

MELHORAMENTO INTRAPOPOPULACIONAL DO MARACUJAZEIRO
AMARELO (*Passiflora edulis Sims*) VIA SELEÇÃO RECORRENTE E
MODELOS MISTOS

RULFE TAVARES FERREIRA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
JUNHO - 2013

MELHORAMENTO INTRAPOPOPULACIONAL DO MARACUJAZEIRO
AMARELO (*Passiflora edulis Sims*) VIA SELEÇÃO RECORRENTE E
MODELOS MISTOS

RULFE TAVARES FERREIRA

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento de
Plantas.”

Orientador: Prof Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
JUNHO - 2013

MELHORAMENTO INTRAPOPOPULACIONAL DO MARACUJAZEIRO
AMARELO (*Passiflora edulis Sims*) VIA SELEÇÃO RECORRENTE E
MODELOS MISTOS

RULFE TAVARES FERREIRA

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento de
Plantas”

Aprovada em 11 de junho de 2013

Comissão examinadora:

Dr. Marcos Deon Vilela de Resende (D.Sc., Genética) – EMBRAPA/UFV

Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UENF

Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF
Orientador

A Deus meus familiares,
amigos e irmãos em Cristo
dedico esta conquista.

AGRADECIMENTO

A meu Deus e Pai, por toda paz e tranquilidade ao longo de todo o curso.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), por meio do programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de realização do doutorado e concessão inicial da bolsa de estudos.

À Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (Faperj), pelo financiamento da pesquisa.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão da bolsa de estudos em um determinado período.

A meu orientador, professor Alexandre Pio Viana, pela oportunidade de me aprimorar como profissional e como pessoa.

A meus familiares, minha amada esposa Meirislaine, meus filhos Pedro e Daniel, meu pai Jorge, minha mãe Rosa e meu irmão Giorgio, meu sogro Bernardo e meu cunhado Welton.

Aos professores do LMGV, Antônio, Eliemar, Jurandi, Messias, Rosana, Telma e demais laboratórios do CCTA, Deborah, Fábio, Geraldo, José Geraldo, José Tarcicio e Rogério, que contribuíram para a minha formação.

Aos meus colegas, pelo companheirismo, em especial, Marcelo, Patricia, Ronaldo, Jardel, Eileen, Josie, Silvana, Roberto, Lilian, Leandro, Claudia, Fernando e Daniele.

Aos funcionários da UENF, em especial, Geraldo, Benedito, Maurício, Noé, Marquinhos, Paulo, Jader, Carlos e Daniel, por toda colaboração.

Aos professores que participaram da banca, pelas preciosas sugestões que muito contribuíram para a melhoria desse trabalho.

Aos meus irmãos em Cristo, em especial, Josué, Enoque, Sebastião, Marcos, Pedro e Hosana.

SUMÁRIO

RESUMO.....	vii
ABSTRACT.....	ix
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS.....	3
3. CAPÍTULOS.....	5
3.1.SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE MARACUJAZEIRO AMARELO (<i>Passiflora edulis Sims</i>) COM A UTILIZAÇÃO DE BLUP.....	5
3.1.1. INTRODUÇÃO.....	5
3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA.....	7
3.1.3. MATERIALE MÉTODOS.....	13
3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	17
3.1.5. CONCLUSÕES.....	32
3.2.ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE MARACUJAZEIRO AMARELO (<i>Passiflora edulis Sims</i>) VIA WARD-MLM.....	33
3.1.1. INTRODUÇÃO.....	33
3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA.....	35
3.2.3. MATERIALE MÉTODOS.....	47
3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	53

3.2.5. CONCLUSÕES.....	61
3.3.EFICIÊNCIA DE ÍNDICES DE SELEÇÃO UTILIZANDO METODOLOGIA REML/BLUP NO MELHORAMENTO INTRAPOPOPULACIONAL DO MARACUJAZEIRO AMARELO (<i>Passiflora edulis Sims</i>) SOB SELEÇÃO RECORRENTE.....	62
3.3.1. INTRODUÇÃO.....	62
3.3.2. REVISÃO DE LITERATURA.....	63
3.3.3. MATERIALE MÉTODOS.....	82
3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	87
3.3.5. CONCLUSÕES.....	94
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	95

RESUMO

FERREIRA, Rulfe Tavares, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Julho de 2013. Melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis Sims*) via seleção recorrente e modelos mistos. Orientador: Prof^o. Alexandre Pio Viana. Conselheiros: Profs. Antônio Teixeira do Amaral Júnior e Rogério Figueiredo Daher.

O terceiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional foi implementado com o objetivo de fazer o melhoramento populacional do maracujazeiro amarelo da UENF. Em um primeiro momento, foi instalado um experimento em blocos casualizados no Colégio Antônio Sarlo, município de Campos dos Goytacazes, Estado do Rio de Janeiro. Avaliou-se a população melhorada composta por 27 progênies de meios-irmãos em delineamento em blocos casualizados para as seguintes características: Número de frutos (NF), peso total de frutos (PT) e peso médio de fruto (PF); com três repetições e parcelas compostas por três plantas, em que a progênie de número 14 proporcionou maior incremento (33,22%) na média para o caráter peso total de frutos. Os incrementos chegaram a 29,18 % e 36,61 % para as características número de frutos e peso médio de frutos, respectivamente. Com base na avaliação prévia destas 27 progênies de meios-irmãos, foram obtidas 81 progênies de irmãos completos por cruzamentos dirigidos entre as progênies de meios-irmãos superiores. As progênies obtidas para a fase de teste (irmãos completos) foram avaliadas em delineamento látice quadrado simples e parcela experimental composta por três plantas. O experimento em látice foi instalado no Colégio Antônio Sarlo, município de

Campos dos Goytacazes, Estado do Rio de Janeiro. As variáveis obtidas no experimento em látice foram avaliadas pela aplicação da técnica Ward-MLM, visando a identificar genótipos promissores e adequados para a utilização em programas de melhoramento para a cultura. O método de Ward-MLM para variáveis quantitativas dividiu os genótipos em quatro grupos. Os grupos mais similares foram os grupos 3 e 4, com distância de 0,1682, e os mais divergentes os grupos 1 e 2, com distância de 10,1922, sendo estes os mais indicados para cruzamentos. O grupo 2 foi caracterizado por produzir frutos grandes e maiores teores de sólidos solúveis, características de interesse. O grupo 4 foi responsável pelo menor número de dias para o florescimento, também importante. Verificou-se que a técnica foi capaz de separar, eficientemente, os genótipos em grupos distintos, ou seja, há divergência genética entre os genótipos avaliados. Verificou-se que a técnica empregada foi capaz de identificar essa divergência, sendo as informações resultantes importantes para o programa de melhoramento da cultura, pois permitem identificar genótipos superiores que podem ser indicados para futuros cruzamentos, bem como para formação de população. O terceiro experimento em látice foi instalado na Ilha do Pomba, município de Itaocara, Estado do Rio de Janeiro. Os dados obtidos neste experimento foram utilizados para comparar a eficiência de três índices de seleção constituídos pelos componentes de variância estimados e valores genotípicos preditos pela metodologia REML/BLUP para 9 características quantitativas e duas qualitativas. Os caracteres avaliados foram utilizados para construir os seguintes índices de seleção: clássico, multiplicativo e com base na soma de postos. O índice de rank médio, adaptado de Mulamba e Mock, em que os valores genotípicos são classificados para cada caráter, e a média dos rankings de cada genótipo para todos os caracteres são apresentados como resultado final do índice com melhores ganhos, alcançando ganhos de 181,6794%. No entanto, a eficiência de seleção ao utilizar um determinado índice é uma característica inerente à população estudada.

ABSTRACT

FERREIRA, Rulfe Tavares, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; June, 2013; Intrapopulation breeding of yellow passion fruit (*Passiflora edulis Sims*) via recurrent selection and mixed models. Adviser: Alexandre Pio Viana. Committee members: Antônio Teixeira do Amaral Júnior and Rogério Figueiredo Daher.

The aim of this work was to give continuity to the program of genetic breeding of yellow passion fruit of UENF, conducting the second cycle of intrapopulation recurrent selection. For this, an experiment was conducted in randomized blocks Colégio Antônio Sarlo, in Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro. Evaluated the further improved population composed of 27 different half brothers in a randomized block design for the following characteristics: Number of fruits (NF), total fruit weight (PT) and fruit average weight (FW); two of the three phases of the recurrent selection were evaluated. In a first time, were evaluated 27 half sibs progenies in randomized blocks design with three replications and three plants per plot, In the progeny number 14 provided higher increase (33.22%) on average for the total weight fruits character. The increments reached 29.18% and 36.61% for number of fruits and medium fruit weight respectively. Based in this information, by crossings determined between the progenies, were obtained 81 full sibs progenies. This progenies were evaluated in lattice design with two replications and three plants per plot. The experiment were conducted at Colégio Antônio Sarlo, in Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro. The data were evaluated by applying the technique of Ward-MLM, with goal to identify promising genotypes

suitable for use in the genetic breeding yellow passion fruit. The Ward-MLM method for quantitative variables divided the genotypes into four groups. The most similar groups were the groups 3 and 4, with a distance of 0,1682, and the most divergent groups 1 and 2 with a distance of 10,1922, these being indicated for plant breeding. Group 2 was characterized by producing large fruits, these being a feature of interest. Group 4 with a lower number of days to flowering, also important. We observed in the study population, the presence of genetic divergence among the genotypes, ie, there was genetic divergence among the genotypes. It was found that the technique employed was able to identify these differences, the resulting information is important for crop improvement program, making it possible to identify genotypes that may be suitable for future breeding as well as for training of the population. The third experiment was installed in lattice Pomba in the municipality of Itaocara, Rio de Janeiro. The data obtained in this experiment were used to compare the efficiency of three selection indexes constructed from the estimated variance components and predicted genotypic values by the REML/BLUP procedure for nine quantitative and two qualitative characteristics. The first three traits were used to construct the following selection indexes: classic index, multiplicative index and the index based on sum of ranks. The index of mean rank, adapted by Mulamba and Mock, in the genotypic values are sorted for each character and the average rankings of each genotype for all traits are presented as the final result was the best index with gains, achieving gains of 181,6794%. However, the efficiency of selection when using a particular index are inherent characteristics to this study population.

1. INTRODUÇÃO

A fruticultura é um importante setor do agronegócio brasileiro que vem aumentando em importância no Brasil nos últimos anos em função do aumento do consumo interno e também do crescimento das exportações (Costa et al., 2005). De acordo com Buainain e Batalha, 2007, cada hectare ocupado com fruticultura emprega diretamente de 2 a 5 pessoas ao longo da cadeia produtiva. Nesse contexto, o maracujazeiro tem significativa importância no país, um dos maiores produtores de maracujá (*Passiflora edulis Sims*), com uma produção de 920 mil toneladas por ano em uma área plantada de aproximadamente 62 mil ha, com produtividade de 14,8 toneladas por hectare/ano (IBGE, 2009). Além disso, o maracujazeiro apresenta algumas características interessantes sob o ponto de vista socioeconômico, pois sua receita é distribuída ao longo de todo o ano durante a safra, permitindo assim não só aumentar o lucro, como também distribuí-lo melhor (Leite et al., 1994).

O destino do maracujá é definido em função do produto comercial desejado, sendo seu principal uso na alimentação humana, comercializado principalmente *in natura* e, posteriormente, utilizado no preparo de sucos, doces, geleias, sorvetes e licores (Ruggiero, 1998). Nos últimos anos, a comercialização do maracujá para suco industrializado, no mercado brasileiro, tem apresentado um crescimento significativo e representa aproximadamente 8,5% do volume de sucos prontos consumidos em todo o país (Costa e Costa, 2005).

A partir do ano 2000, com a implantação do “Projeto Frutificar” no Estado do Rio de Janeiro, ocorreu um grande aumento da área cultivada com a cultura no Estado (IBGE, 2005). O cultivo do maracujazeiro nas regiões norte e noroeste Fluminense é praticado principalmente por pequenos e médios produtores com baixo nível tecnológico e uma produtividade média de 8 a 12 toneladas por hectare por ano (Rosa et al., 2006), enquanto a produtividade nacional foi de 13,7 toneladas por hectare por ano (IBGE, 2005).

O mercado brasileiro disponibiliza cultivares comerciais de maracujá tais como: híbridos BRS Sol do Cerrado, BRS Gigante Amarelo e BRS Ouro Vermelho, lançados pela Embrapa; híbridos intravarietais da série 270, desenvolvidos pelo Instituto Agrônômico (IAC) de Campinas; e cultivares da série FB da Flora Brasil.

Segundo Junqueira et al. (1999), cultivares inadequadas e condições edafoclimáticas da região de plantio são fatores responsáveis pela baixa produtividade da cultura do maracujazeiro.

Segundo Cruz e Carneiro (2003), o êxito do melhoramento genético está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações. Esta dependência entre eficiência de escolha dos melhores indivíduos e o êxito é ainda mais pronunciada nas espécies semiperenes, como o maracujazeiro.

A metodologia de modelos mistos REML/BLUP permite gerar estimativas não tendenciosas, de parâmetros, pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), e predição dos valores genéticos e genotípicos pelo procedimento BLUP, conduzindo à maximização do ganho genético por avaliar e ordenar os candidatos à seleção com precisão.

A quantificação da diversidade genética possibilita a identificação de genótipos superiores ou mais bem adaptados, bem como a indicação dos melhores cruzamentos a serem realizados, objetivando maior ocorrência de efeitos heteróticos na geração híbrida. O procedimento MLM (*Modified Location Model*), proposto por Franco et al. (1998), é uma estratégia interessante para quantificar a variabilidade e tem sido utilizado em várias culturas, tais como pimenta (Sudré et al., 2010), feijão (Barbé et al., 2010), tomate (Gonçalves et al., 2009) e bananeira (Pestana et al., 2011). Nesta técnica, os grupos são definidos pelo método Ward por meio da matriz de similaridade de Gower e com o modelo

de localização modificado (MLM) estimam-se as médias dos vetores das variáveis quantitativas para cada subpopulação de forma independente.

A obtenção de genitores que agreguem uma série de atributos favoráveis pode ser comprometida em programas de melhoramento em que a seleção seja baseada em um ou em poucos caracteres, uma vez que correlações negativas entre os caracteres de interesse podem ser observadas.

Na literatura são encontrados vários índices de seleção, que podem ser utilizados no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2004). Tais índices são obtidos como combinações lineares das medidas de diversos caracteres, podendo ser eficientes, uma vez que permitem a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuem diferentes pesos aos caracteres estudados e valorizam atributos julgados de maior importância pelo pesquisador (Falconer, 1987). Neste contexto, o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e de valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) é uma alternativa na construção de índices que podem resultar em processos seletivos acurados (Resende, 2002).

A carência de material genético adaptado à região Norte Fluminense, o pioneirismo da proposta em termos de pesquisa e o que pode ser gerado em termos de conhecimento sobre as características genéticas dessa fruteira, as características da cultura em termos da biologia floral e ciclo reprodutivo curto, aliadas à afirmativa de Borém (2001) sobre a importância do melhoramento intrapopulacional como uma das estratégias mais efetivas para a obtenção de genótipos superiores, permitem a percepção da existência de um grande potencial da condução da população de maracujazeiro amarelo para uso em plantios comerciais pelos produtores da região em consideração.

2. OBJETIVOS

O presente trabalho objetiva de uma forma geral dar continuidade ao programa de Melhoramento do Maracujazeiro Amarelo da UENF, pela condução do terceiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional, sendo uma das metas

seguintes a esse trabalho o registro e posterior recomendação de variedade adaptada às condições da região Norte Fluminense.

Os objetivos específicos deste trabalho são:

i) Apresentar uma estratégia para seleção recorrente em maracujazeiro amarelo, evidenciando a possibilidade de ganhos genéticos na fase de geração das progênes da seleção recorrente intrapopulacional;

ii) Avaliar progênes de meios-irmãos do terceiro ciclo de seleção recorrente e estimar parâmetros genéticos importantes associados a três características do maracujazeiro amarelo;

iii) Avaliar progênes de irmãos completos do terceiro ciclo de seleção recorrente e estimar parâmetros genéticos importantes associados a onze características do maracujazeiro amarelo;

iv) Avaliar a diversidade genética de 81 progênes de irmãos completos de maracujazeiro para 9 características quantitativas e 2 qualitativas; e

v) Predizer o progresso esperado com a seleção através de índices multivariados.

3. CAPÍTULOS

3.1. SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE MARACUJAZEIRO AMARELO (*Passiflora edulis Sims*) COM A UTILIZAÇÃO DE BLUP

3.1.1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético de plantas tem aumentado a eficiência do uso do solo, principalmente com o aumento de produtividade das principais culturas, como soja, milho e cana-de-açúcar, entre outras. Além dos cultivos tradicionais, o melhoramento deve viabilizar outras opções de cultivos, tornando o sistema como um todo mais diversificado e sustentável. Para isso, novas combinações de genes devem ser introduzidas, o que é obtido pelo trabalho de melhoramento constante. Para a seleção e identificação destes novos genes, diferentes métodos de melhoramento genético auxiliados por ferramentas eficientes são necessários.

Na cultura do maracujá, existe uma carência de material genético adaptado às regiões de cultivo para seu produto mais importante, que é o fruto, porém, como Meletti et al. (2003) enfatizaram, o mercado do maracujazeiro é amplo por sua diversidade de produtos (fruto, folhas ou sementes) e está associado à região de cultivo.

A adoção de métodos precisos na seleção dos melhores indivíduos no melhoramento genético das espécies vegetais perenes e semiperenes, como o maracujazeiro, está diretamente associada ao bom resultado de um programa. Segundo Cruz e Carneiro (2003), o êxito do melhoramento genético está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações. Esta dependência entre eficiência de escolha dos melhores indivíduos e o êxito é ainda mais pronunciada nas espécies semiperenes que apresentam ciclos reprodutivos longos e expressões de diferentes caracteres por possíveis alterações dos genes que estejam controlando estes caracteres ao longo das várias idades. A importância da utilização de métodos que permitam a determinação do valor genético de um indivíduo por intermédio de suas características fenotípicas se mostra evidente.

No processo de seleção em plantas perenes, Resende (2002) recomenda que ela seja feita com base nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados. O procedimento BLUP (melhor predição linear não viesada) individual, proposto por Henderson et al. (1949), tem se apresentado adequado para a predição dos valores genéticos na avaliação de plantas perenes, predizendo valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico, através de observações das características fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas, por meio de metodologia de modelos mistos.

Resende (2000) e Bueno (1997) concordam que a metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP) é a melhor alternativa para plantas perenes.

White e Hodge (1989) apresentam propriedades úteis do BLUP como estimação e predição não viesadas, maximização da correlação entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos, podendo prever o valor genético de indivíduos observados ou não.

O presente trabalho objetiva estimar para o maracujazeiro amarelo parâmetros e valores genotípicos pelo procedimento BLUP em nível de progênie, com vários indivíduos.

3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

ASPECTOS GERAIS DA CULTURA

O maracujá amarelo é cultivado em quase todo o território nacional, destacando-se como principais produtores os Estados da Bahia, Sergipe, São Paulo, Pará e Minas Gerais. O Brasil é, atualmente, o maior produtor mundial desse maracujá, porém ciclos de retração da área cultivada no País são observados ao longo dos anos. Entre outros fatores, as várias moléstias que afetam a cultura e a inexistência de cultivares adaptadas às diversas regiões de cultivo despontam como as causas mais significativas.

O gênero *Passiflora* é o mais importante da família *Passifloraceae*, congregando as espécies economicamente mais importantes (Bellon, 2007). Segundo Leitão Filho e Aranha (1974), este gênero é originário da América do Sul e tem no centro-norte do Brasil seu maior centro de distribuição geográfica, sendo que das 465 espécies que o compõem, mais de 150 espécies são nativas (Vasconcellos et al., 2005). Destas, a maioria é considerada perene, com um pequeno número de espécies anuais (Cunha et al., 2005). As espécies do gênero *Passiflora* são cultivadas para os mais diversos fins, no entanto, a utilização da ampla diversidade genética dentro do gênero é pouco explorada pelos melhoristas, e características como resistência a doenças ou a pragas, longevidade, maior adaptação a condições climáticas adversas, período de florescimento ampliado, maior concentração de componentes químicos interessantes para a indústria farmacêutica e outras potencialidades são quase todas ainda inexploradas. Entre as espécies do gênero *Passiflora* se destacam *P. setacea*, *P. cincinnata*, *P. caerulea*, *P. incarnata*, *P. maliformis*, *P. foetida*, *P. nitida* e *P. quadrangularis*.

Apesar da condição privilegiada quanto aos recursos genéticos de *Passiflora*, a maioria dos híbridos interespecíficos obtidos apresenta problemas de desenvolvimento, esterilidade masculina, baixa viabilidade polínica ou dificuldade em florescer (Meletti e Bruckner, 2001). Isto se dá muito provavelmente pela carência de conhecimento de base como afirma Soares-Scott (2005) ao dizer que o maracujazeiro tem sido pouco estudado citologicamente, pois entre as 450

espécies descritas, existem estudos cromossômicos de apenas 30%, que em sua maioria se restringem à contagem do número cromossômico.

O maracujazeiro amarelo é uma espécie diploide, alógama e autoincompatível, tendo 18 cromossomos (Beal, 1969; Bruckner, 1997; Ferreira, 1998). As flores são hermafroditas e protegidas por brácteas foliares, apresentando um colorido atraente com abundância de néctar. As anteras são grandes e mostram um grande número de grãos de pólen de coloração amarelada, esados. A parte feminina é representada por três estigmas, que variam com relação à sua curvatura, característica que promove reflexos diferentes na polinização.

A planta do maracujazeiro é uma trepadeira lenhosa de grande porte. O caule na base é lenhoso e bastante lignificado, diminuindo o teor de lignina à medida que se aproxima o ápice da planta, no geral, ele é semiflexível. Do caule, surgem as gavinhas, folhas, gemas e brácteas (Teixeira, 1994). Na axila de cada folha trilobada, há uma gavinha, uma gema florífera e uma gema vegetativa.

O sistema radicular apresenta uma raiz central pivotante ou axial mais grossa que as demais. O volume da maioria das raízes finas se concentra num raio de 0,50 m do tronco da planta, na profundidade de 0,30 m a 0,45 m (Souza e Meletti, 1997).

Várias técnicas de melhoramento têm sido empregadas na busca para suprir a carência de novas cultivares, adaptadas às diferentes regiões de cultivo, mais produtivas e homogêneas.

A seleção massal é apresentada por Oliveira e Ferreira, (1991) como uma alternativa que tem apresentado resultados satisfatórios na cultura do maracujazeiro, visto a boa variabilidade existente.

Cunha (1996) propôs que a seleção massal, em maracujazeiro, fosse feita na primeira colheita, com base no vigor vegetativo e na produção pendente, e as sementes fossem coletadas, na segunda e terceira colheitas, de plantas selecionadas, polinizadas manualmente com mistura de pólen igualmente selecionado. Essa medida visa a otimizar o ganho genético por ciclo, em virtude de a seleção ser feita nos dois sexos.

METODOLOGIA REML/BLUP

Os estudos de melhoramento genético de espécies perenes para a obtenção de materiais superiores encontram algumas dificuldades devido à complexidade da base genética dos materiais experimentais e à influência acarretada pelos efeitos de ambiente. O critério de seleção representa o caráter ou o conjunto de caracteres em que a seleção se baseia, com a finalidade de avaliar e ordenar os candidatos à seleção para o caráter objetivo do melhoramento. A definição do critério de seleção depende de informações sobre os parâmetros genéticos e fenotípicos (herdabilidades, repetibilidades e correlações genéticas e fenotípicas associadas aos caracteres). A metodologia REML/BLUP permite gerar estimativas não tendenciosas de parâmetros pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e pela predição dos valores genéticos e genotípicos pelo procedimento BLUP, conduzindo à maximização do ganho genético por avaliar e ordenar os candidatos à seleção com precisão.

Na apresentação da metodologia REML/BLUP, faz-se necessária a descrição do modelo misto - método desenvolvido por Henderson (1973), que apresenta tanto fatores de efeitos fixos como aleatórios, além do erro experimental - associado aos dados experimentais.

Em um modelo misto, a análise de variância apresenta algumas particularidades, como a composição das esperanças matemáticas dos quadrados médios, cujo conhecimento permite o estabelecimento correto dos testes de hipóteses (Hicks, 1973). Caso o interesse do pesquisador resida na estimação dos componentes de variância, métodos adequados devem ser utilizados (Henderson, 1953; Thompson, 1969; Patersson e Thompson, 1971).

Outro motivo de se adotar um modelo linear misto é a possibilidade de se fazer a predição de efeitos aleatórios, na presença de efeitos fixos, que são de grande valia no melhoramento de plantas.

Um modelo linear misto generalizado tem a seguinte forma (Resede, 2007):

$$y = X\beta + Z\tau + \varepsilon ,$$

com as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$\tau \sim N(0, G)$$

$$\varepsilon \sim N(0, R)$$

$$E(Y) \sim X\beta$$

$$Var(y) = V = ZGZ' + R$$

em que:

- ✓ y : vetor conhecido de observações;
- ✓ β : vetor paramétrico de efeitos fixos, com matriz de incidência X ;
- ✓ τ : vetor paramétrico de efeitos aleatórios, com matriz de incidência Z ;
- ✓ ε : vetor de erros;
- ✓ G : matriz de variância-covariância dos efeitos aleatórios;
- ✓ R : matriz de variância-covariância dos erros; e
- ✓ 0 : vetor nulo.

Assumindo G e R como conhecidas, a simultânea estimação de efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios podem ser obtidas por meio das equações de modelo misto (método BLUP) dadas por:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \tilde{\tau} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Quando G e R não são conhecidas, os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios podem ser estimados de forma eficiente pelo método REML (Patterson & Thompson, 1971). Exceto por uma constante, a função de verossimilhança residual (em termos de seus log) a ser maximizada é dada por:

$$L = -\frac{1}{2} \left(\log|X'V^{-1}X| + \log|V| + v \log \sigma_s^2 + y'Py / \sigma_s^2 \right)$$

$$= -\frac{1}{2} \left(\log|C^*| + \log|R| + \log|G| + v \log \sigma_s^2 + y'Py / \sigma_s^2 \right), \text{ em que:}$$

$$V = R + ZGZ';$$

$$P = V^{-1} - V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1};$$

$v = N - r(x)$: graus de liberdade para os efeitos aleatórios, em que N é o número total de dados e $r(x)$ é o rank da matriz X ;

C^* = Matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

Sendo geral, o modelo descrito engloba vários modelos peculiares a cada situação.

Nos modelos mistos, a importância das estimativas de parâmetros genéticos pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita - REML ("Restricted Maximum Likelihood") é que essa metodologia gera estimativas não tendenciosas dos parâmetros (Schaeffer, 1999). Outra vantagem desses modelos é que eles levam em conta a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações (Resende, 2002). Isso faz da avaliação genética (predição de valores genéticos) pelos modelos mistos um instrumento mais eficaz que o da avaliação partindo de estimativas pelo método dos mínimos quadrados na seleção de genitores, famílias e árvores, pelo uso da informação da própria entidade ou de aparentados, avaliadas no mesmo ou em diferentes locais, épocas ou gerações (Resende, 1999). No modelo misto, os blocos ambientes e tempo (anos avaliados) podem ser assumidos como efeitos fixos, constantes, mas interferem na predição dos efeitos genéticos ou aleatórios, havendo necessidade de ajuste dos efeitos fixos no modelo.

