. Esta é uma questão amplamente discutida em viticultura e já referenciada na introdução. Outra situação diferente, e que é o objecto do presente estudo, refere-se à avaliação das correlações genótípicas entre pares de características e à compreensão dos seus efeitos sobre a selecção genética.

Relativamente à primeira questão, uma maneira de tratar o problema passaria pelo estudo da correlação entre características com base nos valores médios obtidos em cada combinação /ano. Isto é, muitos genótipos postos num ambiente propício a alto rendimento são comparados com os mesmos postos em num ambiente gerador de baixo rendimento. É a comparação do mesmo conjunto em anos diferentes, portanto, trata-se de uma comparação exclusivamente entre ambientes. No entanto, para cada casta dispõe-se de um número reduzido ambientes (concretamente, 7 observações para o Alvarinho, 6 para o Aragonez, 4 para o Arinto, 6 para o Fernão Pires, 7 para a Malvasia Fina e 5 para a Rabo de Ovelha), o que conduziria a conclusões metodologicamente muito frágeis. Contudo, observando certas situações em concreto, verifica-se que nem sempre os anos com médias de rendimento mais elevadas são os que revelam médias das características de qualidade mais baixas. Isto acontece tipicamente com as castas Alvarinho e Arinto na região dos Vinhos Verdes. No caso do Alvarinho, quando a média do rendimento foi mais elevada (Ceivães/1999), o que correspondeu aproximadamente a uma produtividade da vinha de 15,1 t/ha, o teor em álcool provável foi de 12,98%v/v e a acidez total de 10,29 g/l de ácido tartárico. Na casta Arinto, quando a média do rendimento foi mais elevada (no ano 1999), o que correspondeu aproximadamente a uma produtividade da vinha de 18,4 t/ha, a acidez total foi de 13,65 g/l de ácido tartárico. Todos estes valores de produtividade mencionados estão acima do considerado na bibliografia como limite para a manutenção do equilíbrio entre rendimento e qualidade, apesar desse limiar depender das castas e das condições edafo-climáticas. Por exemplo, segundo Huglin & Balthazard (1976) esse limiar situa-se nas 5 t/ha e, de acordo com Humbert-Droz (1979), nas 12 t/ha.

Na casta Fernão Pires, com a maior média de rendimento, que corresponde aproximadamente a uma produtividade de 23,3 t/ha, o teor médio em álcool provável foi de 11,8%v/v, parecendo haver, neste caso, influência negativa duma alta produtividade na qualidade. Porém, é importante referir que esta é uma influência devida ao ambiente, ou seja, tal não significa que ao seleccionar um clone geneticamente produtivo ele não possa ser simultaneamente superior em características de qualidade, pois, as correlações genótípicas entre rendimento e características de qualidade foram muito fracas.

Quanto à casta Rabo de Ovelha, no ano em que a média do rendimento foi mais elevada (6,71 kg/planta), o que correspondeu aproximadamente a uma produtividade de cerca de 22 t/ha, obteve-se um teor em álcool provável de 10,46%v/v. Também neste caso pode concluir-se que um aumento na

média do rendimento influencia negativamente as características de qualidade. No entanto, ao contrário da casta Fernão Pires, nesta casta as correlações fenotípicas e genotípicas foram fortemente negativas entre rendimento e álcool provável. As mesmas conclusões para esta casta foram obtidas por Gomes (1998), onde também foi detectada uma acentuada correlação fenotípica negativa entre rendimento e álcool e entre rendimento e pH do mosto.

A casta Aragonez merece especial atenção, pois é conhecida como tendo um comportamento qualitativo medíocre quando se atingem elevadas produtividades, traduzido em baixos teores em álcool provável e antocianas. As médias de rendimento geralmente baixas obtidas para os casos estudados não permitem fazer esse tipo de leitura, no entanto, no ano de média mais elevada (5,51kg/planta), o que correspondeu aproximadamente a uma produtividade de 18,2 t/ha, o teor médio em álcool provável foi baixo (11,74%v/v), e no ano com menor rendimento médio atingiu-se o maior teor médio em antocianas. Mais uma vez estes resultados vêm reforçar a importância das condições ambientais para a existência dessas possíveis correlações negativas. No entanto, ao contrário da casta Rabo de Ovelha, neste caso não se observaram correlações fenotípicas e genotípicas negativas entre rendimento e essas características qualitativas. Este resultado tem uma importância relevante, já que suporta a possibilidade de seleção de genótipos simultaneamente superiores relativamente a várias características e contraria a ideia corrente de que para esta casta deverão ser seleccionados genótipos com baixo rendimento. Estudos desta índole com esta casta deverão ser continuados na grande população experimental de clones em Reguengos de Monsaraz.