'A seleção de indivíduos ou progênes de uma população pode ser fenotípica quando o valor fenotípico do caráter é o referencial, ou genotípica, quando baseada nos valores genéticos desses indivíduos. Valores genéticos aditivos são efeitos aleatórios que podem ser obtidos pelo procedimento BLUP, que estima os efeitos fixos (médias de blocos) pelo método dos mínimos quadrados generalizados, considerando as variâncias, sendo esta a razão da maior acuidade. Ao mesmo tempo, o procedimento prediz os valores dos efeitos genéticos aleatórios e dos efeitos aleatórios não correlacionados incluídos no modelo (Resende, 2002).

O método Máxima Verossimilhança Restrita (REML) tem propriedades estatísticas superiores quando comparadas àquelas do método dos mínimos quadrados para a estimação dos parâmetros genéticos com dados não balanceados (Searle et al., 1992). Devido às vantagens desse método, seu emprego no melhoramento florestal tem crescido expressivamente no exterior, como pode ser observado nos trabalhos de Dieters et al. (1995) e Dieters (1996) e no Brasil, nos trabalhos de Resende (2001), Mora (2002), entre outros.

Resende (2002) reestruturou o programa computacional SELEGEN - Seleção Genética, elaborado pelo próprio autor e cooperadores (Resende et al., 1994), adequando-o para a análise de qualquer tipo de dado, pelo procedimento ótimo de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear Não Viciada (BLUP), com aperfeiçoamentos contemplando 165 diferentes estruturas experimentais, inclusive testes de progênies e procedências em vários locais, com estudo de interação genótipo x ambiente.

Com o surgimento dos modelos mistos ou BLUP individual, houve grande mudança na forma de estimação dos componentes de variância. Anteriormente, as covariâncias entre parentes eram estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas (igualando-as aos seus valores esperados), gerando os componentes de variância. Atualmente, os componentes de variância podem ser estimados diretamente pelas variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto (Resende, 2002).

O programa SELEGEN-REML/BLUP atende às exigências de experimento balanceado e não balanceado. Se adotados modelos em nível individual, o programa computacional fornece: (i) valores genéticos aditivos preditos; (ii) valores genotípicos preditos; (iii) estimativas de componentes de variância; (iv) ordenamento dos candidatos à seleção, segundo valores genéticos aditivos ou genotípicos; (v) estimativas de ganhos genéticos; (vi) estimativas do tamanho efetivo populacional; (vii) estimativas da interação genótipo x ambiente; e (viii) estimativas do valor genético de cruzamentos. Abrange os delineamentos experimentais de blocos ao acaso e látice, os delineamentos de cruzamento para polinização aberta e controlada (progênies de meios-irmãos e irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos não balanceados, híbridos), bem como testes clonais, uma ou várias populações, experimentos repetidos em vários locais, uma ou várias plantas por parcela, presença ou ausência de medidas repetidas (Resende, 2002). O programa emprega modelos, estimadores e preditores apresentados por Resende et al. (1994) e Resende (1999b; 2000; 2002), podendo ser aplicado às plantas alógamas, autógamias e com sistema reprodutivo misto. É direcionado às espécies perenes e semiperenes, podendo também ser aplicado às espécies anuais. Tem sido utilizado com sucesso em algumas espécies florestais tais como acácia negra (Mora, 2002), pinus (Duda, 2003), erva-mate (Resende et al., 2000), seringueira

(Resende et al., 1996; Costa et al., 2000) e espécies frutíferas, como a pupunheira (Farias Neto e Resende, 2001), cacau (Resende e Dias, 2000), aceroleira (Paiva et al., 2002), umbuzeiro (Oliveira et al., 2004), cupuaçu (Souza et al., 2002), além de cafeeiro (Resende et al., 2001) e dendê (Purba et al., 2001). Santos et al. (2006) utilizaram o procedimento REML/BLUP como relatado por Resende e Higa (1994) para seleção individual de genótipos (matrizes) de *Eucalyptus grandis*. Os autores concluíram que a seleção de uma árvore matriz com maiores valores para os caracteres diâmetro à altura do peito e altura é um parâmetro importante para a escolha inicial de árvores matrizes, sendo um indicativo do seu melhor desempenho após a sua avaliação em teste de progênes.

Carvalho et al. (2008) compararam os procedimentos REML/BLUP e quadrados mínimos na estimação e predição de parâmetros e valores genéticos em progênes de soja e concluíram que, para as condições do experimento, os dois procedimentos não apresentaram diferenças práticas.

Com o objetivo de estudar a variabilidade genética e estimar o valor genético individual como critério de seleção, em *Bactris gasipaes*, De Farias Neto e Resende (2001) compararam o procedimento BLUP/REML (Melhor predição linear não viciada/máxima verossimilhança restrita) e análise de variância no processo de estimação. Os autores concluíram que os procedimentos REML e ANOVA conduziram a resultados divergentes para a maioria dos caracteres, e o procedimento REML/BLUP deve ser preferido em experimentos que geram dados desbalanceados.

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

DESCRIÇÃO DO EXPERIMENTO

O experimento foi instalado na área de experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, município de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, com latitude sul de 21° 45', longitude 41° 20' W e 11 m de altitude. O sistema de condução foi o de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m,

espaçados de 4 metros e com um fio de arame número 12 a partir de 1,80m do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 m a fim de possibilitar a mobilização de máquinas dentro do experimento. Os tratos culturais foram os recomendados pela cultura do maracujazeiro.

Foram avaliadas 28 progênies de meios-irmãos resultantes da recombinação de 30% das melhores progênies das 140 progênies de irmãos completos selecionadas via índice de seleção no segundo ciclo de seleção recorrente (Silva et al., 2009). Esta recombinação foi feita utilizando meios-irmãos maternos, em que a mãe foi a própria progênie selecionada e o pai foi a mistura de pólen de todas as progênies selecionadas. As progênies avaliadas, desta forma, representam a população de trabalho para a condução do terceiro ciclo de seleção.

CARACTERÍSTICAS AVALIADAS

As avaliações das famílias foram feitas de abril a julho de 2010, mensurando as seguintes características:

Características quantitativas:

✓ Número de frutos por parcela (NF)

Na primeira florada, foi feita a contagem do número de frutos na parcela.

✓ Peso médio de frutos em gramas (PF) em kg

Os frutos provenientes de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo das estações do ano foram pesados em balança digital.

✓ Peso total de frutos por parcela (PT)

Os frutos provenientes de cada parcela foram pesados por meio de balança digital.

ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

Os valores genéticos foram estimados pelo software Selegen-Reml/BLUP, utilizando o procedimento BLUP individual com relação às características

Número total de frutos por planta (NF), Peso total da parcela em quilos (PT) e peso médio de frutos (PF).

A predição dos valores genéticos segue o modelo estatístico no contexto dos modelos lineares mistos apresentados abaixo.

$y = Xb + Za + e$, em que:

y , b , a , e e são vetores de dados dos efeitos de blocos (fixos), dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios) e dos erros aleatórios, respectivamente.

X e Z são matrizes de incidência para b e a , respectivamente.

As distribuições e estruturas de médias e variâncias são:

$y | b, V \sim N(Xb, V)$

$a | A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$

$e | \sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$

$\text{Cov}(a, c') = 0$; $\text{Cov}(a, e') = 0$; $\text{Cov}(c, e') = 0$, ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{e} \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & R \\ GZ' & G & 0 \\ R & 0 & R \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$G = A \sigma_a^2$$

$$R = I \sigma_e^2$$

$$V = ZA \sigma_a^2 Z'$$

$$I \sigma_e^2 = ZGZ' + R$$

As equações de modelos mistos para estimar os efeitos fixos e prever os efeitos aleatórios pelo procedimento BLUP, apresentados por Resende (2000) são dadas por:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I^{-1}\lambda_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

, em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2}{h^2};$$

Para obter os Componentes de Variância a seguir empregou-se o software SELEGEN-REML/BLUP.

As soluções para as equações de modelos mistos devem ser obtidas por métodos iterativos de resolução de sistemas de equações lineares.

Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmos EM (Expectation-Maximização).

✓ herdabilidade individual no sentido restrito no bloco.

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2};$$

✓ variância genética aditiva.

$$\sigma_a^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \sigma_e^2 \text{tr}(A^{-1} C^{22})] / q$$

✓ variância residual.

$$\sigma_e^2 = [y' y - \hat{b}' X' y - \hat{a}' Z' y] / [N - r(x)]$$

, em que:

✓ tr: operador traço matricial;

✓ r(x): posto da matriz X;

✓ N, q: número total de dados, número de indivíduos, respectivamente; e

✓ C^{22} advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C_{21} & C_{22} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix}$$

, em que:

✓ C: matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos.

✓ estimador da variância do erro de predição dos valores genéticos;

$$PEV = \text{Var}(a - \hat{a}') = C^{22} \sigma_e^2 = (1 - r_{\hat{a}\hat{a}}^2) \sigma_a^2$$

✓ acurácia da predição dos valores genéticos;

$$r_{\hat{a}\hat{a}}^2 = [1 - PEV / \sigma_a^2]^{1/2}$$

✓ desvio padrão do erro de predição do valor genético;

$$SEP = [(1 - r_{\hat{a}\hat{a}}^2) \sigma_a^2]^{1/2}$$

✓ variação fenotípica

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2$$

✓ coeficiente de variação genética

$$CVg\% = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}}$$

✓ coeficiente de variação experimental

$$CVe\% = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\hat{m}}$$

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS VIA REML

A mais importante função da herdabilidade no estudo genético do caráter métrico, de acordo com Falconer (1987), é o seu papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético.

As duas características ligadas diretamente a produção e, portanto consideradas as mais importantes, número de frutos(NF) e produção total (PT), apresentaram estimativas de herdabilidade de 0,3952 e 0,4397, respectivamente (Tabela 1). Valores apresentados por Silva et al., 2009 para estimativas de herdabilidade de 39,19%(NF) e 28,04%(PT), respectivamente foram considerados baixos. Os valores para herdabilidade para NF foram bem próximos, porém para PT os valores apresentaram certa discrepância. As estimativas de valores de baixa magnitude de herdabilidade podem ocorrer devido interferência ambiental na característica. Maiores valores de coeficientes de variação, como para NF (32,88) indicam serem mais influenciadas pelo ambiente. Sabe-se porém que a herdabilidade não é uma característica imutável, sendo uma propriedade não só da característica, mas também da população e das condições ambientais a que a população foi submetida.

Tabela 1- Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, de famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo para as características número de frutos (NF), peso total de frutos por parcela (PT) e peso médio de frutos (PF) em Campos dos Goytacazes-RJ.

Estimativa ⁽¹⁾	NF	PT	PF
σ_a^2	7,6735	210084,5	493,5334
h_{mp}^2	0,3952	0,439709	0,560907
h_{ad}^2	0,6536	0,784787	0,6518
CV_a	30,7000	31,62564	13,60893
CV_g	15,3500	15,81282	6,804463
CV_e	32,8841	30,91676	10,42767
IV	0,4667	0,511464	0,652539
PEV	1,1600	29427,11	54,17676
σ	1,0770	171,5433	7,360486
A_{cprog}	0,6287	0,663106	0,748937
Média	9,0231	1449,298	163,243

⁽¹⁾ σ_a^2 : variância genética aditiva; h_{mp}^2 : herdabilidade média de progênie; h_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro de família; CV_a : coeficiente de variação aditiva; CV_g : coeficiente de variação genética; CV_e : coeficiente de variação residual; IV: coeficiente de variação relativa (IV); PEV: variância do erro dos valores genotípicos; σ : desvio padrão dos valores genotípicos; A_{cprog} : acurácia de seleção; Média: média geral.

Borém, 2001, salienta possíveis causas de variação nas estimativas de herdabilidade como a característica avaliada, o método de estimação, a diversidade na população, a unidade experimental considerada, o tamanho da amostra avaliada, o nível de endogamia da população, o número e tipos de ambientes considerados e a precisão na condução do experimento e na coleta de dados.

Para NF, Linhales, 2007, Oliveira *et al.*, 2008 e Silva *et al.*, 2009 encontraram estimativas de herdabilidade de 0,330, 0,540 e 0,369, respectivamente, mostrando certa concordância nessas estimativas com a obtida nesse trabalho.

Para o caráter peso médio de frutos (PF) a herdabilidades estimada foi 0,5609, valor próximo aos apresentados em outros trabalhos, cuja estimativa variou de 0,561 a 0,70 (Viana *et al.*, 2004; Moraes *et al.*, 2005; Goncalves *et al.*, 2007; Oliveira *et al.*, 2008 e Silva *et al.*, 2009).

Como as herdabilidades estimadas para NF e PT foram de magnitudes moderadas ($0,15 < h^2 < 0,50$), indica-se a utilização de métodos mais elaborados de seleção, como o BLUP. A característica PF por sua vez apresentou valor alto ($h^2 > 0,50$).

A herdabilidade dentro das famílias foi alta (0,65, 0,78 e 0,67 para NF, PT e PF respectivamente) mostrando que o ganho genético dentro foi maior que entre famílias. Neste caso, podemos fazer seleção entre e dentro de famílias para explorar a variabilidade e aumentar o ganho genético.

Os valores de números de frutos por planta e peso total de fruto por parcela estão aquém dos observados nesta mesma população sob seleção recorrente intrapopulacional, conforme já relatado devido as condições de clima frio afetando o potencial produtivo das progênies avaliadas, mas para a variável peso médio de fruto observa-se elevações das médias das famílias, visto que em trabalhos de Silva et al., 2009 observou-se um peso médio de frutos de 158 g, e esta população no segundo ciclo de seleção apresenta peso médios de 165 g. Isto destaca o potencial da referida população em obtenção de ganhos genéticos na consecução do programa de melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo da UENF.

O coeficiente de variação genético (CVg) por ser diretamente proporcional à variância genética permite ao melhorista ter uma noção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção, ao longo de um programa de melhoramento, visto que espera-se que quanto maior for o valor da estimativa do CVg, maior seja a possibilidade de liberação de variabilidade genética.

A característica PT apresentou o maior valor de CVg (15,81), indicando boas chances de sucesso na seleção para essa característica. Viana *et al.*, 2004 encontraram valor bem superiores 62,18% para a característica em questão.

Para as demais características, os valores de CVg foram 15,35 e 6,80. O parâmetro índice de variação (Iv) é outro importante na definição da melhor estratégia de melhoramento para cada característica, pois ele representa a razão entre o CVg e CVe. Logo, ele não é influenciado pela média do caráter. Segundo Vencovsky, 1987, esse índice é utilizado na cultura do milho para determinar as chances de sucesso na seleção, o qual dependerá de sua magnitude, principalmente para as situações em que for igual ou superior a unidade.

As características PF e PT podem proporcionar ganhos genéticos aceitáveis, uma vez que a magnitude de Iv foi maior que 0,5. Por outro lado, NF exibiu valores inferiores a 0,5. Nesse caso, fica evidenciado uma maior proporção de variação ambiental, que é uma situação menos favorável ao melhoramento,

mas que pode ser contornado com a utilização de métodos de melhoramento mais elaborados, como a seleção recorrente e suas derivações.

Os valores de acurácia encontrados entre 0,62 e 0,74 são de acordo com a classificação de Resende e Duarte, 2007, para a cultura do milho, que classificam esta estatística como muito alta ($Ac_{gen} \leq 0,90$), alta ($0,70 \leq Ac_{gen} \leq 0,90$), moderada ($0,50 \leq Ac_{gen} \leq 0,70$) e baixa ($Ac_{gen} \leq 0,50$) considerados moderados para NF e PT e altos para PF. Esse valor alto da acurácia indica alta precisão no acesso à variação genética verdadeira a partir da variação fenotípica observada em cada uma das características. As baixas acurácias indicam que para essas características não se tem menor confiabilidade dos dados, possivelmente pela característica ser altamente influenciada pelo ambiente.

SELEÇÃO E ESTIMATIVAS DOS GANHOS VIA BLUP

A relação das progênies selecionadas em função dos valores genotípicos obtidos para, número de frutos é apresentada na Tabela 2.

Do total dos 81 genótipos (27 progênies distribuídas em 3 blocos) 37, ou seja, 45,68% das avaliadas, apresentam para suas novas médias desempenho superior ao da média geral. A progênie 11, localizada no bloco 1, ocupou para NF a posição 1 no ranking, com valor genotípico igual a 7,669 e nova média 14,135 frutos, aumento de 36,61 % na média geral para o caráter. O genótipo melhor ranqueado para o segundo bloco foi o 20 que ocupou para NF a posição 2 no ranking, com valor genotípico igual a 6,624 e nova média 13,9 frutos, aumento de 35,54 % na média geral para o caráter. Para o terceiro bloco o melhor ranqueado foi o genótipo 8 que ocupou para NF a posição 4 no ranking, com valor genotípico igual a 5,974 e nova média 13,476 frutos, aumento de 33,51 % na média geral para o caráter.

Tabela 2- Ordenação por bloco de 27 progênies de meios irmãos de maracujazeiro amarelo selecionadas via componentes de média para a característica Número de frutos (NF)

Ordem	Bloco	Família	f	a	d	g	Ganho	Nova Média
1	1	11	17,375	5,111	2,557	7,669	5,111	14,135
2	2	20	13,875	4,643	1,981	6,624	4,877	13,900
3	1	27	16,500	4,055	2,786	6,841	4,603	13,626
4	3	8	14,750	4,003	1,972	5,974	4,453	13,476
5	3	14	14,500	3,822	1,884	5,706	4,327	13,350
6	2	3	13,250	3,790	2,269	6,058	4,237	13,260
7	3	10	14,500	3,719	2,014	5,733	4,163	13,186
8	1	20	14,750	3,532	1,241	4,773	4,084	13,108
9	1	1	15,125	3,452	1,814	5,266	4,014	13,037
10	3	6	13,750	3,349	1,536	4,885	3,948	12,971
11	1	2	14,500	3,118	1,448	4,566	3,872	12,895
12	3	5	13,375	2,978	1,530	4,509	3,798	12,821
13	2	11	11,250	2,790	1,010	3,800	3,720	12,743
14	3	18	13,125	2,672	1,601	4,273	3,645	12,669
15	2	1	11,250	2,602	1,247	3,849	3,576	12,599
16	2	6	11,000	2,547	1,001	3,548	3,511	12,535
17	1	14	13,250	2,318	0,882	3,200	3,441	12,464
18	3	4	12,500	2,098	1,537	3,635	3,367	12,390
19	1	8	12,750	2,008	0,642	2,650	3,295	12,318
20	1	17	13,125	1,928	1,215	3,143	3,227	12,250
21	3	20	11,125	1,850	0,119	1,969	3,161	12,184
22	3	2	11,250	1,680	0,490	2,170	3,094	12,117
23	2	22	9,500	1,144	0,879	2,023	3,009	12,032
24	1	5	11,500	1,066	0,255	1,321	2,928	11,951
25	3	13	11,000	1,015	1,012	2,027	2,852	11,875
26	2	2	8,500	0,878	-0,045	0,833	2,776	11,799
27	3	9	10,625	0,873	0,720	1,592	2,705	11,728
28	2	21	8,625	0,441	0,663	1,104	2,624	11,648
29	2	10	7,875	0,384	-0,210	0,175	2,547	11,570
30	1	6	10,250	0,374	-0,447	-0,073	2,475	11,498
31	2	8	7,500	0,259	-0,524	-0,265	2,403	11,426
32	3	3	9,250	0,179	-0,138	0,041	2,334	11,357
33	3	24	9,750	0,118	0,568	0,686	2,267	11,290
34	1	16	10,625	0,100	0,369	0,469	2,203	11,226
35	1	10	10,000	0,091	-0,406	-0,315	2,143	11,166
36	2	16	8,000	0,067	0,347	0,414	2,085	11,108
37	2	5	7,375	0,052	-0,421	-0,369	2,030	11,053
38	2	17	7,500	-0,066	-0,115	-0,181	1,975	10,998
39	1	18	9,875	-0,139	-0,273	-0,413	1,921	10,944
40	3	21	9,250	-0,146	0,271	0,125	1,869	10,892
41	2	14	6,875	-0,167	-0,775	-0,942	1,819	10,842
42	3	11	8,125	-0,248	-1,016	-1,264	1,770	10,793
43	2	7	7,625	-0,258	0,284	0,026	1,723	10,746
44	1	25	10,000	-0,269	0,047	-0,222	1,678	10,701

Cont. Tabela 2

Ordem	Bloco	Família	f	a	d	g	Ganho	Nova Média
45	2	15	7,625	-0,270	0,299	0,029	1,634	10,658
46	3	25	8,750	-0,399	-0,040	-0,439	1,590	10,613
47	2	9	6,750	-0,665	-0,305	-0,970	1,542	10,565
48	3	22	8,250	-0,669	-0,330	-0,998	1,496	10,519
49	1	12	9,750	-0,740	0,325	-0,415	1,451	10,474
50	2	24	6,750	-0,847	-0,076	-0,923	1,405	10,428
51	2	18	6,125	-0,908	-0,786	-1,694	1,359	10,382
52	2	23	7,000	-0,992	0,421	-0,571	1,314	10,337
53	1	13	8,750	-1,143	-0,426	-1,569	1,268	10,291
54	3	15	7,750	-1,184	-0,311	-1,494	1,222	10,245
55	1	4	8,500	-1,204	-0,664	-1,868	1,178	10,201
56	1	7	8,750	-1,205	-0,347	-1,553	1,136	10,159
57	2	19	6,250	-1,220	-0,236	-1,456	1,094	10,117
58	3	17	7,250	-1,225	-0,888	-2,113	1,054	10,077
59	2	25	5,750	-1,364	-0,684	-2,048	1,013	10,036
60	1	9	8,125	-1,449	-0,828	-2,277	0,972	9,995
61	1	22	8,000	-1,519	-0,897	-2,416	0,931	9,955
62	1	3	7,500	-1,652	-1,359	-3,010	0,890	9,913
63	3	1	6,250	-1,662	-1,596	-3,258	0,849	9,872
64	1	19	8,125	-1,677	-0,541	-2,218	0,810	9,833
65	1	26	8,125	-1,876	-0,290	-2,166	0,768	9,792
66	2	12	5,125	-2,081	-0,569	-2,649	0,725	9,748
67	2	27	4,500	-2,107	-1,322	-3,429	0,683	9,706
68	2	4	4,500	-2,136	-1,286	-3,421	0,642	9,665
69	3	19	6,125	-2,297	-0,954	-3,252	0,599	9,622
70	3	7	5,500	-2,643	-1,306	-3,949	0,553	9,576
71	3	27	5,125	-2,694	-1,713	-4,407	0,507	9,530
72	1	15	6,250	-2,851	-1,423	-4,274	0,460	9,483
73	3	16	5,000	-2,890	-1,624	-4,514	0,414	9,438
74	2	13	3,500	-2,892	-1,592	-4,484	0,370	9,393
75	3	26	5,125	-3,151	-1,139	-4,289	0,323	9,346
76	1	21	5,000	-3,611	-2,039	-5,650	0,271	9,294
77	2	26	2,875	-3,626	-1,456	-5,081	0,220	9,244
78	1	24	5,000	-3,674	-1,960	-5,634	0,170	9,194
79	1	23	4,750	-4,145	-1,681	-5,827	0,116	9,139
80	3	12	2,875	-4,547	-2,213	-6,760	0,058	9,081
81	3	23	3,000	-4,602	-1,986	-6,588	0,000	9,023

f= valor fenotípico individual; a= efeito genético aditivo; d= efeito genético de dominância; e g= efeito genotípico.

A última progênie selecionada para a característica NF foi a 23 do bloco 3 com nova média 9,023, aumento de 0,7 % na média geral para o caráter.

Do total das 27 progênies, distribuídos em 3 blocos, relacionadas na tabela 3, 39, ou seja, 48,15 % das avaliadas, apresentam para suas novas médias desempenho superior ao da média geral.

Tabela 3- Ordenação para cada bloco de 27 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo selecionados via componentes de média para a característica Peso Total de frutos por parcela (PT)

Ordem	Bloco	Família	f	a	d	g	Ganho	NovaMédia
1	3	14	2920,625	1150,396	564,379	1714,775	1150,396	2599,694
2	2	20	2268,125	824,499	386,864	1211,363	987,447	2436,745
3	3	6	2503,750	810,485	377,277	1187,761	928,460	2377,758
4	3	10	2447,500	747,478	393,703	1141,181	883,214	2332,512
5	2	3	2112,500	677,382	366,182	1043,564	842,048	2291,346
6	1	14	2268,333	648,488	229,773	878,261	809,788	2259,086
7	2	6	1965,000	586,689	228,080	814,770	777,917	2227,215
8	3	8	2258,625	580,652	340,101	920,753	753,258	2202,556
9	1	11	2164,444	520,978	287,196	808,174	727,450	2176,748
10	1	17	2170,000	515,203	314,743	829,945	706,225	2155,523
11	1	1	2143,333	505,755	272,882	778,637	688,000	2137,298
12	1	5	2089,444	474,204	218,578	692,782	670,184	2119,482
13	1	27	2136,667	457,808	373,236	831,044	653,847	2103,145
14	2	1	1797,500	423,357	217,949	641,306	637,384	2086,682
15	3	18	2057,500	419,420	243,118	662,538	622,853	2072,151
16	1	20	1932,778	372,316	85,409	457,725	607,194	2056,492
17	3	9	1996,250	361,376	235,324	596,700	592,734	2042,032
18	3	25	1967,500	349,219	194,987	544,206	579,206	2028,504
19	2	22	1706,875	334,313	214,106	548,419	566,317	2015,615
20	3	5	1913,750	326,319	119,988	446,307	554,317	2003,615
21	3	20	1813,125	268,412	16,140	284,552	540,702	1990,000
22	1	2	1836,111	252,023	142,845	394,868	527,581	1976,879
23	2	11	1544,375	223,363	88,786	312,148	514,354	1963,652
24	3	3	1765,000	205,659	51,701	257,360	501,491	1950,789
25	2	10	1444,375	159,247	1,549	160,796	487,802	1937,100
26	2	21	1498,750	151,227	153,234	304,461	474,856	1924,154
27	3	13	1706,250	100,107	165,479	265,586	460,977	1910,275
28	2	15	1418,750	89,511	108,786	198,296	447,710	1897,008
29	1	25	1610,000	78,659	14,614	93,274	434,984	1884,282
30	2	5	1343,125	77,509	-45,886	31,624	423,068	1872,366
31	1	6	1547,778	70,252	-116,21	-45,960	411,687	1860,985
32	3	21	1619,375	46,883	83,672	130,555	400,287	1849,585
33	3	24	1616,875	43,611	85,548	129,159	389,479	1838,777
34	3	4	1620,625	39,266	105,227	144,493	379,178	1828,476
35	1	10	1526,667	34,822	-81,401	-46,580	369,340	1818,638
36	3	2	1566,250	30,237	-5,012	25,226	359,920	1809,218

Cont. Tabela 3

Ordem	Bloco	Família	f	a	d	g	Ganho	NovaMédia
37	2	14	1231,875	24,095	-186,48	-162,393	350,844	1800,142
38	1	16	1558,889	10,557	55,919	66,477	341,889	1791,187
39	1	18	1518,889	6,727	-32,010	-25,283	333,295	1782,593
40	2	24	1302,500	-4,098	53,743	49,645	324,860	1774,158
41	2	17	1248,750	-18,776	-41,243	-60,018	316,479	1765,777
42	2	8	1207,500	-45,249	-77,166	-122,415	307,866	1757,164
43	2	16	1241,875	-49,224	16,065	-33,159	299,562	1748,860
44	2	2	1203,125	-55,730	-62,323	-118,052	291,487	1740,785
45	2	25	1157,500	-87,450	-96,125	-183,575	283,066	1732,364
46	1	22	1398,889	-96,398	-73,034	-169,432	274,817	1724,115
47	2	18	1145,000	-97,689	-101,62	-199,310	266,891	1716,189
48	1	9	1393,889	-101,347	-73,158	-174,505	259,220	1708,518
49	1	8	1362,778	-112,396	-121,93	-234,327	251,636	1700,934
50	1	3	1344,444	-114,386	-161,66	-276,048	244,315	1693,613
51	2	23	1193,125	-130,725	95,685	-35,041	236,962	1686,260
52	2	19	1145,625	-136,488	-5,781	-142,269	229,780	1679,078
53	3	22	1331,875	-158,992	-14,764	-273,755	222,445	1671,743
54	1	7	1347,222	-169,803	-20,188	-189,990	215,181	1664,479
55	2	7	1100,625	-174,322	-23,200	-197,523	208,099	1657,397
56	3	11	1254,375	-203,235	-195,61	-398,847	200,754	1650,052
57	1	19	1293,333	-209,575	-54,506	-264,081	193,555	1642,853
58	2	9	1015,000	-209,687	-145,38	-355,072	186,602	1635,900
59	1	12	1307,222	-221,461	-8,154	-213,307	179,686	1628,984
60	3	17	1223,125	-237,895	-187,32	-425,217	172,726	1622,024
61	1	26	1280,000	-244,314	-2,467	-246,782	165,890	1615,188
62	1	15	1212,778	-261,141	-124,98	-386,123	159,002	1608,300
63	2	12	1006,250	-268,653	-23,308	-291,961	152,214	1601,512
64	3	15	1213,750	-270,380	-131,14	-401,521	145,611	1594,909
65	1	4	1178,889	-297,401	-119,21	-416,618	138,795	1588,093
66	1	13	1181,111	-302,014	-102,60	-404,615	132,116	1581,414
67	3	1	1065,000	-350,509	-297,96	-648,470	124,913	1574,211
68	3	16	1046,875	-401,267	-218,63	-619,896	117,175	1566,473
69	3	19	1036,875	-420,842	-195,35	-616,193	109,378	1558,676
70	2	4	739,375	-453,319	-223,16	-676,481	101,339	1550,637
71	2	27	698,125	-482,134	-253,39	-735,526	93,121	1542,419
72	3	7	948,125	-493,011	-235,66	-728,671	84,981	1534,279
73	3	26	930,625	-528,501	-191,92	-720,427	76,577	1525,875
74	1	24	850,556	-547,785	-308,71	-856,500	68,139	1517,437
75	3	27	816,875	-587,949	-323,93	-911,885	59,392	1508,690
76	1	23	836,111	-599,912	-217,10	-817,019	50,716	1500,014
77	1	21	693,333	-669,861	-394,15	-1064,02	41,358	1490,656
78	2	26	495,625	-670,875	-286,84	-957,716	32,227	1481,525
79	2	13	450,000	-686,773	-359,10	-1045,88	23,126	1472,424
80	3	12	440,000	-912,048	-452,23	-1364,29	11,436	1460,734
81	3	23	447,500	-914,891	-427,09	-1341,98	0,000	1449,298

f= valor fenotípico individual; a= efeito genético aditivo; d= efeito genético de dominância; e g= efeito genotípico.

A progênie 14, localizada no bloco 3, ocupou para PT a posição 1 no ranking, com valor genotípico igual a 1714,775, e nova média de 2599,694, aumento de 44,25 % na média geral para o caráter. O mais mal ranqueado entre os 39 com valores genéticos aditivos positivos foi a progênie 18, localizada no bloco 1, que permitiria um acréscimo de 0,81 % na média para o caráter. Os demais 42 genótipos não estariam contribuindo para o aumento da média para o caráter.

Para o caráter peso médio de frutos, Tabela 4, o mais bem ranqueado foi o genótipo 25, no bloco 3, com promoção de ganhos de 29,18 % na média para o caráter, e o pior foi o 17, com ganhos esperados de 10,39 % sobre a média geral para o caráter. As 40 progênies selecionadas correspondem a 49,38 % das progênies avaliadas.

Tabela 4- Ordenação para cada bloco de 27 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo selecionadas via componentes de média para a característica Peso médio de frutos (PF).

Ordem	Bloco	Familia	f	a	d	g	Ganho	NovaMédia
1	3	25	224,857	67,271	32,703	99,973	67,271	230,514
2	3	16	209,375	51,427	31,592	83,019	59,349	222,592
3	1	15	194,044	50,197	27,607	77,804	56,298	219,541
4	3	14	201,422	39,169	18,376	57,545	52,016	215,259
5	2	25	201,304	36,662	12,297	48,958	48,945	212,188
6	1	5	181,691	35,963	21,836	57,799	46,781	210,024
7	2	12	196,342	35,701	24,582	60,283	45,199	208,441
8	1	3	179,259	31,684	16,165	47,850	43,509	206,752
9	1	23	176,023	29,308	18,802	48,110	41,931	205,174
10	2	24	192,963	29,028	14,468	43,496	40,641	203,884
11	3	3	190,811	26,770	12,889	39,659	39,380	202,623
12	1	22	174,861	26,768	14,574	41,342	38,329	201,572
13	3	9	187,882	24,051	13,531	37,581	37,231	200,474
14	2	18	186,939	22,961	14,337	37,298	36,211	199,454
15	1	9	171,556	22,865	12,741	35,606	35,322	198,565
16	1	14	171,195	20,227	5,748	25,974	34,378	197,621
17	1	24	170,111	20,029	8,469	28,499	33,534	196,777
18	2	15	186,066	19,812	7,350	27,162	32,772	196,015
19	2	10	183,413	18,075	10,162	28,237	31,998	195,241
20	2	19	183,300	17,573	8,969	26,542	31,277	194,520
21	3	6	182,091	16,553	8,293	24,846	30,576	193,819
22	2	5	182,119	16,317	8,738	25,055	29,928	193,171
23	3	26	181,585	15,918	7,897	23,815	29,319	192,562
24	1	17	165,333	15,398	8,917	24,315	28,739	191,981
25	2	22	179,671	12,719	5,209	17,928	28,098	191,341
26	2	6	178,636	11,618	5,003	16,621	27,464	190,707

Cont. Tabela 4

Ordem	Bloco	Familia	f	a	d	g	Ganho	NovaMédia
27	2	14	179,182	10,236	-0,913	9,323	26,826	190,069
28	3	21	175,068	8,838	6,169	15,007	26,183	189,426
29	1	19	159,180	6,954	1,889	8,844	25,520	188,763
30	2	21	173,768	6,656	4,715	11,370	24,892	188,134
31	3	7	172,386	6,284	6,561	12,846	24,291	187,534
32	1	25	161,000	5,369	-8,565	-3,196	23,700	186,943
33	1	26	157,539	4,871	0,532	5,403	23,129	186,372
34	3	1	170,400	3,685	4,681	8,366	22,558	185,800
35	2	26	172,391	3,651	-0,281	3,370	22,017	185,260
36	1	7	153,968	2,427	3,990	6,418	21,473	184,716
37	2	23	170,446	1,990	0,591	2,581	20,947	184,190
38	1	18	153,812	0,836	-0,413	0,424	20,417	183,660
39	3	19	169,286	0,193	-2,618	-2,425	19,899	183,142
40	3	17	168,707	0,036	-1,324	-1,287	19,402	182,645
41	3	10	168,793	-0,079	-1,940	-2,018	18,927	182,170
42	1	10	152,667	-1,008	-2,560	-3,568	18,452	181,695
43	2	4	164,306	-2,587	5,390	2,803	17,963	181,206
44	2	17	166,500	-3,305	-3,551	-6,856	17,480	180,723
45	1	6	151,003	-3,489	-5,069	-8,558	17,014	180,257
46	2	20	163,469	-4,944	0,723	-4,221	16,536	179,779
47	3	20	162,978	-5,049	0,653	-4,396	16,077	179,320
48	3	24	165,833	-5,106	-8,288	-13,394	15,636	178,879
49	2	8	161,000	-6,206	4,428	-1,778	15,190	178,433
50	3	27	159,390	-8,934	-0,259	-9,193	14,708	177,951
51	1	16	146,719	-8,941	-8,653	-17,593	14,244	177,487
52	3	22	161,439	-10,048	-9,970	-20,018	13,777	177,020
53	2	1	159,778	-10,406	-4,713	-15,119	13,321	176,564
54	3	13	155,114	-13,082	0,136	-12,946	12,832	176,075
55	1	1	141,708	-13,296	-6,640	-19,936	12,357	175,600
56	2	3	159,434	-13,834	-14,180	-28,014	11,889	175,132
57	3	11	154,385	-13,887	-0,097	-13,984	11,437	174,680
58	2	27	155,139	-14,887	-4,228	-19,114	10,983	174,226
59	3	18	156,762	-15,066	-11,014	-26,080	10,541	173,784
60	1	4	138,693	-15,112	-2,960	-18,072	10,114	173,357
61	3	8	153,127	-15,741	-1,929	-17,669	9,690	172,933
62	3	15	156,613	-17,290	-17,384	-34,674	9,255	172,498
63	1	21	138,667	-17,991	-11,716	-29,707	8,822	172,065
64	2	16	155,234	-18,256	-14,863	-33,118	8,399	171,642
65	3	12	153,044	-19,087	-11,943	-31,030	7,976	171,219
66	1	13	134,984	-19,125	-3,893	-23,017	7,566	170,809
67	1	12	134,074	-23,648	-14,984	-38,632	7,100	170,343
68	2	9	150,370	-24,390	-18,763	-43,153	6,637	169,880
69	3	23	149,167	-24,671	-17,184	-41,854	6,183	169,426
70	1	20	131,036	-26,182	-13,435	-39,617	5,721	168,964
71	1	27	129,495	-27,452	-12,604	-40,056	5,253	168,496
72	1	2	126,628	-29,214	-9,213	-38,427	4,775	168,018

Cont. Tabela 4

Ordem	Bloco	Familia	f	a	d	g	Ganho	NovaMédia
73	2	7	144,344	-30,060	-17,668	-47,727	4,298	167,541
74	2	2	141,544	-30,353	-9,973	-40,326	3,829	167,072
75	1	11	124,572	-32,299	-12,372	-44,670	3,348	166,591
76	3	2	139,222	-32,797	-11,602	-44,399	2,872	166,115
77	3	5	143,084	-33,025	-24,156	-57,181	2,406	165,649
78	2	11	137,278	-36,261	-15,014	-51,275	1,910	165,153
79	3	4	129,650	-46,335	-23,775	-70,110	1,299	164,542
80	2	13	128,571	-47,509	-22,816	-70,325	0,689	163,932
81	1	8	106,885	-55,141	-28,196	-83,337	0,000	163,243

f= valor fenotípico individual; a= efeito genético aditivo; d= efeito genético de dominância; e g= efeito genotípico.

Tendo em vista que, segundo Dudley e Moll (1969), o progresso esperado com a seleção depende da herdabilidade do caráter, da intensidade de seleção e do desvio padrão fenotípico do caráter, os valores obtidos sugerem boas possibilidades de ganho genético, e em maiores proporções, para PF.

Do total das 27 progênies, 12, ou seja, 44,44 % das progênies avaliadas, apresentaram para suas novas médias desempenho superior ao da média para o caráter NF (Tabela 5).

Tabela 5- Ordenação de 27 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo selecionadas via componentes de média para o caráter número de frutos (NF).

Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média
1	20	3,34	3,34	12,36
2	11	2,55	2,9463	11,9695
3	6	2,08	2,6609	11,684
4	8	2,08	2,5181	11,5413
5	14	1,99	2,4127	11,4359
6	2	1,89	2,326	11,3491
7	1	1,46	2,2028	11,226
8	10	1,39	2,1022	11,1254
9	5	1,36	2,0203	11,0435
10	3	0,77	1,8955	10,9187
11	18	0,54	1,7725	10,7956
12	17	0,21	1,6424	10,6656
13	27	-0,24	1,497	10,5201
14	22	-0,347	1,3652	10,3883
15	4	-0,413	1,2466	10,2698
16	9	-0,413	1,1429	10,166
17	25	-0,677	1,0358	10,0589
18	16	-0,907	0,9278	9,951
19	13	-1,006	0,826	9,8492

Cont. Tabela 5

Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média
20	21	-1,105	0,7294	9,7526
21	7	-1,368	0,6295	9,6527
22	15	-1,43	0,5357	9,5588
23	24	-1,467	0,4486	9,4717
24	19	-1,731	0,3578	9,3809
25	12	-2,455	0,2452	9,2684
26	26	-2,884	0,1249	9,148
27	23	-3,246	0,000	9,0231

a= efeito genético aditivo

Farias Neto et al. (2008), em trabalho visando a obter estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em cinquenta progênies de polinização aberta de açaizeiro, utilizando a metodologia BLUP/REML, com base nos caracteres altura do primeiro cacho, peso total do cacho, peso total de frutos, número de cachos, peso médio do cacho, comprimento médio da ráquis, número médio de ráquias, número de perfilhos e peso médio de cem frutos, observaram a possibilidade de ganho genético considerável de 45,33% em relação à média do experimento com a seleção dos 20 melhores indivíduos para o caráter produção total de frutos.

A progênie 20 ocupou a posição 1 no ranking, com nova média de 12,36 frutos, aumento de 27,00 % na média geral para o caráter. O segundo mais bem ranqueado foi o 11, com nova média de 11,9695 frutos, aumento de 24,61 % na média geral para o caráter. O último selecionado para a característica NF foi a progênie 17, na posição 12 no ranking, com nova média de 10,5201, aumento de 14,23 % na média geral para o caráter.

Para a característica peso total de frutos (PT), do total das 27 progênies, 15, ou seja, 55,55 % das avaliadas, apresentaram para suas novas médias desempenho superior ao da média para o caráter PT (Tabela 6).

A progênie 14 ocupou a posição 1 no ranking, com nova média de 2056,95, aumento de 29,54 % na média geral para o caráter. A mesma progênie, selecionada entre blocos (dentro), proporcionaria incremento de 33,22 % a mais na média para o caráter PT se comparada à mesma progênie sem levar em consideração a seleção dentro.

Tabela 6- Ordenação de 27 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo selecionadas via componentes de média para o caráter peso total de frutos (PT).

Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média
1	14	607,65	607,6551	2056,95
2	6	489,1383	548,3967	1997,69
3	20	488,4054	528,3996	1977,698
4	10	313,8464	474,7613	1924,059
5	5	292,6754	438,3441	1887,642
6	3	256,2165	407,9895	1857,288
7	1	192,8663	377,2576	1826,556
8	11	180,3673	352,6463	1801,944
9	8	141,0015	329,1302	1778,428
10	25	113,4751	307,5647	1756,863
11	18	109,4852	289,5575	1738,856
12	17	86,1767	272,6091	1721,907
13	2	75,5098	257,4476	1706,746
14	22	26,3075	240,9376	1690,236
15	9	16,7806	225,9938	1675,292
16	16	-146,643	202,704	1652,002
17	15	-147,335	182,1134	1631,411
18	21	-157,249	163,26	1612,558
19	24	-169,423	145,7504	1595,048
20	27	-204,09	128,2583	1577,556
21	4	-237,149	110,858	1560,156
22	19	-255,633	94,1993	1543,497
23	7	-279,044	77,9713	1527,269
24	13	-296,225	62,3798	1511,678
25	12	-467,384	41,1893	1490,487
26	26	-481,227	21,0964	1470,394
27	23	-548,506	0,000	1449,298

a= efeito genético aditivo

Na décima quinta posição no ranking, está a progênie 9, a última selecionada para a característica PT, com nova média de 1675,292, aumento de 13,49 % na média geral para o caráter.

Para a característica peso médio de frutos (PF), das 27 progênies, 16, ou seja, 59,26 % das avaliadas, apresentaram para suas novas médias desempenho superior ao da média para o caráter PF(Tabela 7). As plantas selecionadas foram 18,3% e 24,6% de híbridos comerciais de mamoeiro Tainung-F₂ e calimosa-F₂, respectivamente, utilizando metodologia de modelos mistos para as características comprimento do fruto, diâmetro do fruto, peso do fruto, firmeza de fruto e teor de sólidos solúveis totais(Oliveira et al., 2012).

Os incrementos na média observados vão de 18,24 % para o primeiro no ranking a 6,38 % para o último selecionado. A penúltima progênie (11) do ranking, com nova média de 164,4271, proporcionou aumento de 0,72 % na média geral para o caráter. A mesma progênie (11), selecionada entre blocos (dentro), proporcionaria incremento de 6,55 % a mais na média para o caráter.

Em seleção de progênies de acerola, via procedimento REML / BLUP individual, para rendimento, vitamina C, sólidos solúveis totais e de tamanho médio do fruto, Paiva et al. (2006) apresentaram resultados indicando a seleção de 39% das progênies (seleção entre progênies) e 11% das plantas (seleção dentro de progênies).

Tabela 7- Ordenação de 27 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo selecionadas via componentes de média para o caráter peso médio de frutos (PF).

Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média
1	25	36,4336	36,4336	199,6766
2	14	23,2104	29,822	193,0649
3	15	17,5728	25,7389	188,9819
4	3	14,8734	23,0225	186,2655
5	24	14,6503	21,3481	184,591
6	22	9,8131	19,4256	182,6685
7	19	8,2402	17,8277	181,0706
8	6	8,227	16,6276	179,8705
9	26	8,1467	15,6853	178,9282
10	16	8,0768	14,9244	178,1674
11	9	7,5084	14,2502	177,4932
12	5	6,4185	13,5976	176,8406
13	10	5,6628	12,9872	176,2302
14	17	4,0428	12,3483	175,5913
15	18	2,9105	11,7191	174,9621
16	23	2,2091	11,1248	174,3677
17	21	-0,8326	10,4214	173,6643
18	12	-2,3445	9,7122	172,9551
19	1	-6,6722	8,8498	172,0928
20	7	-7,116	8,0516	171,2945
21	20	-12,058	7,0939	170,3369
22	27	-17,090	5,9946	169,2376
23	4	-21,344	4,806	168,0489
24	8	-25,695	3,5351	166,778
25	13	-26,571	2,3308	165,5737
26	11	-27,482	1,1841	164,4271
27	2	-30,787	0,000	163,243

a= efeito genético aditivo

Avaliando o coeficiente de coincidência entre as progênes para as três características NF, PT e PF, tomando por base o efeito genético aditivo positivo para PT (característica mais importante em termos de produção), que corresponde às 15 progênes mais bem ranqueadas (Tabela 8). Sendo a mesma quantidade e progênes observadas para NF e PF.

Tabela 8- Coeficiente de coincidência, nova média e incremento na média para os caracteres número de frutos (NF), peso total (PT) e peso médio de fruto (PF), para as 15 melhores progênes ranqueadas via BLUP.

	Características			Coeficiente de coincidência (%)
	NF	PT	PF	
Progênes	1, 2, 3, 4, 5, 6, 8, 10, 11, 14, 17, 18, 20, 22, 27	1, 2, 3, 5, 6, 8, 9, 10, 11, 14, 17, 18, 20, 22, 25	3, 5, 6, 9, 10, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 22, 24, 25, 26	53,33
Nova média (8 coincidentes)	11,0071	1884,3278	180,6867	
Incremento na média (%)	18,0247	23,0867	9,6541	

Tendo em vista que o coeficiente de coincidência revela a concordância do resultado da seleção entre as progênes, ele mostra que, para as três características avaliadas, as mesmas 8 progênes são superiores para as três características, simultaneamente. Selecionando as 8 progênes coincidentes para os 3 caracteres, obtém-se incremento de 18,02 %, 23,08 % e 9,65 % para NF, PT e PF, respectivamente.

Embora tenha sido encontrada uma alta concordância entre as características NF e PT, na ordem de 86,66%, optou-se por utilizar as informações das três características para fazer a seleção, visto que a característica PF, associada à melhor qualidade do fruto, está relacionada com uma melhor remuneração pelos frutos, podendo alcançar preços até 150% superiores aos obtidos com a comercialização de frutos de classes inferiores (MELETTE et al., 2001).

3.1.5. CONCLUSÕES

A análise do experimento via metodologia REML/BLUP e o modelo apresentado mostraram-se adequados para a avaliação do Maracujazeiro amarelo, possibilitando obter estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, que revelaram a possibilidade de sucesso com a seleção de progênes superiores, com ganhos simultâneos de 18,02%, 23,08% e 9,65% para NF, PT e PF, respectivamente.

3.2. ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE MARACUJAZEIRO AMARELO (*Passiflora edulis Sims*) VIA WARD-MLM

3.2.1. INTRODUÇÃO

A fruticultura é uma alternativa viável à monocultura canavieira na região Norte Fluminense em função das condições edafoclimáticas e da proximidade com instalações portuárias (Filho et al., 2009).

O maracujazeiro apresenta algumas características interessantes sob o ponto de vista socioeconômico, pois sua receita é distribuída ao longo de todo o ano durante a safra, permitindo assim não só aumentar o lucro, como também distribuí-lo melhor (Leite et al., 1994).

A família Passifloraceae exibe um número expressivo de espécies, sendo o gênero *Passiflora* constituído por cerca de 530 espécies tropicais e subtropicais, das quais 150 são nativas do Brasil (Oliveira et al., 1994). Segundo Cunha et al. (2002), cerca de 70 espécies do gênero produzem frutos comestíveis. Entre as espécies exploradas comercialmente no Brasil, o maracujazeiro amarelo ou azedo (*Passiflora edulis Sims*) representa 95% da área cultivada (Frupep, 1996; Meletti, 2000; Bruckner et al., 2002), os 5% restantes têm importância regionalizada e comercialização restrita, como o maracujá-doce (*P. alata*), o maracujá-roxo (*P. edulis f. edulis*), o maracujá-melão (*P. quadrangularis*), entre outros (Souza e Meletti, 1997).

As principais diferenças entre o maracujá amarelo (*Passiflora edulis Sims*) e o maracujá roxo (*Passiflora edulis*), as principais espécies cultivadas do gênero,

são a coloração do fruto, sabor, características foliares e resistência às doenças (Martin e Nakasone, 1970). As principais espécies do gênero são diploides ($2n=2x=18$ cromossomos), alógamas e autoincompatíveis (Martin e Nakasone, 1970).

A quantificação da diversidade genética possibilita a identificação de genótipos superiores ou mais bem adaptados, bem como a indicação dos melhores cruzamentos a serem realizados, objetivando uma maior ocorrência de efeitos heteróticos na geração híbrida.

Várias técnicas são empregadas nos programas de melhoramento genético visando à identificação da divergência genética entre os indivíduos. Estas ferramentas podem ser clássicas ou biotecnológicas (Oliveira et al., 2008). O procedimento MLM (*Modified Location Model*), proposto por Franco et al. (1998), é uma estratégia interessante para quantificar a variabilidade, usando variáveis quantitativas e qualitativas. A estratégia MLM tem dois estágios. No primeiro, o método de agrupamento Ward (Ward Junior, 1963) define os grupos por meio da matriz de dissimilaridade de Gower (Gower, 1971). No segundo, a média do vetor das variáveis quantitativas é estimada por MLM, independentemente do valor das variáveis qualitativas. Este procedimento tem sido utilizado em várias culturas, como pimenta (Sudré et al., 2010), feijão (Barbé et al., 2010; Cabral et al., 2010), tomate (Gonçalves et al., 2009) e bananeira (Pestana et al., 2011).

O presente trabalho teve como objetivo estimar a diversidade genética entre 81 progênies de irmãos completos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis Sims*), cultivados no município de Campos dos Goytacazes, estado do Rio de Janeiro, por meio do procedimento Ward-MLM, utilizando informações advindas de variáveis quantitativas e qualitativas, visando a agrupar e a identificar genótipos promissores para a utilização em programas de melhoramento.

3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

ASPECTOS GERAIS DA CULTURA

O gênero *Passiflora* é o mais importante da família *Passifloraceae*, apresentando maior importância econômica das espécies (Bellon, 2008).

As espécies do gênero *Passiflora* são cultivadas para os mais diversos fins, entre eles, ornamentais, medicinais ou pela qualidade de seus frutos comestíveis para a alimentação, ou ainda com finalidade múltipla (Martins et al., 2001; Cunha et al., 2004).

A planta do maracujazeiro é uma trepadeira lenhosa de grande porte, podendo atingir comprimento superior a 10 m. O caule na base é lenhoso e bastante lignificado, diminuindo o teor de lignina à medida que se aproxima do ápice da planta que, em geral, é semiflexível. Do caule, surgem as gavinhas, folhas, gemas e brácteas (Teixeira, 1994; Silva e São José, 1994). Na axila de cada folha trilobada, há uma gavinha, uma gema florífera e uma gema vegetativa.

As flores são hermafroditas e protegidas por brácteas foliares, tendo um colorido atraente com abundância de néctar. Os estames são em número de cinco, presos a um androginóforo colunar, bem desenvolvido. As anteras são grandes e mostram um grande número de grãos de pólen pesados de coloração amarelada. A parte feminina é representada por três estigmas, que variam com relação à sua curvatura, característica que promove reflexos diferentes na polinização. As flores abrem-se uma única vez por volta das 12h, permanecendo assim até o início da noite, devendo ser polinizadas neste período (Manica, 1981; Ruggiero et al., 1996).

O fotoperíodo, a temperatura do ar e a umidade do solo, de acordo com Cavichioli et al. (2006), são fatores determinantes na produção do maracujazeiro amarelo por interferirem nas fases de floração e frutificação. Souza et al. (2012), estudando a fenologia reprodutiva do maracujazeiro no município de Campos dos Goytacazes, estado do Rio de Janeiro, verificaram que, para as condições em estudo, a variação da temperatura apresentou alta correlação com o número de flores (0,87), indicando que este é um agente que interfere de forma fundamental no florescimento do maracujazeiro.

O sistema radicular apresenta uma raiz central pivotante ou axial mais grossa que as demais. O volume da maioria das raízes finas concentra-se num raio de 0,50 m em torno do tronco da planta, na profundidade de 0,30 m a 0,45 m (Manica, 1981; Silva e São José, 1994; Souza e Meletti, 1997). De acordo com Kliemann et al. (1986), o sistema radicular do maracujazeiro apresenta 3 fases de crescimento: do plantio até os 210 dias, o crescimento é lento, com reduzida produção de matéria seca; dos 210 aos 300 dias, há uma rápida expansão das raízes; e, a partir dos 300 dias, o crescimento praticamente se estabiliza.

RECURSOS GENÉTICOS

O primeiro passo em qualquer programa de melhoramento é a escolha adequada do germoplasma, de forma a potencializar o sucesso com a seleção (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Para tanto, o germoplasma deve ser caracterizado para se terem informações básicas sobre características importantes inerentes à planta e ao fruto (Dantas et al., 2001).

Os Bancos de Germoplasma (BAGs) são importantes estruturas no estabelecimento de um programa de melhoramento de *Passiflora*. A criação e a manutenção de Bancos de Germoplasma (BAGs) ou no mínimo de coleções de trabalho, compostos do maior número de espécies possível, são necessárias.

A preservação de germoplasma no Brasil tem sido feita em BAGs (Bancos Ativos de Germoplasma), a maioria deles instalados e mantidos por instituições públicas de pesquisa. Os principais BAGs nacionais estão localizados na Unesp, em Jaboticabal (SP); no Instituto Agrônomo, em Campinas (SP); no Iapar, em Londrina (PR); na Embrapa Cerrados/UnB, em Planaltina (DF); na Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas (BA); na UESB, em Vitória da Conquista (BA); e no Instituto Plantarum, em Nova Odessa (SP). A Tabela 1 apresenta acessos de *Passiflora edulis* e *Passiflora* spp. mantidos em diversos países, e a Tabela 2 mostra acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Maracujazeiro da Embrapa Mandioca e Fruticultura em Cruz das Almas, BA.

Muitas espécies dessas coleções têm sido caracterizadas (Meletti et al., 1992, 1997) e/ou perdidas, devido a condições climáticas adversas em algumas regiões e à incidência de patógenos limitantes em outras. Por isso, parte dessas coleções vem sendo mantida na forma de sementes, em câmaras frias e secas.