Relativamente ao assunto central deste trabalho, isto é, à avaliação das correlações fenotípicas e genotípicas entre pares de características, verificou-se para todas as castas que as correlações genotípicas entre todos os pares de características obtidas com o ajustamento do modelo multivariado MM2 foram sempre superiores às correlações obtidas com a abordagem univariada. Este resultado está de acordo com o observado em estudos realizados noutras espécies. Por exemplo, usando a análise individual, a correlação entre características foi subestimada em *Pinus sylvestris* (Perrson & Andersson, 2004). Também Souza *et al.* (1998a,1998b), em *Prunus persica*, usaram um modelo bivariado e, em geral, para características ligadas ao fruto, as correlações genéticas foram superiores às correlações fenotípicas. Por outro lado, sintetizando em termos globais os resultados obtidos, verificou-se também que a correlação fenotípica entre pares de características, que incorpora afinal uma parte genotípica e ambiental (erro), tende a ser mais próxima da genotípica quando a hipótese da não existência de variabilidade genética das características é mais claramente rejeitada (ou seja, quando às estimativas da variância genotípica estão associados menores *p-values*).

No que respeita às correlações genotípicas entre pares de características, estas variaram entre castas. Para algumas variedades, a correlação genotípica negativa entre rendimento e álcool foi mais marcante, foram os casos da casta Rabo de Ovelha e, em alguns anos, da casta Malvasia Fina, embora esta última de forma mais moderada. Para outras castas, a correlação genotípica positiva entre rendimento e álcool foi mais pronunciada, como foi o caso da casta do Arinto. Nos restantes casos, as correlações genotípicas entre rendimento e álcool foram inexistentes ou muito moderadas.

O par de características que revelou maior correlação genotípica negativa foi o do teor em álcool provável e acidez total.

Apesar de na maioria dos casos as correlações genotípicas e do erro terem sido fracas, no total das 26 combinações local/ano estudadas em que se obteve convergência com o modelo MM2 com 3 características, a qualidade do ajustamento deste modelo foi sempre superior à do modelo MM1 (segundo o critério de selecção de modelos utilizado, o AIC), com excepção de uma única situação (Alvarinho, Ceivães/1997). Em todas as castas estudadas verificou-se quase sempre que os erros padrão assintóticos dos EBLUPs dos valores genotípicos foram menores quando foi ajustado o modelo multivariado MM2. Isto indica, que a previsão dos efeitos genotípicos das diferentes características tendeu a ser mais precisa quando se optou pelo ajustamento deste último modelo. Concretamente, a eficiência do modelo MM2 foi igual à do MM1 em 18% dos casos estudados (combinação local/ano/característica) e igual ou superior a 3% em 60% dos casos na casta Alvarinho, em 42% dos casos na casta Aragonez, em 67% dos casos na casta Arinto, em 29% dos casos na casta Fernão Pires, 67% dos casos na casta Malvasia Fina e em 42% dos casos na casta Rabo de Ovelha. Estudos realizados noutras espécies também referem a vantagem da utilização do modelo MM2, acentuando que este conduz a uma selecção mais exacta e precisa. São exemplos os estudos realizados por Persson e Andersson (2004) em *Pinus sylvestris*, Costa e Silva *et al.* (2000), em *Picea abies*, Aleta *et al.* (2004), em *Juglans regia*, e Costa *et al.* (2002) em *Hevea brasiliensis*.

Neste trabalho com a videira também se verificou que as vantagens da utilização do modelo MM2 face ao modelo MM1 foram tanto maiores quanto maiores as correlações genotípicas entre características. De facto, a maior eficiência do MM2 relativamente ao MM1 foi mais evidente nas castas Arinto, Malvasia Fina e nas situações em que álcool e acidez estão mais negativamente correlacionadas. Resultados semelhantes a estes também foram obtidos, por exemplo, por Bauer e León (2008) e Piepho *et al.* (2008). Quando a correlação genotípica (negativa ou positiva) entre características foi mais forte, a correlação entre as ordenações dos EBLUPs dos valores genotípicos obtidos com o modelo MM1 e MM2 diminuiu para todas as características, significando que os EBLUPs dos valores genotípicos são diferentes de acordo com o modelo. Consequentemente, quando se procedeu à selecção de um grupo superior de 12 genótipos, esse grupo foi quase sempre diferente consoante o modelo utilizado. O grupo seleccionado de acordo com o modelo MM2 foi igual ao resultante do MM1 em 31% dos casos estudados (combinação local/ano/característica).