No caso de *P. edulis*, em que a vida útil da semente tem sido considerada de apenas um ano, esse método não traz vantagens (Meletti e Brückner, 2001).

Algumas espécies têm sido mantidas *in vitro*, mediante técnicas de cultura de tecidos. Há equipes integradas por profissionais especializados em desenvolver as técnicas necessárias ao estabelecimento de cada espécie, com aplicação imediata, redução de custo e necessidade mínima de espaço, o que tem feito com que essa técnica venha ganhando força e adeptos entre os mantenedores dos BAGs nacionais (Otoni et al., 1995; Passos et al., 2004).

Tabela 1 - Acessos de *Passiflora edulis* e *Passiflora* spp. mantidos em diversos países (Ferreira, 1998).

País	Instituição-Local	<i>Passiflora edulis</i>	<i>Passiflora</i> spp.	Total
Austrália	DPI - Nambour	4	10	14
Brasil	CNPMF – Cruz das Almas	20	25	45
Brasil	IAC- Jundiá	-	56	56
Brasil	Iapar- Londrina	7	78	85
Brasil	Unesp- Botucatu	1	1	2
Brasil	Unesp-Jaboticabal	7	35	42
Camarões	IRA - Njombe	2	-	2
Chile	UAC - Valdivia	-	2	2
Colômbia	ICA - Palmira	7	-	2
Costa Rica	CATIE - Turrialba	4	9	13
Cuba	DICOF - Havana	2	2	4
Chile	ARI - Nicosia	1	-	1
Equador	INIAP - Postoviejo	5	3	8
Equador	INIAP - Quito	5	3	8
França	CIRAD- Guadalupe	5	22	27
França	IRFA - Reunião	-	7	7
Gana	PGRU - Bunso	1	-	1
Jamaica	RDD/MA - Kingston	-	16	16
Quênia	NGK - Kikuyu	2	-	2
Malawi	BARS - Limbe	-	3	3
Nicarágua	UNA - Managua	5	-	5
Papua Nova Guiné	DPI - Keravat	-	2	2

Cont. Tabela 1

País	Instituição-Local	<i>Passiflora edulis</i>	<i>Passiflora</i> spp.	Total
Peru	UNA - Lima	16	-	16
Filipinas	UPLB - Laguna	3	3	6
África do sul	DATS - Pretoria	4	3	7
Taiwan	TARI - Chia-yi	2	4	6
Taiwan	TARI - Kaohsiung	2	-	2
EUA	USDA/ARS - Hilo	16	5	21
EUA	USDA/ARS - Ames	-	1	1
EUA	USDA/ARS - Miami	51	140	191
Uruguai	UR/FA- Montevideo	-	2	2
Total		172	432	604

Tabela 2 - Acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Maracujazeiro da *Embrapa Mandioca e Fruticultura*. Cruz das Almas, BA.

Acesso	Procedência
01 - <i>Passiflora suberosa</i>	Unesp/Jaboticabal
02 - <i>P. cincinnata</i> , cv. <i>Cincinnata</i>	Unesp/Jaboticabal
03 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg	Unesp/Jaboticabal
04 - <i>P. alata</i> Ait	Unesp/Jaboticabal
05 - <i>Passiflora</i> sp. EP18	Unesp/Jaboticabal
06 - <i>P. nitida</i> (maracujá suspiro)	Unesp/Jaboticabal
07 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg. (miúdo de Lavras)	Unesp/Jaboticabal
08 - <i>P. giberti</i> , N.E. Brown	Unesp/Jaboticabal
09 - <i>Passiflora</i> sp. (Murcielago)	Unesp/Jaboticabal
10 - <i>P. serrato digitata</i>	Unesp/Jaboticabal
11 - <i>P. coccinea</i>	Unesp/Jaboticabal
12 - <i>P. foetida</i>	Unesp/Jaboticabal
13 - <i>P. incarnata</i>	Unesp/Jaboticabal
14 - <i>P. laurifolia</i>	Unesp/Jaboticabal
15 - <i>P. setacea</i>	Unesp/Jaboticabal
16 - <i>P. caerulea</i>	Unesp/Jaboticabal
17 - <i>P. edulis</i> Sims (arroxeadado)	Unesp/Jaboticabal
18 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg.	Araguari-MG
19 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg.	Prof. J. Oliveira-BA

Cont. Tabela 2

Acesso	Procedência
20 - <i>P. edulis</i> Sims	Unesp/Jaboticabal
21 - <i>P. caerulea</i>	Unesp/Jaboticabal
22 - <i>P. edulis</i> Sims (roxinho do Kenia)	Chapada Diamantina-BA
23 - <i>P. edulis</i> Sims (roxinho)	Cenargen/Brasília-DF
24 - <i>P. alata</i> Ait (doce miúdo, gema de ovo)	Cenargen/Brasília
25 - <i>P. edulis</i> Sims (Roxo Mogi)	Cenargen/Brasília
26 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg. (Mahenene)	Cenargen/Brasília
27 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg. (Maracujina)	Cruz das Almas-BA
28 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg.	Cajuba-Nova Soure-BA
29 - <i>Passiflora</i> sp. (Chileno) EPAGRI/E.E/-Urussunga-SC	Epagri/E.E/-Urussunga-SC
30 - <i>P. alata</i> Ait (maracujá doce)	Epagri/E.E/-Urussunga-SC
31 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg.	UESB/Vit. Conquista-BA
32 - <i>P. maliformis</i>	Iapar/Londrina
33 - <i>P. alata</i> Ait x <i>P. macrocarpa</i>	Iapar/Londrina
34 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg. x <i>P. sanguinea</i>	Iapar/Londrina
35 - <i>P. macrocarpa</i>	Iapar/Londrina
36 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg.	Iapar/Londrina
37 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg. (casca grossa)	CPATU/Belém
38 - <i>P. edulis</i> Sims. f. <i>flavicarpa</i> Deg. (casca fina)	CPATU/Belém
39 - <i>Passiflora</i> sp.	Araripina-PE
40 - <i>Passiflora</i> sp. (Perrucha)	Cruz das Almas-BA
41 - <i>P. edulis</i> Sims f. <i>flavicarpa</i> Deg. (amarelo miúdo)	Cenargen/Brasília-DF
42 - <i>P. edulis</i> Sims (roxo x amarelo)	Cenargen/Brasília-DF
43 - <i>P. edulis</i> Sims (roxo Madeira)	Cenargen/Brasília-DF
44 - <i>P. edulis</i> Sims (roxo Austrália)	Cenargen/Brasília-DF
45 - <i>P. alata</i> Ait	Ibiapurê-CE

Mais recentemente, trabalhos de criopreservação de sementes de Passifloráceas estão sendo desenvolvidos, visando à manutenção da diversidade das espécies por um tempo mais longo, na forma de sementes, a fim de reduzir os custos e as perdas comuns aos BAGs (Meletti et al., 2004). Nesse caso, o mais importante é verificar as condições das sementes após submissão a temperaturas tão baixas, de forma a garantir sua viabilidade e a manutenção das características genéticas das espécies.

A existência de um grande número de patógenos como vírus e bactérias, além das doenças radiculares que acometem a cultura do maracujá e que atualmente não dispõem de controle químico satisfatório, tem levado à incorporação de resistência genética advinda de espécies relacionadas. A resistência à bactéria *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae* foi encontrada em *Passiflora setacea*, *P. giberti*, *P. foetida*, *P. laurifolia* e *P. maliformis* (Kuroda, 1981; Barbosa, 1995). *P. suberosa*, *P. incarnata*, *P. macrocarpa* e o chamado maracujá-mirim mostraram resistência ao vírus do mosaico do maracujá-roxo (Oliveira et al., 1994). Resistência a *Fusarium oxysporum* f. *passiflorae* foi encontrada em *P. giberti* (Oliveira, 1987), *P. alata* (Yamashiro & Landgraf, 1979) e *P. caerulea* (Grech e Rijkenberg, 1991). *P. caerulea* mostrou também resistência à *Phytophthora* (Grech & Rijkenberg, 1991). Resistência ao nematoide *Meloidogyne incognita* foi encontrada em *P. caerulea*, *P. edulis*, *P. cincinnati* e *P. macrocarpa* (Klein et al., 1984; Silva Jr. et al., 1988).

A desuniformidade na germinação das sementes de espécies silvestre é outro problema para sua manutenção. Há um longo período de dormência, natural ou induzida, que impede a obtenção de material de propagação em quantidade suficiente para a maioria dos estudos sobre espécies em que o período de viabilidade é conhecido, e para a maioria das espécies não se conhece o período de viabilidade. Diferentes métodos de quebra de dormência devem ser empregados, visando à maior e à melhor utilização das sementes das espécies não comerciais (Meletti et al., 2002).

MELHORAMENTO DO MARACUJAZEIRO

O mercado do maracujazeiro está associado ao produto a ser considerado (fruto, folhas ou sementes) e à região de cultivo (Meletti et al., 2003). O melhoramento do maracujazeiro deve, portanto, atender as exigências do mercado a que se propõe integrar.

A melhoria da qualidade e da produtividade do maracujazeiro para seus diferentes produtos pelo desenvolvimento de material genético adaptado às regiões de cultivo se justifica economicamente, pois o lucro está estreitamente relacionado com essas variáveis. Um exemplo interessante ocorre com relação à classificação do fruto: a remuneração pela melhor qualidade pode chegar a

preços até 150% superiores aos obtidos com a comercialização de frutos de classe inferior (Meletti et al., 2000).

O primeiro passo em qualquer programa de melhoramento é a escolha adequada do germoplasma de forma a potencializar o sucesso com a seleção (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Para tanto, o germoplasma deve ser caracterizado para se terem informações básicas sobre características importantes inerentes à planta e ao fruto (Dantas et al., 2001).

O maracujazeiro tem sido pouco estudado citologicamente (mesmo sendo este um conhecimento de base para o desenvolvimento dos programas), visto que, entre as 450 espécies descritas, existem estudos cromossômicos de apenas 30%, em sua maioria restringindo-se à contagem do número cromossômico (Soares-Scott, 2005).

Sendo o maracujazeiro uma planta alógama, vários métodos são possíveis de serem aplicados no seu melhoramento. Entre eles, Oliveira e Ferreira (1991) citam a introdução de plantas, a seleção massal, a hibridação e a seleção com teste de progênie, objetivando aumento da frequência de genes favoráveis e explorando o vigor híbrido (Bruckner, 1997). O aumento da frequência de genes favoráveis pode ser pela seleção massal ou pela seleção com teste de progênies, já o vigor híbrido é explorado por meio de híbridos, variedades sintéticas ou compostos (Albuquerque, 2001).

Estudos iniciados em 1998, com a coleta inicial de vários genótipos em três regiões produtoras e distintas do Estado do Rio de Janeiro, deram início ao programa de melhoramento genético do maracujazeiro na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (Viana et al., 2003, 2004). Alicerçado nesse trabalho, foi feita uma amostragem mais ampla em áreas comerciais da região Norte Fluminense e, por meio do delineamento genético I de Comstock & Robinson (1948), obteve-se um maior número de progênies. Com base nos resultados destas análises, optou-se pela elaboração de um programa de seleção recorrente intrapopulacional (Gonçalves, 2005; Gonçalves et al., 2007, 2008 e 2009).

Silva et al. (2009), ao avaliarem 26 progênies de meios-irmãos provenientes de recombinação da população UENF/MA₁ do programa de seleção recorrente, observaram que a estratégia de seleção na fase de geração de progênies permitiu a obtenção de ganhos genéticos, tendo em vista que no

maracujazeiro amarelo há possibilidade de seleção também na fase de geração das progênes (população melhorada), além da fase de avaliação (fase de teste).

O processo de seleção no maracujazeiro apresenta aspectos interessantes para o melhoramento como a seleção poder ser feita antes ou depois do florescimento, assim como em outras culturas. Se a seleção ocorrer apenas no sexo feminino, o progresso esperado por ciclo de seleção será menor, já que a polinização aberta permite que grãos de pólen de plantas com características que não sejam de interesse participem da polinização. No caso de eliminação de progênes não selecionadas antes do florescimento, o cruzamento será apenas entre progênes selecionadas, o que resulta na ampliação do progresso esperado. Outro aspecto é a sobreposição de gerações, que permite que plantas que geraram as progênes selecionadas possam ser utilizadas na recombinação.

Da população UENF/MA₁, desenvolvida pelo programa de melhoramento genético do maracujazeiro amarelo da Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro, foram obtidas 111 famílias de irmãos completos (FIC) (Silva et al., 2009). Estas FIC, juntamente com duas testemunhas, representadas pelas cultivares comerciais BRS Sol do Cerrado, BRS Gigante Amarelo, foram avaliadas no município de Terra Nova do Norte, estado do Mato Grosso, por Krause et al. (2012), que observaram altos valores médios para as características e parâmetros genéticos avaliados nas 26 FIC e nas quatro testemunhas selecionadas. O uso do índice de seleção proporcionou ganhos genéticos positivos em produtividade, percentagem e peso de polpa, comprimento, diâmetro e peso de frutos e espessura de casca.

Oliveira e Ferreira (1991) apresentam a seleção massal como uma alternativa que tem apresentado resultados satisfatórios na cultura do maracujazeiro, visto esta ser de cultivo recente e pouco submetida a pressões de seleção, apresentando ainda boa variabilidade para ser selecionada. Segundo Oliveira (1980), no maracujazeiro amarelo a seleção massal é eficiente para produção, formato do fruto, teor de suco, teor de sólidos solúveis e vigor vegetativo. A Maguary, mais cultivada em Minas Gerais, a seleção Sul-Brasil, cultivada em São Paulo, e a seleção *Golden Star*, disseminada principalmente no Rio de Janeiro e Espírito Santo, são exemplos de seleção massal feita por produtores ou empresas do ramo, que resultou no surgimentos dessas populações com características interessantes (Piza Júnior, 1998).

Utilizando seleção massal estratificada por dois ciclos em maracujazeiro, Cunha (2000) obteve ganhos de 100% em relação à característica número de frutos, quando comparadas com as plantas não selecionadas.

Maluf et al. (1989), buscando obter plantas produtivas e com um padrão superior de frutos, estudaram o ganho genético via seleção clonal em genótipos de maracujazeiro amarelo e concluíram que existe maior variabilidade genética para a produção total e para peso de frutos do que para teor de sólidos solúveis e porcentagem de polpa.

A seleção com teste de progênie pode ser feita com progênie de meios-irmãos ou irmãos completos. Progênie de meios-irmãos podem ser facilmente obtidas coletando-se um fruto por planta selecionada, sendo o progenitor feminino conhecido e o masculino desconhecido. No caso de irmãos completos, há necessidade de polinização controlada entre plantas selecionadas (Bruckner, 1997).

A heterose é mais bem explorada em híbridos, que podem ser obtidos de linhagens endogâmicas selecionadas, variedades de polinização aberta, clones ou outras populações divergentes (Allard, 1999).

De acordo com Hallauer e Miranda Filho (1988), compostos podem ser produzidos por cruzamentos, em todas as combinações possíveis, entre variedades ou populações de polinização livre, com boa capacidade de combinação. Os compostos podem ser considerados como boa opção de melhoramento para o maracujazeiro, em que a maior produtividade pode ser combinada com maior eficiência na polinização, diminuindo os efeitos da incompatibilidade, sendo que suas sementes podem ser multiplicadas pelo produtor.

Meletti et al. (2000) estudaram o comportamento de oito híbridos de maracujazeiro, obtidos em sucessivos ciclos de seleção recorrente, a partir de indivíduos preselecionados em pomares comerciais. A melhor combinação para as diversas características estudadas resultou na seleção dos híbridos "IAC-3", "IAC-5" e "IAC-7", sendo essas três seleções reunidas no "Composto IAC-27", que foi lançado como cultivar em 1998.

Para o maracujá amarelo, já foram desenvolvidos 5 mapas, os primeiros utilizando a estratégia *pseudo cruzamento teste* e marcadores RAPD (Carneiro et al., 2002) e AFLP (Lopes et al. 2006), em que foi alocado o primeiro loco

quantitativo associado à resposta da população à infecção por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*.

Oliveira et al. (2008) publicaram recentemente o primeiro mapa genético integrado de maracujá-amarelo, utilizando marcadores AFLP e SSR.

Em trabalho visando a estimar a variabilidade genética em dois ciclos de seleção recorrente e avaliar o impacto da seleção nas progênies selecionadas via alterações nas frequências alélicas, detectadas com uso de marcadores microssatélites, Reis et al. (2011) observaram altos índices de heterozigosidade e pequena perda de variabilidade.

ANÁLISE DA DIVERSIDADE NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

A diversidade genética é a distância genética entre populações, indivíduos ou organismos, tomando por base uma série de características, que podem ser morfoagronômicas, fisiológicas, bioquímicas, polimorfismo de DNA, entre outras (Amaral Júnior et al., 2010).

As características ou variáveis podem ser quantitativas ou qualitativas. As variáveis quantitativas referem-se a quantidades e podem ser medidas em uma escala numérica.

As variáveis qualitativas referem-se a dados não numéricos. Porém variáveis qualitativas ordinais, ou seja, aquelas que definem um ordenamento, uma hierarquia ou uma escala, podem ser associadas a valores numéricos, como, por exemplo, 1, 2, 3 para diferentes categorias, podendo ser analisados como se fossem variáveis quantitativas (Sneath e Sokal, 1973). As qualitativas binárias são aquelas que apresentam dois resultados possíveis, presença ou ausência de uma determinada característica, tal como presença ou ausência de espinhos. As variáveis qualitativas são ditas multicategóricas quando existem mais de duas categorias ou classes mutuamente exclusivas, podendo, por exemplo, ser empregadas com particularidades morfológicas do fruto, como formato e a coloração.

A identificação da divergência genética entre indivíduos pode ser obtida pelo emprego de ferramentas clássicas ou biotecnológicas, segundo Oliveira et al. (2008). Cruz e Carneiro (2006) afirmam que o grau de diversidade genética entre genitores é expresso por meio de métodos preditivos que tomam por base

diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificando-as em alguma medida de dissimilaridade.

Segundo Hair et al. (2005), as características de cada objeto são unidas em uma medida de semelhança, que pode ser de similaridade ou dissimilaridade, calculada para todos os pares de objetos, permitindo a comparação de qualquer objeto com outro pela medida de similaridade e a associação dos objetos semelhantes por meio da análise de agrupamento.

A análise de agrupamento é uma técnica usada para classificar objetos em grupos relativamente homogêneos chamados de agrupamentos. Assim, os objetos em cada agrupamento tendem a ser semelhante entre si, mas diferentes de objetos em outros agrupamentos.

Na aplicação da análise de agrupamento, três questões fundamentais devem ser consideradas: primeira, como será medida a similaridade das variáveis; segunda, como formar os agrupamentos; e, por fim, como decidir quantos grupos formar.

A diversidade genética pode ser estimada por meio de técnicas multivariadas que permitem combinar múltiplas informações, possibilitando a caracterização dos genótipos com base em um conjunto de variáveis. Diferentes procedimentos estatísticos podem ser utilizados, entre eles estão a distância generalizada de Mahalanobis, as variáveis canônicas e os componentes principais, além da distância euclidiana e de Gower. A escolha do método é função da precisão desejada, da facilidade de análise e interpretação dos resultados e da forma de obtenção dos dados (Cruz & Carneiro, 2006). Esses estudos normalmente são complementados pelos métodos aglomerativos e hierárquicos de agrupamento, como o método de Tocher e a média das distâncias (UPGMA), respectivamente.

A quantificação da diversidade genética possibilita a identificação de genótipos superiores ou mais bem adaptados, bem como a indicação dos melhores cruzamentos a serem realizados, potencializando o uso destes recursos.

Segundo Souza e Meletti (1997), é possível e recomendável utilizar a variabilidade genética natural da espécie comercial *P. edulis* f. *flavicarpa* em programas de melhoramento genético, com significativos ganhos genéticos.

Utilizando peso de fruto, número médio de frutos, comprimento e largura dos frutos, espessura da casca, teor de graus brix, teor de acidez e rendimento de suco, Viana et al. (2002) avaliaram a diversidade morfoagrônoma em populações de maracujazeiro amarelo, para identificar populações superiores que seriam implantadas no programa de melhoramento da Universidade Estadual do Norte Fluminense.

Com o objetivo de iniciar um programa, Viana et al. (2004) coletaram materiais em três municípios do Estado do Rio de Janeiro e estimaram parâmetros genéticos para os caracteres produção e qualidade do fruto e observaram variabilidade e herdabilidade altas, ficando evidente a possibilidade de se praticar melhoramento.

A variabilidade genética em progênies de maracujazeiro foi estimada em trabalho desenvolvido por Reis et al. (2011), com o propósito de avaliar o impacto da seleção sobre sua variabilidade. Para tanto, foram utilizados marcadores microssatélites e observados altos índices de heterozigosidade e pequena perda de variabilidade.

Entre os vários métodos multivariados que podem ser aplicados no estudo da diversidade genética, destacam-se técnicas como a Ward MLM (Modified Location Model), proposta por Franco et al. (2008). Este procedimento tem sido utilizado para finalidades diferentes e com várias culturas como o milho (Gutiérrez et al., 2003; Franco et al., 2005; Ortiz et al., 2008), nabo forrageiro (Padilha et al., 2005.) e feijão-vagem (Barbé et al., 2010).

ESTRATÉGIA WARD MLM

O procedimento Ward-MLM (*Modified Location Model*), também conhecido como método de variância mínima, foi proposto por Franco et al. (1998) e tem sido utilizado para a análise combinada de dados multicategóricos, quantitativos e moleculares. Ele permite a formação de grupos, maximizando a homogeneidade dentro destes grupos.

O modelo LM (Location Model) ou modelo de localização foi proposto por Olkin e Tate (1961) para analisar uma série de variáveis em conjunto e classificar n indivíduos, quando p variáveis contínuas e q variáveis discretas são mensuradas em um ambiente (Ortiz et al., 2008). O LM combina os níveis de

todos os q em uma única variável multinomial w , com níveis m ($w= 1, 2, 3, \dots, m$). A definição do número de grupos neste modelo se dá através de função logarítmica da probabilidade (Log-Likelihood), de acordo com os critérios do pseudo-F e pseudo- t^2 , combinando o perfil da verossimilhança com o teste da razão da verossimilhança (Franco et al., 2008).

O modelo MLM assume que m níveis de w variáveis e p variáveis multinormais, para cada subpopulação, são independentes.

A estratégia Ward-MLM pode ser dividida em duas fases distintas. A primeira consiste na geração de agrupamentos pelo Método de variância mínima entre os grupos propostos por Ward (1963), utilizando a matriz de dissimilaridade fornecida pelo método de Gower (Gower, 1971). Na segunda fase, a média do vetores das variáveis quantitativas para cada subpopulação, independentemente dos valores de W , é estimada pelo procedimento MLM (Cabral et al., 2010; Franco et al., 2003; Franco; Crossa, 2002). Esta estratégia permite definir o número ideal de grupos e calcular a média de grupos, com alta precisão, utilizando todas as informações disponíveis sobre os genótipos, tanto das variáveis quantitativas quanto qualitativas (Crossa; Franco, 2004).

O procedimento Ward-MLM tem sido empregado utilizando diferentes tipos de informações. Características morfológica, agrônômica e moleculares foram utilizadas em estudo de divergência genética em acessos de tomate (*Solanum lycopersicum*) por Gonçalves et al. (2009), Sudre et al. (2010) utilizaram informações morfológicas e quantitativas para avaliar a variabilidade genética em *Capsicum* spp e Cabral et al. (2010) avaliaram a divergência entre acessos de feijão por suas características agrônômicas, morfológicas e moleculares.

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

OBTENÇÃO DAS PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS

As progênies de irmãos completos avaliadas foram obtidas por meio de cruzamentos combinados, envolvendo 27 progênies de meios-irmãos alocadas em experimento com repetição. Dessa forma, foram obtidas as 81 combinações

que foram avaliadas em experimento, no delineamento em látice quadrado simples.

O primeiro passo para a realização dos cruzamentos foi a identificação ainda pela manhã dos botões de cada um dos dois genótipos (materno e paterno) predefinidos e que estariam aptos a serem utilizados no dia, ou seja, botões próximos a antese sendo estes marcados e ensacados com sacos de papel, para evitar a polinização indesejada de insetos polinizadores. Após a abertura das flores, que se deu por volta do meio dia, a proteção foi retirada e os grãos de pólen foram transferidos para o estigma com um pincel, sendo em seguida as flores novamente ensacadas para evitar contaminações por grãos de pólen estranhos. Estas flores foram então marcadas com etiquetas constando os dados do cruzamento. No dia seguinte a esse procedimento, os sacos de papel foram retirados para que, em decorrência da movimentação devida ao vento, eles não acabassem provocando a queda das flores. Quinze dias após estes procedimentos, os frutos foram ensacados com sacos de nylon para que, com o amadurecimento, eles caíssem no saco e assim pudessem ser facilmente identificados.

Os frutos oriundos de recombinação, após 50 a 60 dias do cruzamento, foram colhidos e suas sementes lavadas, secas e armazenadas em geladeira. As sementes das progênes recombinações, que são progênes de irmãos completos, foram plantadas em outubro/novembro de 2011 e avaliadas durante o ano de 2012.

DESCRIÇÃO DO EXPERIMENTO E DELINEAMENTO

O experimento foi instalado na área de experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, município de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, com latitude sul de 21° 45', longitude 41° 20' W e 11 m de altitude, classificada como tropical chuvoso, clima de bosque, precipitação média anual de 1023 mm, evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23°C.

O sistema de condução foi o de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m, espaçados de 4 metros e com um fio de arame número 12 a partir de 1,80m do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 m para possibilitar a mobilização

de máquinas dentro do experimento. Os tratos culturais empregados foram os recomendados para a cultura do maracujazeiro (Manica, 1981). O delineamento estatístico utilizado foi látice quadrado simples, com duas repetições, e parcela constituída de 3 plantas.

CARACTERÍSTICAS AVALIADAS

As características avaliadas foram:

Características quantitativas:

✓ Número de dias para o florescimento (NDF)

Obtido por meio da contagem do número de dias transcorridos desde o plantio em campo até o aparecimento da primeira flor na parcela.

✓ Número de frutos por parcela (NF)

Obtido pela contagem de todos os frutos na parcela da primeira florada.

✓ Peso médio de frutos em gramas (PF)

Os frutos provenientes de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo das estações do ano foram pesados em balança digital.

✓ Peso total de frutos por parcela (PT)

Os frutos provenientes de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo das estações do ano foram pesados em balança digital.

✓ Comprimento médio de frutos em mm (CF)

Os frutos provenientes de amostras de dez frutos por parcela foram medidos nas dimensões longitudinais dos frutos, com utilização de paquímetro digital.

✓ Largura média de frutos em mm (LF)

Os frutos provenientes de amostras de dez frutos por parcela foram medidos nas dimensões transversais com utilização de paquímetro digital.

✓ Espessura média de casca em mm (EC)

A espessura de casca foi determinada por meio de medição de quatro pontos da casca na porção mediana dos frutos (cortados transversalmente, no sentido de maior diâmetro), com utilização de paquímetro digital, tendo sido utilizadas amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo do ciclo produtivo.

✓ Peso de polpa (PP)

Foram pesadas as polpas (sementes com arilo) de amostras de dez frutos por parcela.

✓ Teor de sólidos solúveis (SS)

Após a obtenção da pesagem da polpa, ela foi pipetada e duas gotas utilizadas na determinação do teor de sólidos solúveis através de refratômetro digital portátil ATAGO N1, com leitura na faixa de 0° a 32° graus de brix de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo do ciclo produtivo.

Características qualitativas:

✓ Cor de polpa (CP)

A coloração da polpa foi obtida pela avaliação visual da coloração da polpa de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo do ciclo produtivo, por meio de uma escala de notas para classificação de cores (Quadro 4.1).

Quadro 1- Escala de notas adotadas para avaliação da coloração da polpa

Nota	6	5	4	3	2	1
Cores						
Descrição	Laranja	Laranja claro	Ouro	Amarelo	Amarelo claro	Amarelo branqueado

Fonte: Adaptada de Linhales (2007)

✓ Cor de casca (CC)

A coloração da casca foi obtida pela avaliação visual da coloração da casca de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo do ciclo produtivo, por meio de uma escala de notas para classificação de cores (Quadro 4.2).

Quadro 2- Escala de notas adotadas para avaliação da coloração da casca

Nota	4	3	2	1
Cores				
Descrição	Roxo	Roxo amarelado	Amarelo aroxeado	Amarelo

iv)Análise dos dados

A análise dos dados para o estudo da divergência genética entre as progênes foi feita pela técnica Ward-mlm. Esta técnica permite o cálculo da distância entre duas unidades experimentais ou amostrais quando são avaliados diferentes tipos de variáveis quantitativas e qualitativas conjuntamente, por meio de um algoritmo que estima a similaridade, utilizando dados quantitativos e qualitativos (Gower, 1971). As expressões são apresentadas por Crossa e Franco (2004) em que a distância de dissimilaridade de Gower d_{ij} é dada por:

$$d_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p w_{ijk} d_{ijk}}{\sum_{k=1}^p w_{ijk}}$$

em que:

- ✓ d_{ij} é a medida de dissimilaridade entre os indivíduos i e j ;
- ✓ d_{ijk} é a contribuição da variável k para a distância total d_{ij} ; e
- ✓ w_{ijk} é um peso dado a comparação ijk , atribuindo valor 1 para comparações

válidas e valor 0 para comparações inválidas (quando o valor da variável estiver ausente em um ou ambos os indivíduos).

Se a variável é qualitativa (binária ou multicategórica), d_{ijk} assume valor 0 quando há concordância positiva ou negativa para a variável k entre os indivíduos i e j , e assume valor 1, em caso contrário. Por sua vez, se a variável é quantitativa ou ordinal, d_{ijk} é dado por:

$$d_{ijk} = \frac{|y_{ik} - y_{jk}|}{R_k}$$

em que R_k é a amplitude de variação da variável k . O valor de w_{ijk} é um peso usado para definir as contribuições dos d_{ijk} 's individuais. Nesse aspecto, quando

o valor da variável k é ausente em um ou ambos os indivíduos, $w_{ijk} = 0$, ou, em caso, contrário, igual a 1. Quando a variável é binária e ocorre concordância negativa, $w_{ijk} = 0$.

Essa metodologia de cálculo de distância de Gower foi executada utilizando o programa estatístico SAS, cujas rotinas empregadas foram as apresentadas por Amaral Júnior et al. (2010).

Para a definição do número ideal de grupos a ser utilizado e para classificar os genótipos de acordo com os grupos formados, foi empregado o método Ward-mlm.

MÉTODO WARD-MLM

Para analisar as variáveis em conjunto, foi empregado o modelo MLM para classificar n indivíduos, quando p variáveis contínuas e q variáveis discretas são mensuradas, assumindo que m níveis de w ($w = 1, 2, 3, \dots, m$) variáveis e o p -variáveis multinormais, para cada subpopulação são independentes. E em que w é uma única variável multinominal que combina os níveis de todos os q .

A definição do número de grupos neste modelo se dá pela função logarítmica da probabilidade (Log-Likelihood), de acordo com os critérios do pseudo-F e pseudo- t^2 , combinando o perfil da verossimilhança com o teste da razão da verossimilhança (Franco et al., 2008).

A estratégia Ward-MLM para análise dos dados em questão pode ser dividida em duas fases distintas. A primeira consiste na geração de agrupamentos pelo Método Ward (Ward Júnior, 1963), utilizando a matriz de dissimilaridade fornecida pelo método de Gower (Gower, 1971). Na segunda fase, a média do vetores das variáveis quantitativas para cada subpopulação, independentemente dos valores de W , é estimada pelo procedimento MLM (CABRAL et al., 2010).

A definição do número ideal de grupos foi feita de acordo com os critérios do pseudo-F e do pseudo- t^2 .

Todas as análises foram feitas com o auxílio do programa SAS (SAS Institute, 2000), seguindo as seguintes etapas:

1- O algoritmo de Gower foi utilizado para estimar a matriz de similaridade e as distâncias entre as observações; em seguida, através do método de Ward,

gerou-se o primeiro agrupamento. Essa sequência gerou um arquivo que contém as distâncias entre as observações.

2- Seguindo o método MLM, obtém-se o gráfico logaritmo da função da verossimilhança maximizada para diferentes números prováveis de grupos, desde 1 a $g+5$. Pela observação dos “picos” de verossimilhança para os diferentes números de grupos no gráfico, definiu-se o número apropriado de grupos.

3- Por fim, faz-se a análise MLM completa para o número de grupos (g) definidos no segundo passo, apresentando os resultados da classificação da análise canônica para as variáveis quantitativas e uma tabela da descrição dos grupos formados, gerando arquivo contendo as coordenadas canônicas para as observações.

3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

MÉDIAS DAS CARACTERÍSTICAS

A Tabela 3 mostra as médias das 9 características quantitativas para as 80 progênes de irmãos completos e uma testemunha comercial avaliadas no estudo da divergência genética em maracujazeiro amarelo. As progênes produziram um total de 5.649,5 frutos, resultando numa média de 69,75 frutos por progênie. A progênie mais prolífica foi a 40, que superou as demais com uma produção de 182 frutos, com média de 30,33 frutos por planta. A média do experimento por planta para a característica número de frutos (NF) foi de 11,62 frutos por planta. Progênes como a 62 e 36 com apenas 1,33 e 5,08 frutos por planta, respectivamente, contribuíram fortemente para a queda da média na população em estudo para a característica NF. A T(testemunha) teve um baixo desempenho, ficando entre as 5 piores, com 5,66 frutos por planta. Vale resaltar que os dados do presente trabalho são dos primeiros três meses de produção, sendo que o período de colheita do maracujazeiro na região de Campos dos Goytacazes pode chegar a 9 meses.

Tabela 3- Médias das 80 progênies de irmãos completos e uma testemunha(T) comercial de maracujazeiro avaliadas em 2012 em Campos dos Goytacazes-RJ.

G	NF	PT	PF	CF	LF	PP	EC	SS	NDF
T	34,00	3976,00	166,07	82,30	73,27	79,61	6,90	13,77	133,00
2	87,50	11908,50	155,78	82,89	75,51	64,69	8,07	13,52	121,00
3	59,00	5987,50	113,65	73,30	67,71	47,40	8,84	14,13	131,00
4	74,50	9885,00	161,62	85,88	71,01	80,64	8,84	14,48	140,00
5	37,00	4744,00	133,56	78,92	69,76	39,04	9,31	13,98	126,00
6	152,00	17893,00	151,41	79,63	74,88	76,00	7,43	13,37	120,50
7	66,00	7809,50	111,40	75,36	68,32	33,91	7,59	12,60	109,00
8	82,00	9639,00	147,23	78,77	72,78	59,27	8,25	13,08	120,50
9	34,00	4673,50	132,91	80,27	73,11	30,83	9,22	7,20	134,50
10	63,00	8462,50	130,97	79,67	74,28	57,81	6,43	13,13	124,50
11	97,00	10228,50	134,16	77,21	71,12	55,32	8,70	14,70	123,50
12	76,00	8166,50	136,70	77,84	74,33	60,57	7,60	12,94	135,50
13	64,50	6227,00	148,40	79,27	71,83	49,12	8,55	11,05	121,00
14	57,00	8629,00	150,16	78,67	74,54	69,08	8,47	13,72	128,00
15	49,50	6982,50	150,62	87,09	70,63	69,23	7,63	13,24	124,00
16	107,00	13819,50	183,02	86,23	79,89	81,16	8,15	14,60	126,50
17	99,50	14043,50	235,77	95,78	80,13	88,01	7,69	12,28	75,50
18	92,00	12559,00	138,55	74,86	73,55	61,34	6,61	14,02	115,00
19	101,50	9840,00	112,50	80,02	66,73	58,70	7,09	13,94	120,00
20	116,00	13616,00	154,82	83,63	72,11	77,20	7,31	13,82	114,50
21	101,00	13534,00	171,47	83,34	76,97	79,96	6,65	13,83	113,00
22	34,50	4699,00	166,39	85,21	70,46	71,42	6,63	15,50	116,50
23	66,00	7674,00	164,08	78,88	75,57	70,75	7,50	12,33	135,00
24	38,50	6186,50	173,72	80,46	74,37	88,14	7,28	12,93	120,00
25	63,50	8084,00	153,20	80,81	72,32	66,95	7,98	12,62	120,00
26	65,00	8522,00	123,22	76,29	70,51	42,34	7,67	14,43	119,00
27	58,50	9251,00	164,70	84,65	76,28	75,02	7,26	13,77	100,50
28	94,50	10669,50	166,76	80,10	73,73	63,17	8,28	13,28	117,00
29	48,00	6804,50	173,97	78,96	75,13	71,74	8,96	13,43	135,50
30	73,50	10705,00	141,90	79,60	74,11	68,97	7,55	14,51	123,00
31	46,50	5938,50	131,11	79,37	72,98	43,03	10,36	12,09	123,50
32	92,00	10262,50	144,38	79,01	71,12	56,04	9,43	13,56	118,50
33	72,50	7448,50	90,70	68,65	56,64	45,10	5,35	12,00	120,50
34	77,00	8708,50	140,37	80,91	69,96	53,72	7,83	14,05	120,50
35	63,50	8542,50	169,71	81,05	74,03	63,13	8,48	14,33	122,00
36	30,50	4217,50	156,48	81,38	74,99	70,47	7,73	15,20	137,00
37	48,00	6433,00	160,55	79,70	74,10	71,64	8,26	13,86	138,00
38	60,00	8444,00	180,35	84,63	73,48	75,32	8,39	13,82	137,50
39	33,50	3733,00	145,08	83,59	70,57	53,27	10,08	14,84	132,50
40	182,00	19443,50	159,25	81,38	77,39	57,37	8,62	14,80	142,00
41	75,00	10935,00	141,91	76,52	73,47	59,38	8,96	13,79	137,00
42	47,00	6257,00	171,89	81,75	61,10	66,29	8,64	13,69	133,50
43	51,00	6863,00	125,86	81,34	68,51	49,84	7,16	10,78	130,00
44	68,00	7392,50	136,22	76,53	70,13	60,56	7,88	12,64	137,00
45	68,50	7821,50	121,36	76,30	69,16	48,36	7,77	13,68	127,00
46	100,50	13081,50	171,44	81,23	76,50	79,48	7,95	13,33	119,50
47	64,00	7079,00	161,30	81,44	74,72	72,21	7,65	13,99	114,00
48	69,00	9234,50	163,08	86,69	74,75	72,33	8,04	14,03	118,50
49	40,50	5944,00	185,26	92,39	80,50	79,86	7,90	13,29	131,00
50	63,00	6127,00	155,57	85,13	74,39	65,17	7,79	13,84	136,00
51	122,00	16688,00	160,10	82,30	74,59	67,96	8,29	12,91	102,50
52	67,50	9623,00	180,15	83,60	76,80	75,61	9,04	14,33	128,50
53	60,00	7859,00	146,43	82,85	74,01	61,32	8,55	14,46	124,00
54	90,50	11017,50	165,63	75,66	76,81	75,52	9,12	13,09	109,00
55	77,50	9696,50	138,08	82,46	72,90	64,16	6,73	13,79	119,00
56	51,00	6297,50	138,43	84,34	72,10	61,88	6,35	15,05	131,50

Cont. Tabela 3

G	NF	PT	PF	CF	LF	PP	EC	SS	NDF
57	65,00	9832,00	169,23	86,58	74,97	75,42	6,38	13,39	101,50
58	89,50	11517,00	153,99	83,58	72,48	64,54	9,53	14,71	129,50
59	54,50	7317,50	161,45	79,13	72,98	65,60	8,56	13,59	136,00
60	55,00	7815,50	157,35	81,69	76,19	63,76	9,05	12,84	110,00
61	99,00	12259,00	160,36	77,79	72,62	65,05	8,34	13,11	135,50
62	8,00	209,35	209,36	97,19	79,07	82,52	7,46	14,35	167,00
63	52,00	9649,00	231,04	96,33	84,21	110,04	8,23	14,84	120,00
64	42,00	5057,00	105,01	70,17	67,83	46,34	6,95	13,93	106,00
65	65,00	8113,50	194,03	86,88	77,66	81,18	7,92	11,93	109,00
66	83,00	10713,00	155,82	78,08	68,44	62,19	9,39	13,53	136,00
67	64,50	8283,00	141,93	78,04	72,01	58,22	7,98	14,57	116,00
68	54,50	6901,50	137,53	74,40	71,03	65,87	5,75	14,38	117,00
69	48,50	5761,00	149,40	80,92	74,12	62,15	6,66	12,40	114,50
70	58,00	6506,00	130,83	75,78	72,84	53,55	7,06	12,83	120,00
71	115,00	13558,00	154,59	79,23	71,12	66,52	7,38	13,15	120,00
72	70,00	9108,00	150,13	77,26	71,20	69,07	8,28	13,07	113,50
73	50,50	6343,50	111,92	70,77	65,55	43,64	7,98	15,34	110,00
74	58,00	7820,00	151,35	79,15	71,44	67,27	7,81	14,55	124,00
75	44,50	4941,50	120,20	64,99	66,37	37,86	8,89	12,20	117,50
76	40,50	6494,00	121,64	74,79	66,77	43,60	8,37	10,35	103,50
77	141,50	11034,00	178,29	83,80	78,55	93,36	6,63	15,60	136,50
78	52,50	6742,00	168,71	82,56	75,57	69,91	9,47	13,95	120,50
79	42,00	4345,50	126,33	87,01	71,40	67,67	7,51	13,65	132,00
80	77,50	12093,00	152,78	79,53	73,76	70,10	7,44	14,32	131,50
81	106,50	13830,50	149,77	84,92	73,79	73,26	6,83	14,41	121,00
Méd	69,75	8722,86	152,25	80,82	72,87	64,75	7,93	13,54	123,22
Mín	8,00	209,35	90,70	64,99	56,64	30,83	5,35	7,20	75,50
Máx	182,00	19443,50	235,77	97,19	84,21	110,04	10,36	15,60	167,00
DP	28,68	3316,93	24,77	5,38	4,08	13,86	0,96	1,23	12,24

G= genótipos, NF= número de frutos por parcela, PT= peso total de frutos por parcela, em kg, PF= peso médio de frutos, em g, CF= comprimento médio de frutos, em mm, LF= largura média de frutos, em mm, PP= peso médio de polpa, em g, EC= espessura média de casca, em mm, SS= teor médio de sólidos solúveis, em graus brix, NDF= número de dias para florescimento.

Silva et al. (2009) afirmam que as características NF e produção parcial podem ser utilizadas como indicadores do potencial produtivo das progênies de maracujazeiro amarelo, já que a produção total é de difícil mensuração, pois o período de colheita é longo e várias avaliações são necessárias para obter estimativas mais precisas. Os mesmos autores obtiveram para a característica NF média de 15,11 frutos por planta. A discrepância de valores para NF entre as progênies pode ser resultado da desuniformidade ambiental da área experimental, das diferenças de vigor entre as progênies e também da presença de doenças como a verrugose na fase inicial.

Viana et al. (2003), estudando a diversidade genética existente em populações de maracujazeiro amarelo, nos ambientes Macaé e Campos dos Goytacazes, utilizando o método hierárquico do vizinho mais próximo, tendo como

base as características morfológicas de massa do fruto, número médio de frutos, comprimento e largura de frutos, espessura de casca, teor de graus brix, teor de acidez e rendimento de suco, verificaram a formação de cinco e quatro grandes grupos, respectivamente.

O maior peso médio de fruto, 235,773g, Tabela 3, foi obtido pela progênie 17. Em geral, o peso médio dos frutos avaliados foi de 152,25 g, valor próximo ao encontrado por Silva et al. (2009), de 160,36g, Nascimento et al. (2003) encontraram valor médio de 161,6 g, superior aos valores relatados por Cunha (2001), de 123,8 g. Frutos grandes são preferidos no mercado de frutas, alcançando maiores cotações de preços.

Para as variáveis comprimento (CF), largura de fruto (LF) e espessura de casca (EC), os valores médios encontrados foram de 80,82mm, 72,87mm e 7,93mm, respectivamente, próximos aos observados por Silva et al. (2009), de 78,42mm e 73,85mm e 7,94mm para as mesmas características, respectivamente. Conforme estes mesmos autores, as características PF, CF, LF e EC apresentaram correlações positivas entre todos os pares, indicando que progênies da população em estudo com maior peso de frutos tendem a ter frutos maiores (longitudinalmente e transversalmente) e com maior espessura de casca. Em relação ao peso da polpa, os genótipos 63, 77 e 24 foram os que se destacaram, Tabela 3, com valores, respectivamente, de 110,04g, 93,36g e 88,13g. Ao observar a característica espessura de casca para estas mesmas progênies, elas apresentaram os valores 77(6.63mm), 24(7,28mm) e 63(8.23mm), sendo que as progênies 77 e 24 exibiram valores inferiores à média para a característica.

A menor proporção de casca em relação aos demais foi apresentada pela progênie 33, cujo peso médio da polpa foi de 64,75 g, representando rendimento de 42,53% em relação ao peso médio total dos frutos.

Meletti et al. (1999) encontraram espessura média das cascas dos frutos avaliados neste trabalho de 0,6 cm. Nascimento et al. (2003) encontraram valor médio de 0,4 cm e Aular et al. (2000), de 0,5 cm.

Os valores médios encontrados de SS, de 13,54 °Brix, Tabela 3, são menores que os citados por Meletti et al. (1999) e por Cunha (2001), de 15,6 e de 14,2 °Brix, respectivamente. Os genótipos com menores valores de sólidos solúveis totais foram os de 9 e 76, sendo os de maiores teores, as progênies

77(15,6) e 22(15,5) (Tabela 3). Vários são os fatores que influenciam o teor de SST, entre eles, intensidade luminosa, temperatura, precipitação pluviométrica e demais interações edafoclimáticas. Saenz et al. (1998), citados por Leonel et al. (2000), verificaram que os frutos colhidos no inverno apresentaram menores teores de SST. Nesse contexto, ressalta-se que a avaliação dos frutos, neste experimento, foi no período de entressafra, logo após um período chuvoso, de menor intensidade luminosa. Para a agroindústria, o elevado teor de SST é uma característica desejável, pois quanto maior seu valor, menor a quantidade de frutos necessária à concentração do suco (Nascimento et al., 2003).

O maior peso médio de fruto, 235,773g, Tabela 3, foi obtido pelo genótipo 17. Em geral, o peso médio dos frutos avaliados foi de 152,25 g, valor próximo ao encontrado por Silva et al. (2009), de 160,36g, Nascimento et al. (2003), de 161,6 g, e superior ao valor relatado por Cunha (2001), de 123,8 g. Frutos grandes são preferidos no mercado de frutas, alcançando maiores cotações de preços.

O número de dias para o florescimento apresentou média de 123,22 dias, valor próximo ao encontrado por Silva (2009), de 118,66 dias. Esta característica que mede a precocidade relativa das plantas é importante, pois pode possibilitar aos produtores ganhos maiores com a cultura, que poderá produzir frutos quando a demanda do produto for elevada, alcançando preços mais elevados.

Benevides et al. (2009), ao analisarem diferentes localidades da região norte fluminense, incluindo Campos dos Goytacazes, entre outubro de 2004 e setembro de 2005, observaram florescimento de setembro a junho, abrangendo o período de maior temperatura média. Souza et al. (2012) observaram no município de Campos dos Goytacazes que o florescimento ocorreu de outubro a março, meses com as maiores temperaturas médias para o período de avaliação. Os autores ainda verificaram que do surgimento da gema floral até o amadurecimento completo do fruto, os meses de outubro, novembro, dezembro, janeiro, fevereiro e março apresentaram, em média, respectivamente, 43, 43, 41, 40, 39 e 59 dias de ciclo fenológico reprodutivo. O maracujazeiro azedo apresentou um menor ciclo fenológico reprodutivo quando a temperatura média do período foi mais elevada. Pode-se observar, pelas afirmativas, que as condições são muito variáveis em Campos e interferem grandemente nas floração e frutificação da cultura. Em *P. edulis*, as fases de floração e frutificação sofrem grande influência do ambiente (Camilo, 2003), o que confirma a concepção de

Forsthofer et al. (2004) de que o ciclo fenológico pode variar em diferentes períodos dentro de um mesmo ano, pois a radiação solar, temperatura, pluviosidade e umidade relativa do ar são fatores limitantes no desenvolvimento fenológico de uma determinada espécie.

MÉTODO WARD MLM- VARIÁVEIS QUANTITATIVAS

Utilizando o método MLM, foi definido o número ideal de grupos pela função logarítmica da probabilidade Log-Likelihood, de acordo com os critérios do pseudo- F e pseudo- t^2 , combinados com o perfil da verossimilhança, associado ao teste da razão da verossimilhança.

O método definiu a formação de quatro grupos para as nove características avaliadas nas 81 progênes de forma mais precisa e menos subjetiva (Tabela 4).

Tabela 4- Número de grupos formados com base na função logarítmica da probabilidade (Log-likelihood) e seu incremento para variáveis

Número de grupos	Log-likelihood	Incremento
1	-3063.80	0,00
2	-3061.62	2,18
3	-3053.85	7,77
4	-2967.40	86,45*
5	-2955.45	11,95
6	-2939.88	15,57
7	-2928.88	11,00
8	-2936.84	7,96

Os grupos 2 e 3 foram formados por 74,07% das progênes (Tabela 5). O grupo 2 foi composto por 23 progênes e a cultivar comercial (IAC). Este grupo apresentou as maiores médias para as características NF, PT, PF, LF, PP, SS e NDF. O grupo 3 foi composto por 34 observações.

O grupo 4, Tabela 6, se caracterizou por apresentar progênes mais precoces (média de 119,35 dias) e frutos mais compridos (média de 85,23 mm).

As progênes do grupo 1 apresentaram as piores médias para as características NF (81,53), PT(10834,47), PF(149.55), CF(81,47), LF(71,7),

PP(64,34) e SS(13,86 °brix). Este grupo apresentou a menor média para EC, 7,71 mm (Tabela 6).

Tabela 5- Grupos formados pelo método Ward-MLM para as nove variáveis quantitativas e duas variáveis qualitativas de maracujá.

Grupos	Genótipos
Ward-mlm	
1	4, 7, 18, 20, 21, 25, 28, 30, 37, 39, 43, 64, 72, 73, 79, 80
2	1, 3, 6, 9, 11, 12, 19, 23, 24, 29, 33, 34, 38, 40, 41, 47, 48, 55, 58, 59, 71, 74, 77
3	5, 8, 10, 13, 14, 16, 17, 22, 27, 31, 32, 35, 42, 44, 45, 46, 50, 53, 54, 56, 57, 60, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 75, 76, 78
4	2, 15, 26, 36, 49, 51, 52

O grupo 3, composto por 34 progênies, Tabela 5, é caracterizado por apresentar médias maiores que as médias gerais para todas as características, exceto para a característica NDF. Entretanto, seus frutos apresentam peso médio somente maior que os do grupo 1.

Tabela 6- Médias das variáveis quantitativas para cada um dos quatro grupos formado pelo método Ward-mlm e duas primeiras variáveis canônicas

Variáveis ¹	Grupos				Can	
	1(16)	2(23)	3 (34)	4 (7)	Can1	Can2
NF	81.5313	180.6739	134.3676	145.4286	0.5310	-0.1785
PT	10834.47	23370.63	19968.66	21676.5	0.5890	0.2019
PF	149.551	196.9461	176.4368	176.674	0.6204	-0.1914
CF	81.4766	83.8439	84.6911	85.2389	0.2443	0.5606
LF	71.7006	78.513	76.1868	75.7142	0.8037	-0.0483
PP	64.3748	77.8013	75.3901	75.3104	0.4552	0.2386
EC	7.7166	8.2199	8.1093	8.2646	0.1871	0.1215
SS	13.8632	14.4669	14.2467	14.446	0.2394	0.0466
NDF	121.5325	127.9783	120.8382	119.3571	-0.4216	-0.1672

¹ NF= número médio de frutos por planta, PT= peso total de frutos por parcela, PF= peso médio de frutos, CF= comprimento médio de frutos, LF= largura média de frutos, PP= peso médio de polpa, EC= espessura média de casca, SS= Teor médio de sólidos solúveis, NDF= número de dias para o florescimento.

O grupo 4 teve o menor número de progênies, com 7 materiais, sendo caracterizado por exibir maior média para comprimento de fruto (85,23) e o menor número de dias para o florescimento (119,35), entre os grupos formados.

As características que mais contribuíram para a divergência genética examinando a análise das variáveis canônicas, obtidas para as nove características quantitativas em 81 progênies, Tabela 6, foram, hierarquicamente: largura de fruto (LF), com maior valor absoluto entre as variáveis de 0,8037; peso de fruto (PF), com valor de 0,6204; peso total de fruto (PT), com valor de 0,5890; número de frutos (NF), com valor de 0,5310; peso de polpa (PP), com valor de 0,4552; comprimento de fruto (CF), com valor de 0,2443; teor de sólidos solúveis (SS), com 0,2394; e espessura de casca (EC), com 0,1871.

Examinando a Figura 1, podemos verificar que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram 99,23% da variação: a primeira variável explicou 91,20% e a segunda, 8,03%.

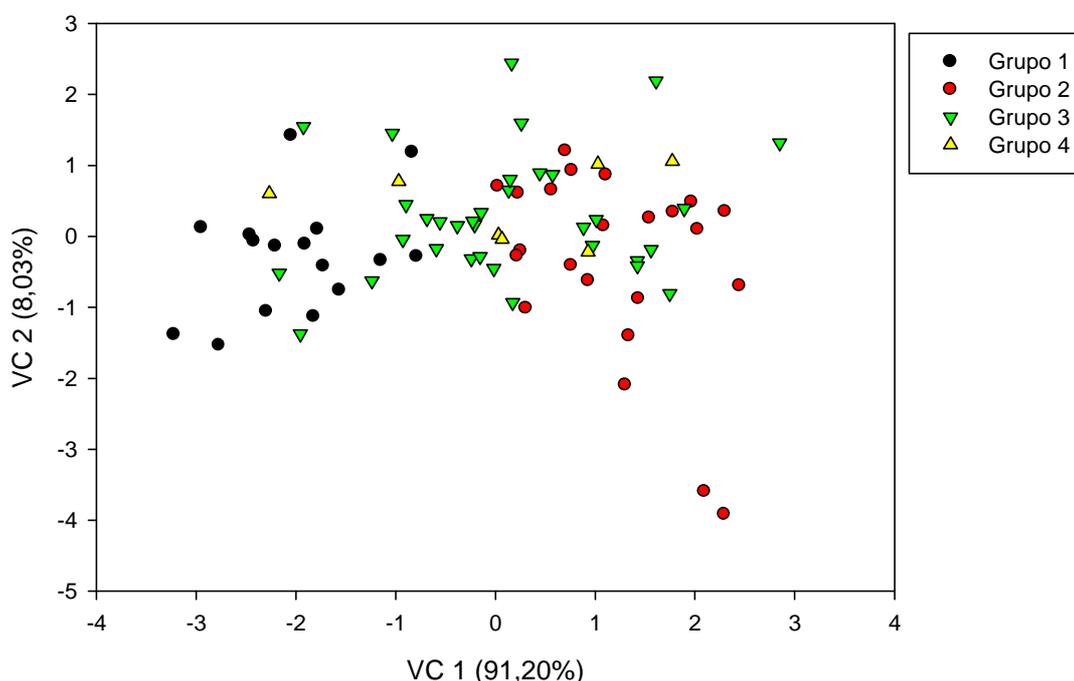


Figura 1- Duas primeiras variáveis canônicas para os quatro grupos formados para as nove variáveis quantitativas pelo método Ward-mlm.