De acordo com os resultados obtidos parece legítimo concluir que a opção pelo ajustamento de um modelo multivariado que assume correlação entre características é a que conduz a uma selecção mais precisa e eficiente. De facto, se há uns anos atrás era justificável a selecção com base nos EBLUPs dos valores genotípicos resultantes do ajustamento de um modelo univariado por característica, actualmente, com os recursos computacionais disponíveis, torna-se cada vez mais justificável o ajustamento de modelos multivariados MM2, pois a sua aplicação revelou-se exequível com dados de selecção da videira. Na verdade, relativamente à convergência deste tipo de modelo com três características (rendimento, teor em álcool provável e acidez total), não se obteve convergência em apenas 8 casos num total de 34 modelos ajustados. Nestes casos, o ajustamento

posterior de modelos bivariados (ou seja, com duas características) foi sempre conseguido. O caso mais problemático foi o da casta Aragonez com o ajustamento do modelo MM2 com 4 características (as três mencionadas acima mais o teor em antocianinas), para o qual nunca se obteve convergência, possivelmente justificável pela grande variação aleatória não explicável associado à medição desta última característica. O ajustamento posterior do modelo MM2 com três características só convergiu em dois casos e, nos restantes, conseguiu-se a convergência com modelos bivariados. Estes resultados estão de acordo com o relatado na bibliografia. De facto, estas limitações foram já descritas por outros autores, segundo os quais as dificuldades de ajustamento destes modelos serão tanto mais agravadas quanto maior for o número de características consideradas (Piepho *et al.*, 2008; Mehrabani-Yeganeh *et al.*, 1999).

Por se tratar fundamentalmente de um estudo metodológico, este trabalho conduz-nos a várias reflexões sobre a metodologia actual de colheita de dados de qualidade do mosto em prática no âmbito do actual esquema de selecção da videira em Portugal. Por um lado, como já referido, os resultados obtidos indicam que o ajustamento de modelos multivariados deve ser adoptado, passando pelo ajustamento dos dois tipos de variantes, MM1 e MM2, escolher o que revelar melhor ajustamento e fazer a selecção com base nos EBLUPs dos valores genotípicos resultantes do modelo seleccionado. Por outro lado, o ajustamento destes modelos implica que todas as características sejam avaliadas nas mesmas repetições. Por este motivo, neste trabalho os modelos ajustados utilizaram apenas os dados provenientes das 3 repetições onde se colheram os bagos para a avaliação das características de qualidade. Isto significa que a inclusão dos dados de rendimento num modelo multivariado teve um inconveniente, pois só foram utilizadas 3 repetições do mesmo, quando, na verdade, existem dados de todas as repetições do ensaio. Ora, isto conduziu ao maior insucesso para detectar a variabilidade genética do rendimento em certos casos, como claramente aconteceu no caso do Aragonez. Adoptando este procedimento, estamos a reduzir a exactidão e precisão dos valores genotípicos previstos do rendimento, prejudicando a selecção relativamente a esta característica, já que esta é uma das características que necessita de mais repetições para uma avaliação objectiva (está fortemente condicionada por variação aleatória não explicável).

Sendo assim, a estratégia de colheita de dados relativamente às características de qualidade deve ser repensada, pelo menos em castas em que se sabe, à partida, da existência de fortes correlações entre características. Nestes casos, deve ser feito um esforço para colher amostras de bagos em todas as repetições do ensaio, de modo a não prejudicar a selecção relativamente ao rendimento. Este aumento do número de repetições trará certamente vantagens em termos de precisão da selecção para todas as características e, em especial, para o teor em antocianinas, já que esta também é uma característica fortemente sujeita a variação aleatória não explicável. Para os dados já existentes, uma possível estratégia a adoptar no imediato passará pelo ajustamento do modelo univariado para o rendimento com todas as repetições do ensaio e pelo ajustamento do modelo bivariado com o teor em álcool e a acidez total (apenas com as três repetições).

---

Finalmente, a preferência por uma abordagem metodológica que siga o ajustamento de modelos multivariados abre as portas para a construção de índices de selecção. Este tema não foi tratado neste trabalho, mas os resultados obtidos justificam a sua aplicação futura.