Os genótipos mais divergentes foram identificados com base na dispersão gráfica e confirmados pelas distâncias entre pares de grupos.

O grupo 1 foi o mais distante dos outros grupos, possivelmente porque suas progênies apresentaram valores mais discrepantes em termos de média em relação aos demais grupos para características como largura de fruto (LF), que foi a que mais contribuiu para a divergência genética, examinando a análise das variáveis canônicas, com valor entre as variáveis de 0,8037.

O grupo 1 esteve mais distante do grupo 2 e mais próximo do grupo 3. Entretanto, o grupo 2 se manteve mais distante do grupo 1 e mais similar ao grupo 3. O grupo 3 esteve mais próximo do grupo 1, enquanto o grupo 4 esteve mais próximo do grupo 1.

Os grupos 3 e 4 revelaram alta similaridade, pois a distância entre eles, de acordo com o gráfico das variáveis canônicas, com a distância 0,1682, os coloca como os mais próximos, enquanto o grupo 1 foi o mais distante dos outros grupos (Figura 3; Tabela 7).

Tabela 7- Distância entre os grupos formados pelo método Ward-mlm para variáveis quantitativas

Grupos	1	2	3	4
1	0	10.19221	4.77721	4.94081
2	10.19221	0	1.60199	1.99415
3	4.77721	1.60199	0	0.16828
4	4.94081	1.99415	0.16828	0

3.2.5. CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre as 81 progênies de irmãos completos de maracujazeiro amarelo estudadas, considerando características quantitativas e qualitativas.

A técnica possibilitou a identificação de quatro grupos divergentes.

A característica que mais contribuiu para a diversidade foi LF.

3.3.APLICAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO UTILIZANDO METODOLOGIA REML/BLUP NO MELHORAMENTO INTRAPOPULACIONAL DO MARACUJAZEIRO AMARELO (*Passiflora edulis Sims*) SOB SELEÇÃO RECORRENTE

3.3.1. INTRODUÇÃO

O Brasil ocupa posição de destaque no agronegócio do maracujá amarelo por ser o maior produtor e consumidor mundial. No país, de acordo com o IBGE (2010), são produzidas 480 mil toneladas por ano em uma área aproximada de 62 mil hectares, resultando em uma produtividade de 14,8 toneladas por hectare ano. A produtividade nacional ainda é baixa, devido, principalmente, ao baixo emprego de tecnologia de produção e à carência de populações geneticamente melhoradas (MELETTI & MAIA, 1999).

O emprego do melhoramento genético na correção de fatores limitantes da cultura, como a baixa produtividade, desenvolvendo genótipos adaptados a cada região de interesse é indispensável. Alguns trabalhos de melhoramento genético têm sido desenvolvidos dando atenção a alternativas de seleção (GONÇALVES et al., 2007, 2009), parâmetros genéticos (VIANA et al., 2003; MORAES et al., 2005), estudos de características reprodutivas (SOUZA et al., 2004, 2012;), além de estudos sobre diversidade genética em populações (VIANA et al., 2006; REIS et al., 2011).

A seleção recorrente, como uma técnica de melhoramento de populações

associada a ferramentas biométricas, permite o acúmulo gradual de alelos favoráveis para caracteres quantitativos, mantendo a variabilidade genética da população. É um processo cíclico e contínuo de melhoramento, que envolve basicamente a obtenção de famílias, avaliação e o intercruzamento das melhores. Dessa maneira, espera-se melhorar a expressão fenotípica dos caracteres sob seleção.

A obtenção de genitores que agreguem uma série de atributos favoráveis pode ser comprometida em programas de melhoramento em que a seleção tenha por base um ou poucos caracteres, uma vez que correlações negativas entre os caracteres de interesse podem ser observadas.

Na literatura, são encontrados vários índices de seleção que podem ser utilizados no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2004). Tais índices são geralmente constituídos por estimativas de parâmetros genéticos e médias fenotípicas obtidas pelo método da análise de variância. Os índices são obtidos como combinações lineares das medidas de diversos caracteres, podendo ser eficientes, uma vez que permitem a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuem diferentes pesos aos caracteres estudados e valorizam atributos julgados de maior importância pelo pesquisador (Falconer, 1987). No entanto, o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) são uma alternativa na construção de índices que podem resultar em processos seletivos acurados (Resende, 2002).

Neste contexto, objetivou-se, neste trabalho, comparar a eficiência de três índices de seleção construídos por componentes de variância estimados e valores genotípicos preditos pela metodologia REML/BLUP na população de maracujazeiro amarelo sob terceiro ciclo de seleção recorrente em estudo.

3.3.2. REVISÃO

ASPECTOS GERAIS DA CULTURA

O termo maracujá é utilizado para designar o fruto e as plantas das

espécies do gênero *Passiflora*, pertencente à família *Passifloraceae*. Sua denominação é derivada do tupi “mara cuia”, que significa comida preparada em cuia (Ruggiero, 1973),

A família *Passifloraceae*, segundo Vanderplank (1996), é formada por 18 gêneros e 630 espécies. O gênero *Passiflora* é o mais importante da família *Passifloraceae*, sendo também o de maior importância econômica (BELLON, 2008). Segundo Leitão Filho e Aranha (1974), este gênero é originário da América do Sul e tem no centro-norte do Brasil seu maior centro de distribuição geográfica, sendo composto por 24 subgêneros e 465 espécies, com mais de 150 espécies nativas (Vasconcellos et al., 2005). Destas espécies, a maioria é considerada perene, com um pequeno número de espécies anuais (Cunha et al., 2004). As espécies do gênero *Passiflora* são cultivadas para os mais diversos fins, entre eles, ornamentais, medicinais ou pela qualidade de seus frutos comestíveis para a alimentação, ou ainda com finalidade múltipla (Martins et al., 2001; Cunha et al., 2004).

Segundo Cunha et al. (2002), cerca de 70 espécies do gênero produzem frutos comestíveis. Entre as espécies exploradas comercialmente no Brasil, o maracujazeiro amarelo ou azedo (*Passiflora edulis Sims*) representa 95% da área cultivada (Frupex, 1996; Meletti, 2000; Bruckner et al., 2002), os 5% restantes têm importância regional e comercialização restrita, como o maracujá-doce (*P. alata*), o maracujá-roxo (*P. edulis f. edulis*), o maracujá-melão (*P. quadrangularis*), entre outros (Souza e Meletti, 1997).

O maracujazeiro amarelo é uma espécie diploide, alógama e autoincompatível, possuindo 18 cromossomos (Beal, 1975; Bruckner, 1997; Ferreira, 1998). O florescimento desta planta se inicia a partir das 12 horas e vai até à tarde, e segundo relatos de Vallini et al. (1976), em dias com duração inferior a 11 horas, o florescimento não ocorre, tendo, portanto, necessidade de dias longos para sua floração.

Além da estrutura floral adaptada à polinização entomófila, a polinização cruzada é condicionada pela autoincompatibilidade, que, segundo Duvick (1967), é um mecanismo que induz à alogamia e que mantém alto grau de heterozigose em virtude de os grãos de polens de uma planta serem incapazes de fertilizar as flores da mesma planta, sendo necessária a presença de diferentes genótipos para que haja a fertilização (Bruckner et al., 2002). Porém, estudos de Bruckner et

al. (1995), revelaram que a autofecundação é possível quando as flores estão na pré-antese.

Com base em seus estudos, Rêgo et al. (2000) sugeriram que o controle genético da autoincompatibilidade do maracujazeiro é feito por dois locos gênicos em que a presença de um gene gametofítico atua em associação com o gene esporofítico. Posteriormente, Suassuna et al. (2003) apresentaram resultados que corroboravam um controle do tipo gametofítico-esporofítico.

A planta do maracujazeiro é uma trepadeira lenhosa de grande porte, podendo atingir comprimento superior a 10 m. O caule na base é lenhoso e bastante lignificado, diminuindo o teor de lignina à medida que se aproxima o ápice da planta, no geral é semiflexível. Do caule, surgem as gavinhas, folhas, gemas e brácteas (Teixeira, 1994; Silva & São José, 1994). Na axila de cada folha trilobada, há uma gavinha, uma gema florífera e uma gema vegetativa.

As flores são hermafroditas, protegidas por brácteas foliares, apresentando um colorido atraente, com abundância de néctar, os estames aparecem em número de cinco, presos a um androginóforo colunar bem desenvolvido. As anteras são grandes e mostram um grande número de grãos de pólen pesados de coloração amarelada. A parte feminina é composta por três estigmas, que variam em relação à sua curvatura, característica que promove reflexos diferentes na polinização. As flores abrem-se uma única vez, por volta das 12h, permanecendo assim até o início da noite, devendo ser polinizada neste período (Manica, 1981; Ruggiero et al., 1996).

O fotoperíodo, a temperatura do ar e a umidade do solo, de acordo com Cavichioli et al. (2006), são fatores determinantes na produção do maracujazeiro amarelo, por interferirem nas fases de floração e frutificação. Souza et al. (2012), estudando a fenologia reprodutiva do maracujazeiro no município de Campos dos Goytacazes, estado do Rio de Janeiro, verificaram que, para as condições em estudo, a variação da temperatura apresentou alta correlação com o número de flores (0,87), indicando que este é um agente que interfere de forma fundamental no florescimento do maracujazeiro.

O sistema radicular apresenta uma raiz central pivotante ou axial mais grossa que as demais. O volume da maioria das raízes finas concentra-se num raio de 0,50 m ao redor do tronco da planta, na profundidade de 0,30 m a 0,45 m (Manica, 1981; Silva & São José, 1994; Souza & Meletti, 1997). De acordo com

Kliemann et al. (1986), o sistema radicular do maracujazeiro apresenta 3 fases de crescimento: do plantio até os 210 dias, o crescimento é lento, com reduzida produção de matéria seca; dos 210 aos 300 dias, há uma rápida expansão das raízes; e, a partir dos 300 dias, o crescimento praticamente se estabiliza.

MELHORAMENTO DO MARACUJAZEIRO

O melhoramento do maracujazeiro, de uma maneira geral, está diretamente relacionado ao fruto, por ser este o produto mais importante, porém outros produtos como, por exemplo, folhas e flores para fins ornamentais, têm sido alvo de alguns programas. Para atender as exigências do mercado, três pontos principais são os mais focados: melhoramento visando a atender as exigências de “qualidade” do fruto, aumento na produtividade e resistência a doenças. Meletti et al. (2003) enfatizaram que o mercado do maracujazeiro está associado ao produto a ser considerado (fruto, folhas ou sementes) e à região de cultivo.

A carência de material genético adaptado às regiões de cultivo, a falta de conhecimento sobre as características genéticas dessa fruteira, o ciclo reprodutivo curto, aliados à grande variabilidade genética natural das diversas características da planta e do fruto, justificam a necessidade do melhoramento genético.

Economicamente o aumento da qualidade e produtividade do maracujazeiro para seus diferentes produtos se justifica, pois o lucro está estreitamente relacionado com essas variáveis. Um bom exemplo é com relação à classificação de fruto, visto que a remuneração pela melhor qualidade pode chegar a preços até 150% superiores aos obtidos com a comercialização de frutos de classe inferior (MELETTI et al., 2000).

O primeiro passo em qualquer programa de melhoramento é a escolha adequada do germoplasma de forma a potencializar o sucesso com a seleção (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Para tanto, o germoplasma deve ser caracterizado para se terem informações básicas sobre características importantes inerentes à planta e ao fruto (Dantas et al., 2001).

O maracujazeiro tem sido pouco estudado citologicamente, mesmo sendo este um conhecimento de base para o desenvolvimento dos programas, pois entre as 450 espécies descritas, há estudos cromossômicos de apenas 30%, que, em

sua maioria, se restringem à contagem do número de cromossomos (Soares-Scott, 2005).

Sendo o maracujazeiro uma planta alógama, vários métodos são possíveis de ser aplicados no seu melhoramento. Entre eles, Oliveira e Ferreira (1991) citam a introdução de plantas, a seleção massal, a hibridação e a seleção com teste de progênes, objetivando o aumento da frequência de genes favoráveis, explorando o vigor híbrido (Bruckner, 1997). O aumento da frequência de genes favoráveis pode ser feita pela seleção massal ou pela seleção com teste de progênes, já o vigor híbrido é explorado por meio de híbridos, variedades sintéticas ou compostos (Albuquerque, 2001).

Silva et al. (2009), ao avaliarem 26 progênes de meios-irmãos, provenientes de recombinação da população UENF/MA₁ do programa de seleção recorrente, observaram que a estratégia de seleção na fase de geração de progênes permitiu a obtenção de ganhos genéticos, tendo em vista que no maracujazeiro amarelo há possibilidade de seleção também na fase de geração das progênes (população melhorada), além da fase de avaliação (fase de teste).

O processo de seleção no maracujazeiro apresenta aspectos interessantes para o melhoramento, visto que a seleção pode ser feita antes ou depois do florescimento, assim como em outras culturas. Se a seleção ocorrer apenas no sexo feminino, o progresso esperado por ciclo de seleção será menor, já que a polinização aberta permite que pólen de plantas com características que sejam de interesse participem da polinização. No caso de eliminação de progênes não selecionadas antes do florescimento, o cruzamento será apenas entre progênes selecionadas, o que resulta na ampliação do progresso esperado. Outro aspecto é a sobreposição de gerações, que permite que plantas que geraram as progênes selecionadas possam ser utilizadas para na recombinação.

A partir da população UENF/MA₁, desenvolvida pelo programa de melhoramento genético do maracujazeiro amarelo da Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro, foram obtidas 111 famílias de irmãos completos (FIC) (Silva et al., 2009). Estas FIC, juntamente com seis testemunhas, representadas pelas cultivares comerciais BRS Sol do Cerrado, BRS Gigante Amarelo, foram avaliadas no município de Terra Nova do Norte, estado do Mato Grosso, por Krause et al. (2012), que observaram altos valores médios para as características e parâmetros genéticos avaliados nas 26 FIC e nas quatro testemunhas

selecionadas. O uso do índice de seleção proporcionou ganhos genéticos positivos em produtividade, percentagem e peso de polpa, comprimento, diâmetro e peso de frutos e espessura de casca.

Oliveira e Ferreira (1991) apresentam a seleção massal como uma alternativa que tem apresentado resultados satisfatórios na cultura do maracujazeiro, visto esta cultura ser de cultivo recente e pouco submetida a pressões de seleção, apresentando ainda boa variabilidade para ser selecionada. Segundo Oliveira (1980), no maracujazeiro amarelo, a seleção massal é eficiente para produção, formato do fruto, teor de suco, teor de sólidos solúveis e vigor vegetativo. A Maguary, mais cultivada em Minas Gerais, a seleção Sul-Brasil, cultivada em São Paulo, e a seleção *Golden Star*, disseminada principalmente no Rio de Janeiro e Espírito Santo, são exemplos de seleção massal feita por produtores ou empresas do ramo que resultou no surgimento dessas populações com características interessantes (PIZA JÚNIOR, 1998).

Utilizando seleção massal estratificada por dois ciclos em maracujazeiro, Cunha (2000) obteve ganhos de 100% em relação à característica número de frutos quando comparadas com as plantas não selecionadas.

Maluf et al. (1989), buscando obter plantas produtivas e com um padrão superior de frutos, estudaram o ganho genético via seleção clonal em genótipos de maracujazeiro amarelo e concluíram que há maior variabilidade genética para a produção total e para peso de frutos do que para teor de sólidos solúveis e porcentagem de polpa.

A seleção com teste de progênies pode ser feita com progênies de meios-irmãos ou irmãos completos. Progênies de meios-irmãos podem ser facilmente obtidas coletando-se um fruto por planta selecionada, sendo o progenitor feminino conhecido e o masculino, desconhecido. No caso de irmãos completos, há necessidade de polinização controlada entre plantas selecionadas (Bruckner, 1997).

A heterose é mais bem explorada em híbridos, que podem ser obtidos de linhagens endogâmicas selecionadas, variedades de polinização aberta, clones ou outras populações divergentes (Allard, 1999).

De acordo com Hallauer e Miranda Filho (1988), compostos podem ser produzidos por cruzamentos, em todas as combinações possíveis, entre variedades ou populações de polinização livre, com boa capacidade de

combinação. Os compostos podem ser considerados boa opção de melhoramento para o maracujazeiro, podendo a maior produtividade ser combinada com a maior eficiência na polinização, diminuindo os efeitos da incompatibilidade, e suas sementes podem ser multiplicadas pelo produtor.

Meletti et al. (2000) estudaram o comportamento de oito híbridos de maracujazeiro, obtidos em sucessivos ciclos de seleção recorrente, a partir de indivíduos preseleccionados em pomares comerciais, e a melhor combinação para as diversas características estudadas resultou na seleção dos híbridos “IAC-3”, “IAC-5” e “IAC-7”, tendo essas três seleções sido reunidas no “Composto IAC-27”, que foi lançado como cultivar em 1998.

Com o objetivo de iniciar um programa para o norte e noroeste fluminense, Viana et al. (2004) coletaram materiais em três municípios do Estado do Rio de Janeiro e estimaram parâmetros genéticos para os caracteres produção e qualidade do fruto, tendo observado variabilidade e herdabilidade altas. Os resultados evidenciaram a possibilidade de se praticar melhoramento, fato também observado por Moraes et al. (2005) em uma população segregante (F1) de maracujá-amarelo.

Para o maracujá amarelo, já foram desenvolvidos 5 mapas, os primeiros utilizando a estratégia *pseudo cruzamento teste* e marcadores RAPD (Carneiro et al. 2002) e AFLP (Lopes et al. 2006), no qual foi alocado o primeiro loco quantitativo associado à resposta da população à infecção por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*.

Oliveira et al. (2008) publicaram recentemente o primeiro mapa genético integrado de maracujá amarelo, utilizando marcadores AFLP e SSR.

Em trabalho visando a estimar a variabilidade genética em dois ciclos de seleção recorrente e avaliar o impacto da seleção nas progênies selecionadas via alterações nas frequências alélicas, detectadas com uso de marcadores microsatélites, Reis et al. (2011) observaram altos índices de heterozigosidade e pequena perda de variabilidade.

SELEÇÃO RECORRENTE

A seleção recorrente é uma técnica de melhoramento de populações que permite o acúmulo gradual de alelos favoráveis para caracteres quantitativos,

mantendo a variabilidade genética da população. É um processo cíclico e contínuo de melhoramento, que envolve basicamente a obtenção de famílias, avaliação e o intercruzamento das melhores. Dessa maneira, espera-se melhorar a expressão fenotípica do caráter sob seleção.

Souza Júnior (2001) apresenta a seleção recorrente como um esquema utilizado em programas de melhoramento delineados para médio e longo prazo, para que, assim, com o passar dos ciclos de seleção, a população melhore seu desempenho médio, permitindo que a população resultante de cada ciclo possa ser utilizada como fonte de novas linhagens. Essas linhagens desenvolvidas podem ser empregadas para a produção de novos híbridos ou participar do processo de reciclagem de materiais elites.

A intensidade de seleção é um importante fator no processo de seleção, porém na literatura poucos estudos definem a adequada intensidade de seleção. Flachenecker et al. (2006) afirmam que pressões de seleção entre 10 e 25% da população são recomendadas. Silva et al. (2009) propuseram para a população de maracujazeiro amarelo seleção de 30% das melhores progênies com auxílio de índices de seleção. Reis et al. (2011), estudando as progênies do primeiro e segundo ciclos de seleção recorrente avaliadas por Silva et al. (2009) no município de Campos dos Goytacazes, RJ, no período de junho de 2005 a dezembro de 2006 e outubro de 2007 a dezembro de 2009, respectivamente, observaram altos índices de heterozigosidade, pequena perda de variabilidade e alterações nas frequências alélicas; porém, esta oscilação poderia ser considerada normal quando se pratica seleção.

A estratégia de aumentar o ganho por ciclo pela aplicação de maior pressão de seleção pode levar a uma sensível redução da variabilidade genética, acarretando diminuição da possibilidade de seleção em médio e longo prazo. Caso contrário, quando se pratica uma seleção branda, espera-se menor progresso por ciclo, mas assevera ganhos por períodos mais prolongados, por não exaurir a variabilidade genética nos primeiros ciclos. A intensidade de seleção adequada depende do tamanho da população e dos objetivos do programa (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988; PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1978).

Eberhart (1970), como meio de aumentar o ganho por ciclo de seleção em melhoramento intrapopulacional, propôs tornar maior a variância genética aditiva

por meio de síntese de variedades compostas e do controle dos cruzamentos entre os indivíduos da população que está sendo submetida à seleção.

Um ciclo de seleção recorrente, segundo Souza Júnior (2001), envolve basicamente quatro fases: i) obtenção de progênies, ii) avaliação de progênies em experimento com repetições, iii) seleção das progênies superiores, iv) recombinação. Cada ciclo, portanto, só termina com a recombinação das progênies que originarão a nova população.

A Figura 2.1 representa esquematicamente a seleção recorrente, composta por três etapas: obtenção das progênies, avaliação e seleção destas progênies e recombinação das melhores.

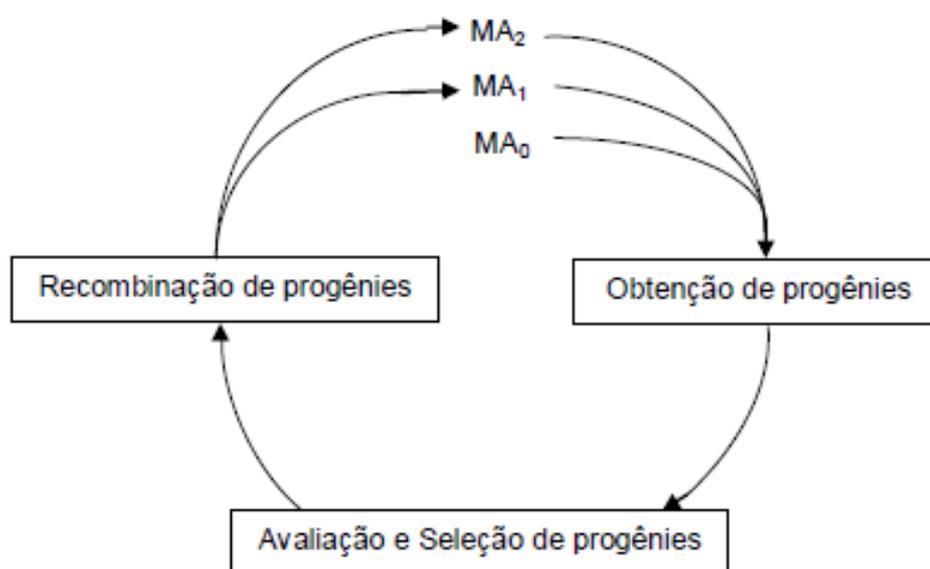


Figura 2.1 - Representação esquemática da seleção recorrente.

i) Obtenção de progênies: esta é a primeira das etapas da seleção recorrente e consiste na obtenção de progênies que serão utilizadas para a avaliação em experimentos com repetições.

O número de progênies/famílias, se estas forem de meio-irmãos, irmãos completos ou progênies parcialmente endogâmicas S1 e S2 a serem obtidas, é a primeira decisão a ser tomada, considerando que deve representar a variabilidade genética da população e a intensidade de seleção a ser utilizada. No melhoramento do maracujazeiro, entretanto, os tipos de progênies usualmente utilizados são de irmãos completos e meios-irmãos, já que progênies endogâmicas só podem ser obtidas em situações mais raras. Segundo Bruckner

(1995), linhagens endogâmicas de maracujazeiro poderão ser obtidas por meio de cruzamento entre plantas irmãs, retrocruzamentos ou autopolinização no estágio de botão.

Progênes de irmão completos e meios-irmãos, mais utilizados no melhoramento do maracujazeiro, têm tamanho efetivo de 2 e 4, respectivamente, conforme apresentado na Tabela 1. O número considerado mínimo de famílias para representar uma população de famílias de irmãos completos de maracujazeiro para seis características, segundo simulação de Gonçalves (2005), foi de 98, encontrado para a variância genética da característica de maior expressão na produtividade em relação a número médio de frutos. O tamanho efetivo populacional está intimamente relacionado com a questão da representatividade genética, que deve ser observada a fim de preservar os alelos da população.

Tabela 1. Unidades de seleção (US) e recombinação (UR), quantidades de variâncias aditivas exploradas (σ^2_A) e tamanhos efetivos (N_e) de uma unidade de recombinação de diversos esquemas de seleção recorrente intrapopulacional.

Esquema	US	UR	σ^2_A	N_e
Meios irmãos	MI	MI	1/4	4
	MI	S_1^2	1/2	1
Irmãos germanos	IG	IG	1/2	2
	IG	S_1	1/2	1
Endogâmicas	S_1	S_1	1	1
	S_2	S_2	3/2	0,67
Massal				
Um sexo	PI ¹	PI	1/2	4
Dois sexos	PI	PI	1	2
Dois sexos	PI	S_1	1	1

¹ Planta individual, ² Para plantas perenes, semi-perenes e de reprodução vegetativa, S_1 refere-se às plantas ou clones destas que deram origem às progênes (Adaptado de Souza Jr., 2001).

Para a formação da população base, para Ramalho et al. (2001) é necessário que a população base apresente ao mesmo tempo genitores com o melhor desempenho possível em termos de média para os caracteres sob

seleção e maior diversidade genética possível. Assim, a população base agregará média alta e alto nível de variabilidade genética, condições indispensáveis para o sucesso com a seleção.

ii) Avaliação das progênies: o objetivo dessa fase é obter as médias de cada progênie através de ensaios envolvendo repetições e locais representativos do ambiente em que o material deverá ser cultivado por meio de delineamento experimental apropriado. A precisão experimental é essencial para que as progênies sejam classificadas de forma correta quanto a seus valores genotípicos e, conseqüentemente, a seleção seja efetiva.

A avaliação das progênies é a fase mais crítica do processo de seleção recorrente por depender muito das condições climáticas e por requerer maior quantidade de recursos e tempo. Têm sido utilizadas 2 a 3 repetições por local e dois a três locais, visto que a utilização de um maior número de repetições e de locais, muitas vezes, não é possível, principalmente por elevar em demasia os custos para condução do programa de melhoramento quando se trabalha com espécies frutíferas.

iii) Seleção de progênies: tem por base médias ou totais de parcelas para os caracteres de interesse, que são, portanto, as unidades de seleção. Essas médias ou totais são, então, comparadas com a da população ou com as das testemunhas nos ensaios, e as progênies superiores são selecionadas.

O objetivo da seleção recorrente é melhorar as populações para os diversos caracteres de importância agrônômica e/ou econômica. Assim, para o maracujazeiro, a seleção deve ser praticada com o intuito de aumentar a produtividade, o número de frutos por planta, o comprimento, a largura e peso do fruto e diminuir o número de dias para o florescimento (precocidade).

A seleção pode ser truncada ou combinada. Truncada quando somente um caráter é levado em consideração e combinada quando mais de um caráter é levado em consideração para seleção.

A seleção em um caráter pode acarretar alterações positivas ou negativas em outros, já que os caracteres podem ser correlacionados. Para contornar essa situação quando a seleção é praticada para vários caracteres de forma simultânea, utilizam-se índices de seleção. Estes índices de seleção fornecem um

valor denominado valor genotípico agregado de cada progênie, em que são considerados todos os caracteres sob seleção. Dos vários índices que podem ser obtidos, o que acarretar resposta superior para o melhoramento da população através de comparações é o que deve ser adotado.

A intensidade de seleção a ser aplicada é uma decisão importante no programa de seleção recorrente, que depende da longevidade do programa, ou seja, se ele é de curto, médio ou longo prazo, do número de progênies avaliadas, do tipo de progênie utilizada para a recombinação e da precisão experimental. A intensidade se for muito elevada pode acarretar deriva genética devido ao tamanho efetivo reduzido das populações geradas da recombinação das progênies selecionadas. A intensidade de seleção de 30%, apresentada por Silva et al. (2009) em seleção recorrente em maracujazeiro, mostrou ser apropriada pelo trabalho de Reis et al. (20011), que, estudando as mesmas progênies no município de Campos dos Goytacazes, RJ, observaram altos índices de heterozigiosidade e pequena perda de variabilidade.

No desenvolvimento de um programa de seleção recorrente, a seleção de progênies superiores é feita na fase de avaliação (fase de teste), em experimentos com repetição. Porém, o maracujazeiro amarelo permite seleção também na fase de geração das progênies (população melhorada), possibilitando maximizar ganhos genéticos durante os ciclos da seleção recorrente.

iv) Recombinação de progênies selecionadas: é a última fase de um ciclo de seleção recorrente e tem por finalidade gerar variabilidade para o próximo ciclo de seleção. Para a recombinação, utiliza-se a semente remanescente das progênies selecionadas. Vale lembrar que parte das sementes é destinada aos ensaios de avaliação e outra parte (semente remanescente) deve ser armazenada cuidadosamente para na próxima safra ser utilizada no campo de recombinação, caso essa progênie seja selecionada. Dessa forma, a recombinação é feita somente entre progênies selecionadas. A recombinação é feita intercruzando plantas das progênies selecionadas, evitando cruzamento entre plantas dentro das progênies, de forma a garantir a representatividade dos gametas das progênies selecionadas na população gerada após a recombinação. A ocorrência da superposição de gerações no caso do maracujá permite utilizar para a recombinação as próprias plantas que geraram as progênies selecionadas.

O cruzamento dialélico e suas variações é o esquema mais comum para se fazer a recombinação, porém outros esquemas de recombinação podem ser empregados de forma eficiente se forem bem conduzidos, uma vez que dependem da biologia reprodutiva de cada espécie em estudo. Normalmente, utiliza-se apenas uma geração de recombinação que, apesar de não ser suficiente para que a população melhorada entre em equilíbrio de ligação, é eficiente para gerar quantidades suficientes de variabilidade genética para novos ciclos seletivos (Lima Neto, 1998).

No trabalho conduzido por Silva et al. (2009), a população de maracujazeiro amarelo, denominado MA₁, foi proveniente de cruzamentos dirigidos envolvendo 27 progênies selecionadas por Gonçalves (2005). Neste caso, foi feita recombinação utilizando meios-irmãos maternos, em que a mãe foi a própria progênie selecionada e o pai foi a mistura de pólen oriundo de todas as progênies selecionadas.

SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL

A seleção recorrente pode ser classificada em duas categorias: intrapopulacional, quando visa a melhorar uma população e, interpopulacional, quando visa a melhorar duas populações, buscando a heterose entre elas, ou seja, obter híbrido interpopulacional (Hallauer, 1985; Souza Jr., 1998). Segundo Borém (2001), os métodos intrapopulacionais, em geral, são mais utilizados do que os interpopulacionais, pois são de mais fácil execução e aplicáveis à maioria das características agronômicas.

O método de seleção recorrente intrapopulacional foi indicado pelo trabalho de Gonçalves (2005) para a população de maracujá-amarelo estudada, pela sua maior facilidade de execução e por várias características importantes terem apresentado como ação gênica predominante a aditiva.

Considerando tamanhos efetivos (N_e) elevados, a expressão geral da resposta à seleção, segundo Falconer & Mackay (1996), é:

$G_s = i\sigma_A^2/\sigma_F$, em que:

✓ G_s é o ganho de seleção;

✓ i é o diferencial de seleção estandardizado;

- ✓ c é um valor que depende do esquema seletivo (controle parental);
- ✓ σ^2_A é a variância genética aditiva; e
- ✓ σ_F é o desvio padrão fenotípico da unidade de seleção.

A expressão mostra que a taxa de ganho é função da intensidade de seleção, das unidades de seleção e recombinação utilizadas, das magnitudes da variância genética aditiva e do desvio padrão fenotípico.

Os diversos esquemas seletivos quanto às suas eficiências relativas podem ser comparados pela Tabela 1 em que estão apresentados os diversos esquemas de seleção recorrente intrapopulacional, com os coeficientes que multiplicam a σ^2_A , assim como os tamanhos efetivos populacionais de cada tipo de progênie.

Quando o objetivo do programa for obter variedades pela seleção recorrente, deve-se atentar para o tamanho efetivo, que deve ser mantido em níveis altos para impedir a ocorrência da depressão por endogamia, possibilitando o aumento gradativo da frequência dos alelos favoráveis na população melhorada. Entretanto, nos programas em que se visa ao desenvolvimento de híbridos, utilizando a população como fonte de linhagens, devem ser utilizadas progênies endogâmicas que, quando em combinações adequadas, produzirão híbridos superiores às populações de origem. O tamanho efetivo populacional altera as magnitudes dos componentes da variância genética que, se reduzidas de forma drástica, podem comprometer o melhoramento de populações pela redução da variância genética aditiva (Souza Jr., 1995).

PARÂMETROS GENÉTICOS

A identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos de forma a permitir avaliar a eficiência das diferentes estratégias de melhoramento pela obtenção de ganhos genéticos preditos e manutenção de uma base genética adequada é possível via estimação de parâmetros genéticos, sendo os parâmetros genéticos mais importantes as variâncias genéticas aditiva e não-aditiva, as herdabilidades e as correlações (Cruz e Carneiro, 2003). É importante ressaltar que as estimativas de parâmetros

genéticos não devem ser extrapoladas para outras populações ou outras condições experimentais, pois são características próprias da população em estudo.

Segundo Cruz e Carneiro (2003), um delineamento genético, pelo qual se estimam os componentes de variância genética de uma população, é qualquer sistema de cruzamento planejado, estabelecido de forma que se conheça a relação de parentesco entre indivíduos ou grupos de indivíduos, sendo exemplo os dialelos, os ensaios de famílias, os delineamentos I e II de Comstock e Robinson.

Segundo Falconer (1987), a variância genética aditiva é a principal causa da semelhança entre parentes, pois é a parte da variação genética herdável, assim, ela é o determinante principal das propriedades genéticas de uma população e da resposta da população à seleção.

Maluf et al. (1989), visando a estimar alguns parâmetros genéticos em 110 clones de maracujazeiro, encontraram média de 87,7 g para peso de frutos e de 15,3 °Brix. Verificaram que, pela alta estimativa de herdabilidade, existe grande variabilidade genética para a produção total e precoce para peso de fruto, sendo moderadamente elevada para sólidos solúveis, sujeita a uma considerável interação entre genótipos e épocas de amostragem.

Os parâmetros genéticos para oito características de plantas coletadas ao acaso de populações provenientes de três municípios do estado do Rio de Janeiro foram estimados por Viana et al. (2004) com a finalidade de iniciar um programa de melhoramento de maracujá amarelo para a região Norte e Noroeste Fluminense. Foram observadas diferenças genéticas significativas entre os materiais avaliados para espessura de casca, número de frutos por planta, comprimento e peso de frutos na análise conjunta nos ambientes de Campos dos Goytacazes e Macaé. Foram observadas para essas características herdabilidades variando de 67,35% a 92,10%, além de índices de variação próximos ou superiores à unidade, indicando uma situação favorável ao melhoramento dessas características e que métodos de melhoramento simples como a seleção massal podem ser aplicados. Já para as características teor de acidez e porcentagem de suco, foram encontradas as mais baixas herdabilidades, 19,07% e 0,00%, respectivamente.

Cento e onze famílias de irmãos completos (FIC), juntamente com seis testemunhas, representadas pelas cultivares comerciais BRS Sol do Cerrado, BRS Gigante Amarelo, foram avaliadas no município de Terra Nova do Norte, estado do Mato Grosso, por Krause et al. (2012), que observaram altos valores médios para as características e parâmetros genéticos avaliados nas 26 FIC e nas quatro testemunhas selecionadas. O uso do índice de seleção proporcionou ganhos genéticos positivos em produtividade, percentagem e peso de polpa, comprimento, diâmetro e peso de frutos e espessura de casca.

O conhecimento da associação entre as características é de grande importância nos trabalhos de melhoramento, uma vez que as correlações são levadas em consideração na escolha dos métodos de melhoramento quando se formulam estratégias de seleção simultânea para as várias características estudadas, principalmente se a seleção em um deles apresentar dificuldade em razão da baixa herdabilidade e/ou tenha problemas em sua avaliação (Cruz e Regazzi, 2001), podendo ser utilizada uma característica de fácil mensuração e alta herdabilidade correlacionada com esta outra.

Estudos de correlações simples e canônicas entre características de frutos de maracujazeiro amarelo foram desenvolvidos por Viana et al. (2003), sendo avaliados cinco caracteres morfológicos relacionados à produção de frutos (número de frutos por planta, espessura da casca, peso, comprimento e largura de frutos) e três relacionados à qualidade dos frutos (grau brix, acidez e percentagem de suco), em Macaé e Campos dos Goytacazes. Foi observada existência de correlações genéticas positivas significativas, em ambos os ambientes, entre peso e largura de frutos, largura e comprimento de frutos, teor de acidez e largura de frutos, e negativa entre teor de grau brix e comprimento de frutos. Para Macaé, foi observada correlação genotípica alta e significativa entre peso de fruto e largura de fruto. Já para Campos, a maior correlação foi verificada entre peso e comprimento de fruto. Em relação às correlações canônicas em Macaé, demonstrou-se que indivíduos com elevados teores de acidez e graus brix teriam tendência de apresentar reduções nos números de frutos, comprimento e espessura de casca. Em Campos, redução na espessura de casca e comprimento de frutos levaram a aumentos na percentagem de suco e nos teores de graus brix.

A seleção com base em uma característica, segundo (Cruz e Regazzi, 2001), tem se mostrado inadequada, por conduzir a genótipos superiores em relação aos caracteres selecionados, mas com desempenho não tão favorável em relação aos demais. A necessidade de reunir simultaneamente vários atributos desejáveis na obtenção de genótipos superiores pode ser solucionada pela seleção simultânea de características, assim, a utilização dos índices de seleção é alternativa eficiente, pois permite a seleção com base em várias características de interesse.

Santos et al. (2008) compararam estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro quanto ao vigor e incidência de verrugose. Avaliaram 75 progênies de meios-irmãos, quanto ao vigor e incidência de verrugose, segundo critério de notas variando de um a cinco. Simulou-se a seleção para resistência à verrugose e vigor, por três métodos de índices de seleção, envolvendo os dois caracteres. A seleção combinada proporcionou ganhos genéticos superiores aos índices de seleção, caracterizando-se como promissora na seleção de progênies com menor incidência de verrugose.

A seleção das progênies de meios-irmãos de maracujazeiro desenvolvida por Negreiros et al. (2004) utilizou uma escala de notas variando de 1 a 5, plantas mais vigorosas e resistentes à verrugose. A seleção das progênies foi simulada por dois índices de seleção envolvendo os dois caracteres. Como resultado, o índice de seleção 2, com peso -2:1 (resistência à verrugose: vigor), se mostrou mais adequado para o trabalho, pois previu ganhos mais equilibrados, em torno de 10% para cada um dos caracteres, considerando as 10 melhores progênies (25%).

Com o objetivo de obter maiores ganhos genéticos preditos, Gonçalves et al. (2007) avaliaram alternativas de seleção em uma população de maracujá amarelo estruturada no Delineamento I, sendo avaliadas seis características em 113 progênies em dois locais. As alternativas que apresentaram os maiores ganhos preditos foram a seleção combinada e a seleção entre famílias de machos, tendo os índices de Mulamba e & Mock e Pesek & Baker apresentado os maiores ganhos preditos. De acordo com os autores, estes índices, aliados às alternativas estudadas, têm potencial para a seleção de progênies superiores de maracujá amarelo.

Utilizando o Delineamento I de Comstock e Robinson (1948), podem ser estimados os coeficientes de correlação genética aditiva (Furtado, 1996), ou seja, a fração herdável da correlação genética. A principal causa da correlação genética, de acordo com Falconer (1987), é a pleiotropia, pois as ligações gênicas são causas transitórias.

ÍNDICES DE SELEÇÃO

O principal objetivo no melhoramento é a obtenção de genitores que agreguem uma série de atributos favoráveis. No entanto, sabe-se que a seleção baseada em um ou em poucos caracteres pode se mostrar inadequada, uma vez que correlações negativas entre os caracteres de interesse podem ser observadas.

Em outros casos, o melhorista seleciona levando em conta todos os caracteres de importância econômica, mas o faz de maneira subjetiva, ou seja, sem um bom suporte científico.

Smith (1936) propôs o uso de índice de seleção nos programas de melhoramento de plantas como critério de seleção, com finalidade de selecionar diversos caracteres simultaneamente. HAZEL (1943) adaptou esse procedimento ao melhoramento animal. De acordo com esses autores, o estabelecimento do índice de seleção baseia-se no fato de que cada indivíduo tem um valor genético global que lhe é peculiar. Tal valor genético, para fins de seleção, corresponde a estimativas das variâncias genotípicas e fenotípicas e das covariâncias fenotípicas e genotípicas entre cada par de características de importância econômica, sendo determinado para cada característica um valor econômico relativo.

Os 'ganhos genéticos desejados' de características individuais num programa de seleção foram propostos por Pesek & Baker (1969) para substituir os pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção. Esta modificação necessita da média dos genótipos e das matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica para calcular os coeficientes dos índices, de forma que o índice obtido resulte em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na especificação do ganho desejado.

As dificuldades para estabelecer pesos econômicos levaram Cruz (1990) a propor estimar pesos econômicos a partir de estatísticas dos próprios dados experimentais, em que o coeficiente de variação genético é um bom referencial, devido ao fato de ser um caráter adimensional, diretamente proporcional à variância genética.

Mulamba & Mock (1978) propuseram o índice com base na classificação dos genótipos em relação a cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificadas as ordens de cada genótipo referente a cada caráter, são somados os postos (ranks), resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção.

Schwarzbach (1972), citado por Wricke & Weber (1986), calculou, com base nas médias fenotípicas ajustadas, as distâncias de cada indivíduo a um genótipo. Os indivíduos foram, dessa forma, classificados com base na distância que apresentaram do ideótipo, sendo considerados melhores aqueles cujas distâncias foram as menores.

Por meio de quatro índices de seleção, Oliveira et al. (2008) avaliaram os ganhos genéticos preditos, em seis características relacionadas ao fruto, avaliando 16 progênes de meios-irmãos de maracujá amarelo. O índice utilizado foi o da distância genótipo-ideótipo com pesos econômicos em que pesos maiores para peso e número de frutos por planta se mostraram mais promissores.

Silva et al. (2009), utilizando seleção direta e índice de Mulamba & Mock em maracujá amarelo, simularam ganhos genéticos envolvendo 26 progênes de meios-irmãos, das quais, 18 superiores foram selecionadas com base no índice, proporcionando ganhos de 1,03% e 3,18% para número de frutos e peso, respectivamente.

Krause et al. (2012) observaram que o uso do índice de seleção proporcionou ganhos genéticos positivos em produtividade, percentagem e peso de polpa, comprimento, diâmetro e peso de frutos e espessura de casca para 26 famílias de irmãos completos e quatro testemunhas.

Na literatura, são encontrados vários índices de seleção, que podem ser utilizados no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2004). Tais índices são geralmente constituídos por estimativas de parâmetros genéticos e médias fenotípicas obtidas pelo método da análise de variância. Os índices são obtidos como combinações lineares das medidas de diversos caracteres, podendo ser

eficientes, uma vez que permitem a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuem diferentes pesos aos caracteres estudados e valorizam atributos julgados de maior importância pelo pesquisador (Falconer, 1987). No entanto, o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) são uma alternativa na construção de índices que podem resultar em processos seletivos acurados (Resende, 2002).

Pedroso et al. (2009) compararam a eficiência de três índices de seleção construídos de componentes de variância estimados e valores genotípicos preditos pela metodologia REML/BLUP, em três populações de cana-de-açúcar. Os autores concluíram que o índice multiplicativo foi o mais eficiente na seleção de genótipos superiores de cana-de-açúcar, podendo aumentar as chances de sucesso em programas de melhoramento desta cultura.

3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS

OBTENÇÃO DAS PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS

As progênies de irmãos completos avaliadas foram obtidas através de cruzamentos combinados, envolvendo 27 progênies de meios-irmãos alocadas em experimento com repetição. Dessa forma, foram obtidas as 81 combinações, que foram avaliadas neste experimento, no delineamento em látice quadrado simples.

O primeiro passo para os cruzamentos foi a identificação ainda pela manhã dos botões de cada um dos dois genótipos (materno e paterno) predefinidos, que estariam aptos a serem utilizados no dia, ou seja, botões próximos à antese, sendo eles marcados e ensacados com sacos de papel, para evitar a polinização indesejada de insetos polinizadores. Após a abertura das flores, que se deu por volta do meio dia, a proteção foi retirada e os grãos de pólen através de um pincel foram transferidos para o estigma, sendo em seguida as flores novamente ensacadas para evitar contaminações por grãos de pólen estranho. Estas flores foram então marcadas com etiquetas constando os dados do cruzamento. No dia

seguinte a esse procedimento, os sacos de papel foram retirados para que, em decorrência da movimentação devida ao vento, os sacos não acabassem provocando a queda das flores. Quinze dias após estes procedimentos, os frutos foram ensacados com sacos de nylon para que com o amadurecimento ele caíssem no saco e assim pudessem ser facilmente identificados.

Os frutos oriundos de recombinação, 50 a 60 dias após o cruzamento, foram colhidos e suas sementes lavadas, secas e armazenadas em geladeira. As sementes das progênies recombinadas, que são progênies de irmãos completos, foram plantadas em outubro/novembro de 2011 e avaliadas durante o ano de 2012.

DESCRIÇÃO DO EXPERIMENTO E DELINEAMENTO

O experimento foi instalado na área de experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, município de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, com latitude sul de 21° 45', longitude 41° 20' W e 11 m de altitude, classificada como tropical chuvoso, clima de bosque, precipitação média anual de 1023 mm, evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23°C.

O sistema de condução foi o de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m, espaçados de 4 metros e com um fio de arame número 12 a partir de 1,80m do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 m para possibilitar a mobilização de máquinas dentro do experimento. Os tratos culturais foram os recomendados pela cultura do maracujazeiro (Manica, 1981). O delineamento estatístico utilizado foi o látice quadrado simples, com duas repetições, e parcela experimental constituída de 3 plantas.

CARACTERÍSTICAS AVALIADAS

Foram feitas as seguintes avaliações:

Características quantitativas:

✓ Número de dias para o florescimento (NDF)

A avaliação do número de dias para o florescimento (precocidade) das plantas foi feita por meio da contagem do número de dias transcorridos desde o plantio em campo até o aparecimento da primeira flor na parcela.

✓ Número de frutos por parcela (NF)

Na primeira florada foram feitos cálculos do número de frutos, contando-se todos os frutos na parcela.

✓ Peso médio de frutos em gramas (PF)

Os frutos provenientes de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo das estações do ano foram pesados por meio de balança digital.

✓ Peso total de frutos por parcela (PT)

Os frutos provenientes de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo das estações do ano foram pesados por meio de balança digital.

✓ Comprimento médio de frutos em mm (CF)

Os frutos provenientes de amostras de dez frutos por parcela foram medidos nas dimensões longitudinais dos frutos, com um paquímetro digital.

✓ Largura média de frutos em mm (LF)

Os frutos provenientes de amostras de dez frutos por parcela foram medidos nas dimensões transversais dos frutos, com um paquímetro digital.

✓ Espessura média de casca em mm (EC)

A espessura de casca foi determinada pela medição de quatro pontos da casca na porção mediana dos frutos (cortados transversalmente, no sentido de maior diâmetro), com um paquímetro digital, tendo sido utilizadas amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo do ciclo produtivo.

✓ Peso de polpa (PP)

Foram pesadas as polpas (sementes com arilo) de amostras de dez frutos por parcela.

✓ Teor de sólidos solúveis (SS)

Após a pesagem da polpa, ela foi pipetada e duas gotas utilizadas na determinação do teor de sólidos solúveis através de refratômetro digital portátil

ATAGO N1, com leitura na faixa de 0° a 32° graus de brix de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo do ciclo produtivo.

Características qualitativas:

✓ Cor de polpa (CP)

A coloração da polpa foi obtida pela avaliação visual da coloração da polpa de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo do ciclo produtivo, por meio de uma escala de notas para classificação de cores (Quadro 4.1).

Quadro 4.1- Escala de notas adotadas para avaliação da coloração da polpa

Nota	6	5	4	3	2	1
Cores						
Descrição	Laranja	Laranja claro	Ouro	Amarelo	Amarelo claro	Amarelo branqueado

Fonte: Adaptada de Linhales (2007)

✓ Cor de casca (CC)

A coloração da casca foi obtida pela avaliação visual da coloração da casca de amostras de dez frutos por parcela coletados ao longo do ciclo produtivo, por meio de uma escala de notas para classificação de cores (Quadro 4.2).

Quadro 4.2- Escala de notas adotadas para avaliação da coloração da casca

Nota	4	3	2	1
Cores				
Descrição	Roxo	Roxo amarelado	Amarelo aroxeadado	Amarelo

ESTIMATIVA DOS GANHOS POR MEIO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO

A predição dos ganhos por índices de seleção foi fundamentada na seleção de progênies mais produtivas (maior número de frutos e produção), com maior

peso, comprimento e largura de frutos, mais precoces e com maior qualidade industrial (maior porcentagem de sólidos solúveis, porcentagem de polpa, coloração mais alaranjada e menor espessura de casca). As estimativas da predição dos ganhos por seleção, utilizando índices de seleção, foram feitas com base nas médias obtidas no experimento.

O diagnóstico de multicolinearidade dos caracteres foi feito pelo programa computacional GENES (Cruz, 2006), anteriormente à obtenção dos índices com o objetivo de garantir a confiabilidade das variâncias estimadas e, portanto, viabilizar o estudo dos índices de seleção.

O modelo genético-estatístico utilizado para a estimação dos componentes de variação e predição dos valores genotípicos das progênes foi expresso pela equação

$$y = Xr + Za + Wb + e, \text{ em que:}$$

✓ y é o vetor de dados;

✓ r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

✓ a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

✓ b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); e

✓ e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A análise dos dados foi feita utilizando os seguintes programas computacionais: Selegem, para as estimativas REML/BLUP (Resende, 2007), e Genes (Cruz, 2006).

Os índices de seleção clássico(IC), multiplicativo(IM), e com base na soma de postas(ISR), construídos a partir de metodologia REML/BLUP, são sucintamente apresentados a seguir:

$$\checkmark IC = ((p \cdot NF) \cdot (VG \cdot NF)) + ((p \cdot PT) \cdot (VG \cdot PT)) + ((p \cdot PF) \cdot (VG \cdot PF)) + ((p \cdot CF) \cdot (VG \cdot CF)) + ((p \cdot LF) \cdot (VG \cdot LF)) + ((p \cdot EC) \cdot (VG \cdot EC)) + ((p \cdot PP) \cdot (VG \cdot PP)) + ((p \cdot SS) \cdot (VG \cdot SS)) + ((p \cdot NDF) \cdot (VG \cdot NDF)) + ((p \cdot CP) \cdot (VG \cdot CP)) + ((p \cdot CC) \cdot (VG \cdot CC))$$

$$IM = (VG \cdot NF) + (VG \cdot PT) + (VG \cdot PF) + (VG \cdot CF) + (VG \cdot LF) + (VG \cdot EC) + (VG \cdot PP) + (VG \cdot SS) + (VG \cdot NDF) + (VG \cdot CP) + (VG \cdot CC)$$

$$\checkmark ISR = (r \cdot VG \cdot NF) + (r \cdot VG \cdot PT) + (r \cdot VG \cdot PF) + (r \cdot VG \cdot CF) + (r \cdot VG \cdot LF) + (r \cdot VG \cdot EC) + (r \cdot VG \cdot PP) + (r \cdot VG \cdot SS) + (r \cdot VG \cdot NDF) + (r \cdot VG \cdot CP) + (r \cdot VG \cdot CC)$$

Em que:

- ✓▪: sinal de multiplicação;
- ✓p: peso econômico estabelecido para o caráter;
- ✓VG: valor genotípico predito; e
- ✓r: posto de progênies.

A eficiência dos índices de seleção foi obtida por meio do coeficiente de coincidência dos genótipos selecionados por estes índices e dos genótipos selecionados com base no caráter PT. Adicionalmente, foram estimados os ganhos genéticos obtidos pelos índices de seleção, o ganho com a seleção direta para o caráter PT e os ganhos indiretos para este caráter via seleção pelos índices. Os ganhos genéticos estimados foram obtidos pela média dos valores genotípicos preditos dos indivíduos selecionados.

3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 2 contém as estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2), ou seja, dos efeitos aditivos, dos desvios padrão (σ) dos valores genotípicos preditos, das médias gerais (\bar{X}) e das acurácias (A_c) para as características NF, PT, PF, CF, LF, PP, EC, SS, NDF, CP, C

As estimativas de herdabilidade apresentaram valores que variaram de 0,0801 a 0,8816 (Tabela 2). As duas características mais importantes avaliadas, número de frutos (NF) e produção total (PT), apresentaram estimativas de herdabilidade, 0,0801 e 0,3108, respectivamente. Oliveira et al. (2008) encontraram valores de herdabilidade de médias de progênies de 0,11 a 0,57. Silva et al. (2009), ao avaliarem 26 famílias de meios-irmãos, obtiveram coeficientes de herdabilidade de 0,36 a 0,83, para características agrônômicas. Krause et al. (2012) observaram, para 26 FIC e quatro testemunhas selecionadas, valores de herdabilidade variando de 31,76 a 58,05 para oito características.

O valor de baixa magnitude de herdabilidade para NF indica que esta característica possivelmente tenha sido a mais afetada pelo ambiente. Para NF, Linhales (2007), Oliveira et al. (2008) e Silva et al. (2009) encontraram estimativas

de herdabilidade de 0,33, 0,54 e 0,36, respectivamente, mostrando certa discordância entre essas estimativas e a obtida nesse trabalho. Por outro lado, a maior estimativa obtida foi para a característica cor de casca (CC), 0,8816.

A magnitude moderada do valor de herdabilidade para PT está muito aquém do valor encontrado por Moraes *et al.* (2005) de herdabilidade de 0,83 para esta característica em uma população composta de amostras de 100 plantas F1, derivadas de um cruzamento divergente. Já Krause *et al.* (2012) observaram, para 26 FIC e quatro testemunhas selecionadas, valor alto de herdabilidade (0,52) para produtividade.

Para a característica peso médio de fruto (PF), a estimativa foi de 0,3699. Em outros trabalhos, a estimativa variou de 0,50 a 0,70 (Viana *et al.*, 2004; Moraes *et al.*, 2005; Linhales, 2007; Goncalves *et al.*, 2007; Oliveira *et al.*, 2008; Silva *et al.*, 2009 e Krause *et al.*, 2012). A seleção de progênies com maior PF é muito interessante, pois um material genético com esta característica pode representar um ganho a mais para os produtores, podendo atingir preços muito mais atrativos se destinados ao mercado *in natura* (MELETTI *et al.*, 2000).