## 5. Conclusões

Para as seis castas estudadas as correlações genóticas entre todos os pares de características obtidas com o ajustamento do modelo multivariado MM2 foram sempre superiores às correlações fenóticas obtidas com a abordagem univariada.

No que respeita às correlações genóticas entre pares de características, estas variaram entre castas. Para algumas variedades, a correlação genótica negativa entre rendimento e álcool foi mais marcante, foram os casos da casta Rabo de Ovelha e, em alguns anos, da casta Malvasia Fina, embora esta última de forma mais moderada. Para outras castas, a correlação genótica positiva entre rendimento e álcool foi mais pronunciada, como foi o caso da casta Arinto. Nos restantes casos, as correlações genóticas entre rendimento e álcool foram inexistentes ou muito moderadas. Como esperado, o par de características que revelou maior correlação genótica negativa foi o do teor em álcool provável e acidez total.

Apesar de na maioria dos casos as correlações genóticas terem sido fracas, a qualidade do ajustamento do modelo MM2 foi sempre superior à do modelo MM1, o que justifica a sua aplicação dados os recursos computacionais actuais. As vantagens da utilização do modelo MM2 face ao modelo MM1 foram tanto mais fortes quanto maiores as correlações genóticas entre características, conduzindo quase sempre a menores erros padrão assintóticos dos EBLUPs dos valores genóticos e a alterações na ordenação desses EBLUPs. Em suma, a opção pelo ajustamento de um modelo multivariado que assume correlação entre características é a que conduz a uma selecção mais precisa e eficiente.

Os resultados obtidos indicam que o ajustamento de modelos multivariados deve ser futuramente adoptado no esquema de selecção da videira em Portugal. A estratégia ideal passará, primeiro, pelo ajustamento dos modelos multivariados MM1 e MM2, depois pela selecção do melhor modelo e, finalmente, pela selecção de genótipos com base nos EBLUPs dos valores genóticos resultantes do modelo seleccionado.

## Referências bibliográficas

- Aleta, N., Ninot, A. & Voltas, J. (2004). Retrospective evaluation of parental selection in nursery tests of *Juglans regia* L. using a mixed model analysis. *Silvae Genet.* **53**: 26-33.
- Assimakopoulou, A. & Tsougrianis, C. (2012). Correlation between yield, must attributes and nutritional status of the Greek Red Wine Grape Variety 'Agiorgitiko'. *Journal of plant nutrition.* **35**:1022-1036.
- Bajula, J., Diago, M.P., Goovaertis, P., & Tarsaguila, J. (2012). Assesment of the spatial variability of anthocyanins in grapes using a fluorescent sensor: relationships with vine vigour and yield. *Precision Agriculture.* **13**:457-472.
- Bauer, A.M. & Léon, J. (2008). Multiple-trait breeding values for parental selection in self-pollinating crops. *Theor Appl Genet.* **116**:235-242.
- Bramley, R.G.V. (2001). Progress in the development of precision viticulture – variation in yield, quality and soil properties in contrasting Australian Vineyards. *in Precision Tools for improving land management* (Editors L.D. Currie and P. Logganathan). Ocasional Report, nº. 14. Fertilizer and Lime Rechearch Center, Massey Uni., Palmerson North. pp 21-43.
- Butler, D., Cullis, B.R., Gilmour, A.R. & Gogel, B.J. (2007). *ASReml-R reference manual. AsReml-R estimates variance componentes under a general linear mixed model by residual maximum likelihood (REML)*. NSW Department of Primary Industries, Quensland Government. Queensland.
- Constantini, E.A.C., Pellegrini, S., Bucelli, P., Storchi, P., Vignozzi, N., Barbetti, R., & Campagnolo, S. (2009). Relevance of the lin's and host hydropedological models to predict grape yield and wine quality. *Hydrol. Earth Syst. Sci.*, **13**:1635-1648.
- Costa-Rodrigues, C., Cruz, A., Botelho, M., Rodrigues, C. & Castro, C. (2010). Estratégias de gestão do coberto vegetal e da produção na casta Touriga-nacional na região do Dão. 8º. *Simpósio de Vitivinicultura do Alentejo*. Évora, 5 a 7 Maio.
- Costa e Silva, J., Wellendorf, H. & Borralho, N.M.G. (2000). Prediction of breeding values and expected genetic gains in diameter growth, wood density and spiral gain from parental selection in *Picea abies* L. Karst. *Silvae Genet.* **49**: 102-109.
- Costa, B., Resende, M.D.V., Souza, P.G. & Silva, M.A. (2002). Individual multivariate REML/BLUP in the presence of genotype x envyronment interactin in rubber tree (*Hevea*) breeding. *Crop Breed Appl Biotechnol* **2**:131-140.
- Costa, R.B., Resende, M.D.V., Gonçalves, P.S. & Silva, M.A. (2002). Individual multivariate REML/BLUP in the presence of genotype x environment interaction in rubber tree breeding. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* **2**: 131-140.
- Falconer D.S., Mackay T.F.C. (1996) - *An introduction to quantitative genetics*. 4th ed. Prentice Hall. London.
- Gapare, W.J., Baltunis, B.S., Ivkovic & Wu, H.X. (2009). Genetic correlations among juvenile wood quality and growth traits and implications for selection strategy is *Pinus radiata* D. Don. *Ann. For. Sci.* **66**: 606p1- 606p9.

- Guilmore, A., Thompson, R. & Cullis, B. (1995). Average information REML: an efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. *Biometrics*. **51**: 1440-1450.
- Gonçalves, E. (2008). *Modelos estatísticos espaciais para ensaios de populações vegetais*. Dissertação de doutoramento em Matemática e Estatística. Universidade Técnica de Lisboa, Instituto Superior de Agronomia, Lisboa.
- Gonçalves, E., St.Aubyn, A., Martins, A. (2007). Mixed spatial models for data analysis of yield on large grapevine selection field trials. *Theoretical and Applied Genetics*, **115**(5):653-663.
- Gonçalves, E., Martins, A. (2012). Genetic variability evaluation and selection in ancient grapevine varieties, cap. 15, 333-352. in *Plant Breeding*, Addurakhonov, I.Y. (eds), Intech, 352pp.
- Gomes, L.B., 1998, *Seleção das castas da videira relações entre rendimento, qualidade e estado sanitário*. Relatório do Trabalho de Fim de Curso de Engenharia Agrónómica, Lisboa 1998.
- Hardner, C.M., Bally, I.S.E. Bally, Wright, C.L. (2012). Prediction of breeding values for average fruit weight in mango using a multivariate individual mixed model. *Euphytica*. **186**:463-477.
- Henderson, C.R. & Quaas, R.L. (1976). Multiple trait evaluation using relatives' records. *J. Anim Sci* **43**:1188-1197.
- Henderson, C.R. (1975). Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* **31**: 423-447.
- Holland, J.B. (2006). Estimating Genotypic Correlations and THEIR Standart Errors Using Multivariate Resctricted Maximum Likelihood Estimation with SAS Proc MIXED. *Crop. Sci.* **46**:642-654
- Huglin, P. (1986). *Biologie et Ecologie de la Vigne*. Payout, Lausanne, Paris, 372 pp.
- Huglin, P & Balthazard, J. (1976). Donnés relatives à l'influence du rendement sur le taux de sucre de raisins. *Conn. Vigne et du vin*, **2**:175-190.
- Humber-Droz, J.R. (1979). Rendement et qualité du raisin. *Rev. Suisse Vitic. Arboric. Hortic.*, **11**(2):92-93.
- Loinger, C & Safran, B. (1971). Interdépendance entre le rendement, la maturation des raisins et la qualité des vins. *Ann. Technol. Agric.*, **20**(3):225-240.
- Martins A (2007). Variabilidade genética intravarietal das castas. *in Portugal vitícola, o grande livro das castas*, J. Bohm. (Ed) 53-56, Chaves Ferreira Publicações, ISBN 9728987102. Lisboa. Portugal.
- Martins, A. (2009). Genetic diversity of portuguese grapevines: methods and strategies for its conservation and evaluation . *Acenologia*, No. 112, Avaiable at [http://www.acenologia.com/cienenciaytecnologia/variedades\\_portuguesas\\_cien1209.htm](http://www.acenologia.com/cienenciaytecnologia/variedades_portuguesas_cien1209.htm).
- Martins, A. (2011). - Seleção das castas de videira, uma história com raízes nas regiões do Douro e dos Vinhos Verdes. *in Francisci Girão, Um inovador da Vitivinicultura do Norte de Portugal*. Vol II pp205-229. Fundação Francisco Girão. Lisboa.
- Martins, A.; Carneiro, L. & Castro, R. (1987). Seleção massal e clonal das castas tradicionais portuguesas. *Enologia* **10**:21-31.
- Martins, A.; Carneiro, L. & Castro, R (1990). Progress in mass and clonal selection of grapevine varieties in Portugal. *Vitis, special issue*, pp 485-489.

- Martins, A., Carneiro, L., Gonçalves, E. & Eiras-Dias, J. (2006). Methodology for the analysis and conservation of intravarietal variability: the example of grapevine cv Arangonez, *Proceedings of XXIX Congress of OIV, ISSN: 251-06-001-9*, Logroño, Spain.
- McCulloch, C.E., Searle, S.R., Neuhaus, J.M. (2008) – *Generalized, linear and mixed models*. John Wiley & Sons, New York.
- Mehrabani-Yeganeh, H., Gibson, J.P. & Shauffer, L.R. (1999). Effect of more stringent convergence criterion of estimated breeding values on response to selection. *J. Anim. Breed. Genet.*, **116**:333-349.
- Mrode, R.A. (2000). *Linear models for the prediction of animal breeding values*. C.A.B. International, New York.
- Navarre, C. (1997) – *Enologia. Técnicas de Produção do Vinho*. Publicações Europa-América, Mem Martins, 309 pp.
- Patterson H.D, Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, **58**: 545-554.
- Persson, T. & Andersson, B. (2004). Accuracy of single and multiple-trait REML evaluation of data including non-random missing records. *Silvae Genet.*, **53**: 135-139.
- Piepho, H.P. & Möhring, J. (2005). Best linear unbiased prediction of cultivar effects for subdivided target regions. *Crop. Science*. **45**.3. ProQuest Agriculture Journals. pg.1151.
- Piepho, H.P., Möhring, J. & Melchinger, A.E. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*. **161**:209-228.
- Pouget, R. (1985). Eléments de réflexion pour une meilleure maîtrise de la production. *Rev. Suisse Vitic. Arboric. Hortic.*, **17**(2):117-122.
- Rives, M. (1961). Bases génétiques de la sélection clonale chez la vigne. *Ann. Amélior. Plantes* **11**(3): 337-348.
- Rives, M. (1971). Génétique et amélioration de la vigne. in: Ribereau-Gayon J, Peynaud E (eds) *Traité d'ampélogie, Sciences et Techniques de la vigne*. Dunod, Paris, pp.171-219.
- Rochaix, M., Schopper, J.F. & Crettenand, J. (1972). Résultats d'un test de dégustation des vins rouges de Suisse romande. *Rev. Suisse Vitic. Arboric.*, **4**(3):175-179.
- Sakamoto Y, Ishiguro M, Kitagawa G. (1986) *Akaike information criterion statistics*. Reidel, Dordrecht, Holland.
- Santos, A.O., Wample, R.L., Sachidhanantham, S., Kaye, O. (2012). Grape quality mapping for differential harvesting. *Brazilian archives of biology and technology*. **55**, n2:193-204. Brasil.
- Searle SR, Casella G, McCulloch CE (1992) - *Variance components*. John Wiley & Sons, New York.
- Self, S.G. & Liang, K.Y. (1987). Asymptotic properties of maximum likelihood estimators and likelihood ratio tests under nonstandard conditions. *J Am Stat Assoc* **82**:605-610.
- Souza, V.A.B., Byrne, D.H. & Taylor, J.F. (1998a). Heritability, genetic and phenotypic correlations, and predicted selection response of quantitative traits in peach: I. An analysis of several reproductive traits. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* **123** (4): 598-603.

- Souza, V.A.B., Byrne, D.H. & Taylor, J.F. (1998b). Heritability, genetic and phenotypic correlations, and predicted selection response of quantitative traits in peach : II. An analysis of several fruit traits. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* **123** (4): 604-611.
- Stram , D.O. & Lee, J.W. (1994). Variance–components testing in the longitudinal mixed effects model. *Biometrics*.**50**: 1171-1177.
- Teixeira, K., Carneiro, L.C. & Martins, A. (1990) – Avaliação cultural e enológica de clones de videira da casta Periquita. *I Congresso Ibérico de Ciências Hortícolas*, (18-22 Junho). Lisboa,. 7 pp.
- The R Foundation (2011) - R version 2.13.2. *The R Foundation for Statistical Computing*. <http://www.r-project.org>.
- Viana, J.M.S., Sobreira, F.M., Resende, M.D.V. & Faria, V.R. (2010). Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. *Plant Breeding*,**129**:599-604.
- Zsófi, Z.S., Tóth, E., Rusjan, D., & Bálo, B. (2011). Terroir aspects of grape quality in a cool climate wine region: relationship between water deficit, vegetative growth and berry sugar concentration. *Scientia Horticulturae*. **127**:494-499 .