Tabela 2- Estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h_a^2), desvio padrão do valor genotípico (σ), média geral (\bar{X}) e índice de variação (Iv) provenientes de 11 características avaliadas em 81 progênies de irmãos completos de maracujazeiro amarelo no município de Campos dos Goytacazes, RJ

Características	Parâmetros			
	h_a^2	σ	\bar{X}	Iv
NF	0,0801	7,3801	135,8594	0,1445
PT	0,3108	3447,0697	18867,3195	0,6109
PF	0,3699	13,3048	176,7506	0,6714
CF	0,1113	0,5292	84,0072	0,1838
LF	0,6143	4,9081	75,7895	1,3002
PP	0,4126	5,4221	74,0490	0,7130
EC	0,1875	0,1952	8,0924	0,2731
SS	0,6378	0,4188	14,2781	0,9146
NDF	0,3838	1,3328	185,3441	1,1402
CP	0,1818	0,0623	3,7152	0,2681
CC	0,8816	0,4332	1,1402	1,6262

As estimativas de herdabilidade não devem ser extrapoladas para outras populações, pois, segundo Borém (2001), elas podem variar de acordo com a característica avaliada, o método de estimação, a diversidade na população, a unidade experimental considerada, o tamanho da amostra avaliada, o nível de endogamia da população, o número e tipos de ambientes considerados e a precisão na condução do experimento e na coleta de dados.

Para características de interesse ao processamento industrial como espessura de casca (EC), teor de sólidos solúveis (SS), cor da polpa (CP) e porcentagem da polpa (PP), as estimativas de herdabilidade foram de 0,1875, 0,6378, 18,18 e 0,4126, respectivamente. Para EC, Silva et al. (2009) e Krause et al. (2012) encontraram estimativa de 0,1945 e 0,5212, respectivamente. Para CP, Linhales (2007) e Silva et al. (2009) obtiveram estimativa de 0,42 e 0,19, respectivamente, sendo estes os únicos trabalhos encontrados na literatura que relatam avaliação desta característica. Em relação a SS, Viana et al. (2004) encontraram estimativa de herdabilidade nula, Moraes et al. (2005) obtiveram estimativa de quase 0,80, Silva et al. (2009), valores de magnitude 0,4593, enquanto Krause et al. (2012) encontraram estimativa de 0,3658, evidenciando maior discrepância nas estimativas para esta característica. Para PP, alguns trabalhos mostraram estimativas acima de 0,50 (MORAES et al., 2005; LINHALES, 2007; Silva et al., 2009; Krause et al., 2012), já em outros, estas foram baixas 0,28 (OLIVEIRA et al., 2008) e até nulas (VIANA et al., 2004).

Ganhos elevados são obtidos quando se dispõe de altas estimativas de herdabilidade, e a relação entre os coeficientes de variação genético e experimental é superior à unidade (CRUZ et al., 1993). O parâmetro índice de variação (I_v) é, portanto, importante na definição da melhor estratégia de melhoramento para cada característica, pois ele representa a razão entre o CV_g e CV_e , não sendo influenciado pela média do caráter. Segundo Vencovsky (1987), esse índice é utilizado para determinar as chances de sucesso na seleção, e dependerá de sua magnitude, principalmente para as situações em que for igual ou superior à unidade.

As características PF, PT, PP, SS podem proporcionar ganhos genéticos aceitáveis, uma vez que a magnitude de I_v foi maior que 0,5. Por outro lado, NF, CF, EC, CP exibiram valores inferiores a 0,5. Nesse caso, fica evidenciada uma maior proporção de variação ambiental, que é uma situação menos favorável ao

melhoramento, mas que pode ser contornada com a utilização de métodos de melhoramento mais elaborados, como a seleção recorrente e suas derivações. Para LF, NDF e CC, os valores de magnitude de I_v são superiores à unidade, permitindo vislumbrar ganhos genéticos elevados.

Silva (2009) mostra para a característica peso médio de fruto um I_v maior do que a unidade. Todavia, as características dias para o florescimento, peso de fruto, comprimento de fruto, largura de fruto, número total de frutos, espessura de casca, teor de sólidos solúveis totais e peso da polpa revelaram magnitude de I_v maiores que 0,5. Por outro lado, cor de polpa e produção total foram as únicas características com valores inferiores a 0,5.

De uma maneira geral, as estimativas de herdabilidade obtidas na população avaliada no presente trabalho estão em consonância com as obtidas em outros trabalhos e proporcionaram ótimos ganhos genéticos (Tabela 3). Além disso, no caso da seleção recorrente intrapopulacional, o objetivo é aumentar gradativamente a frequência dos alelos favoráveis para características quantitativas por meio dos repetidos ciclos de seleção e recombinação (Hallauer, 1992).

A Tabela 3 mostra as estimativas dos ganhos percentuais preditos para 81 progênies de irmãos completos, sendo a seleção praticada em 11 características obtidas no programa Selegen, por meio de três abordagens:

- ✓ índice aditivo, trabalha com os valores genéticos padronizados em que são fornecidas as importâncias econômicas relativas ou pesos dos caracteres;
- ✓ índice multiplicativo, em que o agregado genotípico se refere ao produto dos caracteres;
- ✓ índice de rank médio, adaptado de Mulamba e Mock, em que os valores genotípicos são classificados para cada caráter, e a média dos *rankings* de cada genótipo para todos os caracteres é apresentada como resultado final.

O programa empregado trabalha com os valores genotípicos preditos e não com os valores fenotípicos e permite especificar se o interesse da seleção refere-se aos maiores ou menores valores genéticos preditos de cada caráter, propiciando a definição da direção da seleção do maior para o menor ou do menor para o maior. Permite também desconsiderar o caráter no índice de seleção.

Conforme pode ser observado na Tabela 3, em termos de ganhos percentuais esperados, os índices foram capazes de proporcionar ganhos consideráveis, ressaltando-se que esses ganhos são no sentido positivo para as características NF, PT, PF, CF, LF, PP, SS, e em sentido negativo para EC E NDF. No presente estudo, a característica PT foi considerada a principal.

O uso do índice clássico permitiu após várias tentativas, atribuindo pesos variados, obter ganhos percentuais favoráveis nas características de 33,5210% (Tabela 3).

Com o objetivo de estimar o ganho de seleção associado a características agronômicas de importância no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo Krause et al., 2012, com avaliação de 111 famílias de irmãos completos (FIC) e seis cultivares comerciais, utilizadas como testemunhas observaram que o uso do índice de seleção proporcionou ganhos genéticos positivos em produtividade, percentagem e peso de polpa, comprimento, diâmetro e peso de frutos, e espessura de casca.

O índice de seleção multiplicativo permitiu ganhos superiores ao do índice clássico, porém inferiores aos observados pelo índice com base na soma de postos.

Gonçalves et al. (2007) obtiveram, para uma população de maracujá amarelo, estruturada no Delineamento I, o melhor ganho genotípico, utilizando o índice de Mulamba e Mock (1978). No presente estudo, o índice de rank médio, adaptado de Mulamba e Mock, em que os valores genotípicos são classificados para cada caráter, e a média dos *rankings* de cada genótipo para todos os caracteres é apresentada como resultado final, tendo sido o índice com melhores ganhos totais, o qual atendeu ao objetivo desse estudo com famílias de maracujazeiro alcançando ganho de 181,6794% (Tabela 3).

Neves et al. (2011), em trabalho com o objetivo comparar os ganhos preditos obtidos com a seleção simultânea de caracteres utilizando vários índices de seleção nas diferentes características do fruto do maracujazeiro amarelo, em 113 famílias, verificaram que os índices Smith e Hazel, Pesek e Baker, Williams e Mulamba e Mock foram satisfatórios, visto terem proporcionado ganhos totais satisfatórios com base nas análises genotípica e fenotípica.

Tabela 3- Ranqueamento de 81 progênies com base nos ganhos genéticos esperados, utilizando os índices clássico (IC), multiplicativo (IM), e com base na soma de postos (ISR) para 11 características.

Estratégias de seleção						
Ordem	IC		IM		ISR	
	Progênie	Ganho %	Progênie	Ganho %	Progênie	Ganho %
1	30	33,5210	54	169,0865	34	181,6794
2	35	32,5581	48	166,0409	35	180,6084
3	19	31,9938	42	164,1810	30	162,9454
4	20	31,2980	26	158,5410	75	147,6510
5	24	30,5091	66	148,5940	38	135,6322
6	12	29,7704	67	141,1710	24	125,0000
7	28	28,9660	18	132,1122	67	117,7909
8	49	28,1955	25	124,3413	5	111,7647
9	75	27,5260	75	117,9699	18	106,9159
10	80	26,8377	13	112,6605	17	102,1918
11	34	26,2520	38	108,1941	19	98,3871
12	13	25,5732	80	104,3584	54	94,7230
13	54	24,9417	35	100,8797	3	91,6500
14	10	24,3582	30	97,8325	45	87,9913
15	6	23,7465	34	94,6167	49	84,9315
16	11	23,1381	24	91,7002	44	82,2222
17	31	22,5104	39	89,1163	27	79,8452
18	16	21,9393	49	86,2579	36	77,1200
19	36	21,3759	17	83,6451	12	74,5332
20	17	20,8650	8	81,2144	62	72,1885
21	53	20,3684	62	78,9333	9	70,0834
22	62	19,8450	5	76,5585	80	68,1790
23	23	19,3383	10	74,3281	66	66,4118
24	66	18,8409	3	72,1010	15	64,3958
25	38	18,3741	11	70,0205	26	62,4406
26	5	17,8977	20	68,0301	10	60,5153
27	48	17,4131	45	66,1766	16	58,6718
28	27	16,9497	16	64,4331	13	56,6404
29	8	16,5011	53	62,8076	43	54,7953
30	14	16,0823	19	61,2484	6	52,9217
31	18	15,6875	36	59,7479	25	51,1096
32	15	15,3117	1	58,2312	39	49,3738
33	71	14,9584	15	56,7814	14	47,6716
34	45	14,5840	12	55,3683	56	46,0876
35	44	14,2249	9	54,0196	55	44,6087
36	25	13,8819	57	52,7257	53	43,1928
37	43	13,5574	27	51,4623	47	41,8346
38	57	13,2407	6	50,2384	61	40,5010
39	32	12,9105	14	48,9907	1	39,1107
40	41	12,5751	41	47,8046	69	37,7637
41	9	12,2384	71	46,6281	28	36,4940
42	7	11,9097	59	45,4762	41	35,2828
43	68	11,5947	76	44,3266	2	34,0571
44	76	11,2762	55	43,1555	48	32,8315
45	46	10,9585	68	42,0222	4	31,6290
46	64	10,6542	32	40,9211	73	30,4789
47	61	10,3530	46	39,8637	31	29,3771
48	3	10,0595	60	38,8282	8	28,2828

Cont. Tabela 3

Estratégias de seleção						
Ordem	IC		IM		ISR	
	Progênie	Ganho %	Progênie	Ganho %	Progênie	Ganho %
49	67	9,7773	21	37,8281	7	27,2145
50	33	9,4814	63	36,8637	21	26,1625
51	63	9,1679	31	35,9318	20	25,1346
52	56	8,8465	64	35,0178	78	24,1219
53	40	8,5222	78	34,1232	23	23,0774
54	26	8,1994	52	33,2600	42	22,0731
55	39	7,8849	4	32,4140	11	21,1136
56	29	7,5786	2	31,5874	57	20,1675
57	81	7,2826	74	30,7666	68	19,2617
58	47	6,9884	77	29,9499	22	18,3543
59	1	6,6912	7	29,1412	71	17,4779
60	65	6,3979	29	28,3110	70	16,6307
61	55	6,1097	23	27,5005	33	15,7692
62	52	5,8197	58	26,6914	74	14,9071
63	2	5,5319	40	25,8523	76	14,0677
64	22	5,2373	50	24,8938	32	13,2608
65	60	4,9493	81	23,9320	51	12,4683
66	58	4,6541	79	22,7273	64	11,6593
67	69	4,3628	22	20,8955	29	10,8754
68	59	4,0612	28	19,1176	63	10,1106
69	51	3,7659	33	17,3913	52	9,3639
70	50	3,4774	37	15,7143	46	8,6298
71	74	3,1724	44	14,0845	60	7,9258
72	70	2,8704	51	12,5000	40	7,2415
73	37	2,5714	56	10,9589	72	6,5040
74	72	2,2564	61	9,4595	77	5,7102
75	78	1,9449	69	8,0000	58	4,9289
76	77	1,6305	70	6,5789	65	4,1483
77	21	1,2996	72	5,1948	37	3,3613
78	4	0,9734	73	3,8462	50	2,5913
79	73	0,6496	43	2,5316	81	1,7522
80	42	0,3320	47	1,2500	59	0,9231
81	79	0,0000	65	0,0000	79	0,0000

Os índices têm diferentes princípios para promover a seleção, obtendo ganhos distintos. Como o objetivo principal deste trabalho foi melhorar o peso total e ainda o aumento do peso médio de fruto, peso de polpa, comprimento e largura de fruto, teor de sólidos solúveis e diminuir a espessura de casca e número de dias para o florescimento, uma comparação simples entre os resultados dos ganhos mostra que os três índices empregados proporcionaram ganhos satisfatórios de até 181,6794%. No entanto, a eficiência de seleção ao se utilizar um determinado índice é uma característica inerente à população estudada.

3.3.5. CONCLUSÃO

O índice que tem por base a soma de postos foi o que mostrou maior eficiência de seleção de progênies superiores de maracujazeiro amarelo para várias características, podendo aumentar a chance de sucesso em programas de melhoramento desta cultura.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allard, R. W. (1999) Principles of plant breeding. 2. ed. New York: J. Wiley. 254 p.
- Albuquerque, A. S. (2001) Seleção de genitores e híbridos em maracujazeiro (*Passiflora edulis* Sims). Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento)- Universidade Federal de Viçosa, p.90.
- Amaral Júnior, A. T.; Viana, A. P.; Gonçalves, L. S. A.; Barbosa, C. D. (2010) Procedimentos Multivariados em Recursos genéticos vegetais. In: Pereira, T. N. S. (ed). Germoplasma: Conservação, Manejo e Uso no Melhoramento de Plantas. Viçosa, MG: Arca, p.205- 254.
- Buainain, A. M.; Batalha, M. O. (2007) Cadeia produtiva de frutas. Brasília : IICA/MAPA/SPA. v.7, 102 p.
- Cabral, P. D. S.; et al. (2010) Quantification of the diversity among common bean accessions using Ward-MLM strategy. *Pesq. agropec. bras.* [online]. vol.45, n.10, pp. 1124-1132 .
- Costa, A. F. S.; Castanheira, J. L. M.; Cotta, T. C. A. (2005) Industrialização. In: Costa, A. F. S.; Costa, A. N. da. Tecnologias para produção de maracujá. Vitória-ES: INCAPER. p.179-196.

- Costa, A. F. S. da; Costa, A. N. da. (2005) Polo de Maracujá no Estado do Espírito Santo: Importância socioeconômica e potencialidades. In: Costa, A. F. S. da; Costa, A. N. da. Tecnologias para produção de maracujá. Vitória-ES: INCAPER, p.13-20.
- Costa, R. B.; Castanheira, J. L. M.; Cotta, T. C. A. (2000) Selection and genetic gain in rubber tree (*Hevea*) populations using a mixed mating system. *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v. 23, n. 3, p. 671- 679,.
- Cruz, C. D.; Carneiro, P. C. S. (2003) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV. v. 2, 585 p.
- Barbé, T. da C.; Amaral Júnior, A.T. do; Gonçalves, L.S.A.; Rodrigues, R.; Scapim, C.A. (2010) Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. *Euphytica*, v.173, p.337-343.
- Beal, P. R. (1969) Cytology of the native Australian *Passiflora* species. 1. Chromosome number and horticultural value. *Queensland Journal of Agricultural and Animal Sciences*, v. 26, n. 3, p. 407-421.
- Bellon, G.; Faleiro, F. G.; Junqueira, K. P.; Junqueira, N. T. V.; Santos, E. C.dos; Braga, M. F.; Guimarães, C. T. (2007) Variabilidade genética de acessos silvestres e comerciais de *Passiflora edulis* Sims., com base em marcadores RAPD. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, vol.29, n.1.
- Borém, A. (2001) Melhoramento de plantas. Viçosa: UFV. 500p.
- Bueno Filho, J. S. S. (1997) Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais. 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- Bruckner, C. H. (1997) Perspectivas do melhoramento genético do maracujazeiro. In: Manica, I. (ed) Maracujá: melhoramento, morte prematura, polinização, taxonomia. Porto Alegre: Cinco Continentes. p. 25-46.

- Carvalho, A. D. F.; Fritsche Neto, R.; Geraldi, I. O. (2008), Estimation and prediction of parameters and breeding values in soybean using REML/BLUP and Least Squares. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 8: p 219-224.
- Carneiro, M. S.; Camargo, L. E. A.; Coelho, A. S. G.; Vencovsky, R.; Leite Júnior, R. P.; Stenzel, N. M. C.; Vieira, M. L. C. (2002) RAPD-based genetic linkage maps of yellow passion fruit (*Passiflora edulis* Sims *f. flavicarpa* Deg.). *Genome*, v. 45, p. 670- 678.
- Cavichioli, J. C. ; Ruggiero, C. ; Volpe, C. A. ; Paulo, E. M. ; Fagundes, J. L.; Kasai, F. S. (2006) Florescimento e frutificação do maracujazeiro amarelo submetido à iluminação artificial, irrigação e sombreamento. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal - SP, v. 28, n.1, p. 92-96.
- Costa, A. F. S. da; Costa, A. N. da. Polo de Maracujá no Estado do Espírito Santo: Importância socioeconômica e potencialidades. In: Costa, A. F. S. da; Costa, A. N. da. *Tecnologias para produção de maracujá*. Vitória-ES: INCAPER, p.13-20. 2005.
- Crossa, J.; Franco, J. (2004) Statistical methods for classifying genotypes. *Euphytica*, v.137, p.19-37.
- Cunha, M. A. P.; Barbosa, L. V.; Faria, G. A. (2005) Botânica. In: Lima, A. A.; Cunha, M. A. P. *Maracujá: Produção e qualidade na passicultura*. Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas, p. 15-35.
- Cunha, M. A. P. (2000) Criação e seleção de variedades de maracujazeiro. In: Reunião técnica de pesquisa em maracujazeiro. Londrina: IAPAR-SBF. 97p.
- Cunha, M. A. P. (1996) Recursos genéticos e modificações em métodos de seleção para produtividade em maracujá. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 18, n. 3, p. 423-423.

- Cunningham, E.P. ; Henderson, C.R. (1968) an iterative procedure for estimating fixed effects and variance components in mixed model situations *Biometrics* 24:13-25.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: UFV, v. 1.
- Cruz, C.D.; (2003) Carneiro, P.C.S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, v.2.
- Dantas, J. L. L.; Soares Filho, W. S.; Oliveira, J. R. P.; Cabral, J. R. S.; Barbosa, L. V.; Cunha, M. A. P.; Ritzinger, R.; Silva, S. O. (2001) Melhoramento de fruteiras de clima tropical. In: Nass, L. L.; Valois, A. C. C.; Melo, I. S. de; Valadares-Ingliš, M. C. (Org.). Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT, v.1, p. 479-547.
- Dieters, M. J. J. (1996) Genetic parameters for slash pine (*Pinus elliottii*) growth in southeast Queensland, Australia: growth, stem straightness and crown defects. *Forest Genetics*, v. 3, n.1, p. 27-36.
- Dieters, M. J. J.; White, T. L.; Hodge, G. R. (1995) Genetic parameter estimates for volume from full-sib tests of slash pine (*Pinus elliottii*). *Canadian Journal of Forest Research*, Ottawa, v. 25, p. 1397-1408.
- Duda, L. L. (2003) Seleção genética de árvores de *Pinus taeda* L. na região de Arapoti, Paraná. 50f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- Dudley, J.W.; Moll, R.H. (1969) Interpretation and use of estimation of heritability and genetic variance in plant breeding. *Crop Science*, Madison v.2, n.3, p.257-262.
- Falconer, D.S. (1987) Introdução à genética quantitativa, Trad. Silva, M.A. & Silva, J.C. Viçosa, UFV. Imprensa Universitária. 279p.

- Falconer, D. S. (1981) Introdução à genética quantitativa. Tradução de M. A. Silva e J. C. Silva. Viçosa: UFV, Impr. Univ. 279 p.
- Ferreira, F. R. (1998) Germoplasma de maracujá. In: Cunha, M. P. (ed.) Reunião Técnica: Pesquisa em Maracujazeiro no Brasil. Cruz das Almas: EMBRAPACNPMF. p. 48-53.
- Farias Neto, J. T.; Resende, M. D. V. ; Oliveira, M. do S. P. ; Nogueira, O. L.; Falcão, P. N. B.; Santos, N. S. A. dos. (2008) Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açaizeiro. Revista Brasileira de Fruticultura, vol.30, n.4, p.1051- 1056.
- Filho, A. G. (2009) Diversidade Genética em acessos de Goiabeiras (*Psidium guajava* L.) Provenientes de Bom Jesus do Itabapoana-RJ. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Campos dos Goytacazes- RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro- UENF. p.134.
- Franco, J.; Crossa, J.; Taba, S.; Shands, H. (2005) A sampling strategy for conserving genetic diversity when forming core subsets. Crop Science, v.45, p.1035-1044.
- Franco, J.; Crossa, J.; Villaseñor, J.; Taba, S.; Eberhart, S.A. (1998) Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. Crop Science, v.38, p.1688-1696.
- Gonçalves, L.S.A.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A.T. do; Karasawa, M.; Sudré, C.P. (2009) Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using Ward-modified location model. Genetics and Molecular Research, v.8, p.364-374.
- Gower, J. C. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, v. 27, p. 857-874.

- Gutiérrez, L.; Franco, J.; Crossa, J.; Abadie, T. (2003) Comparing a preliminary racial classification with a numerical classification of the maize landraces of Uruguay. *Crop Science*, v.43, p.718-727.
- Grech, N. M.; Rijkenberg, F. H .J. (1991) Laboratory and field evaluation of the performance of *Passiflora caerulea* as a rootstock tolerant to certain fungal root pathogens. *Journal of Horticultural Science*, v. 66, n. 6, p. 725-729.
- Hair Junior, J. F.; Anderson, R. E.; Tatham, R. L.; Black, W. C. (2005) Análise multivariada de dados. 5. ed. Porto Alegre: Bookman.
- Henderson, C.R. (1949), Estimates of changes in herd environment. *Journal of Dairy Science*, Champaign, (Abstr.), v.32, p.706.
- Henderson, C.R. (1953) Estimation of variance and covariance components, *Biometrics*, 17, p.226-52.
- Hicks, C. R. (1973) Fundamental concepts in the design of experiments. 2 ed., New York: Holt, Rinehart and Winston, 349p.
- Ibge. Censo agropecuário 2009: lavoura permanent e temporária. Disponível em: <<http://www.IBGE.gov.br/estadosat/perfil.php?sigla=rs>>. Acesso em: 6 jun. 2011.
- Ibge. Censo agropecuário 2005. Lavouras permanentes. Disponível em: <<http://www.sidra.IBGE.gov.br>>. Acesso em 03/02/2013.
- Junqueira, N.T.V.; Icumá, I.M.; Veras, M.C.M.; Oliveira, M.A.S.; Anjos, J.R.N. (1999) Cultura do maracujazeiro. In: Silva, J.M. de M. (Ed.). Incentivo à fruticultura no Distrito Federal: manual de fruticultura. Brasília: Coolabora. p.42-52.
- Klein, A. L.; Ferraz, L. C. C. B.; Oliveira, J. C. (1984) Comportamento de diferentes maracujazeiros em relação ao nematoide formador de galhas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 19, n. 2, p. 207-209.

- Krause, W.; Souza, R. S.; Neves, L. G.; Carvalho, M. L. S.; Viana, A. P.; Faleiro, F. G. (2012) Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro amarelo *Pesq. Agropec. Bras.*, Brasília, v. 47, n. 1, p. 51-57.
- Leite, S. (1994) Por uma economia política da reforma agrária: custo de implantação e infraestrutura nos assentamentos rurais paulistas (1984-1989). In Medeiros, L. et al. (orgs.) Assentamentos rurais: uma visão multidisciplinar. São Paulo, EDUNESP.
- Leitão Filho, H. F.; Aranha, C. (1974) Botânica do maracujazeiro. In: Simpósio da Cultura do Maracujá, Campinas. Anais... Campinas: SBF. 13 p.
- Linhales, H. (2007) Seleção em famílias de irmãos completos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis Sims f. flavicarpa Deg.*) no segundo ano de produção. 72 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- Lopes, R. (2003) Mapas de ligação AFLP e identificação de genes de resistência à *Xanthomonas campestris pv. passiflorae* em maracujá amarelo. 2003. 115 f. Tese (Doutorado)- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.
- Maluf, W. R.; Silva, J. R.; Grattapaglia, D.; Toma-Braghini, M.; Corte, R. D.; Machado, M. A.; Caldas, L. S. (1989) Genetic gains via clonal selection in passion fruit *Passiflora edulis Sims*. *Revista Brasileira de Genética*, v.12, n.4, p.833-841.
- Manica, I. (1981) Fruticultura: 1. Maracujá. São Paulo: Editora Ceres. 151 p.
- Meletti, L. M. M.; Santos, R. R. dos; Minami, K. (2000) Melhoramento do maracujazeiro amarelo: obtenção do composto IAC-27. *Scientia Agricola*, v.56, p.491-498.
- Meletti, L. M. M.; Maia, M. L. (1999) Maracujá: produção e comercialização. Campinas: Instituto Agrônomo. 62 p.

- Meletti, L. M. M.; Santos, R. R. dos; Minami, K. (2000) Melhoramento do maracujazeiro amarelo: obtenção do composto IAC-27. *Scientia Agricola*, v.56, p.491-498.
- Meletti, L. M. M.; Bruckner, C. H. (2001) Melhoramento genético. In: BRUCKNER, C. H.; PICANÇO, M. C. (Ed.). *Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado*. Porto Alegre: Cinco Continentes. p. 345-385.
- Meletti, L. M. M.; Soares-Scott, M. D.; Bernacci, L C; Passos, I. R. (2005) Melhoramento Genético do Maracujá: passado e futuro. In: Faleiro, F.G.; Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F. (Org.) *Maracujá: Germoplasma e Melhoramento Genético*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, v.1, p. 55-78.
- Meletti, L. M. M.; Bernacci, L. C.; Soares-Scott, M. D.; Azevedo Filho, J. A.(2003) Variabilidade genética em caracteres morfológicos, agrônômicos e citogenéticos de populações de maracujazeiro doce. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 25, p. 275-278.
- Mora, A. L. (2002) Aumento da produção de sementes geneticamente melhoradas de *Acacia mearnsii* De Wild. (Acácia-negra) no Rio Grande do Sul. 140 f. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) – Setor de Ciências Agrárias – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- Oliveira, J.C., Ferreira, F.R. (1991) Melhoramento genético do maracujazeiro. In: São José, A.R. *A cultura do maracujá no Brasil*. Vitória da Conquista-BA: UESB. p.211-239.
- Oliveira, V. R.; Ferreira, F.R. (2004) Variabilidade genética de procedências e progênies de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jabotocabal-SP, v. 26, n.1, p. 53-56.
- Ortiz, R.; Crossa, J.; Franco, J.; Sevilla, R.; Burgueño, J. (2008) Classification of Peruvian highland maize races using plant traits. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v.55, p.151-162.

- Otoni, W. C.; Casali, V. W. D.; Cecon, P. R.; Power, J. B.; Davey, M. R. (1995) Isolamento de protoplastos e regeneração de plantas de maracujazeiro (*Passiflora coccínea* Aubl.) a partir de protoplastos derivados de mesófilo. *Revista Ceres*, v. 42, n. 243, p. 461-468.
- Paiva, R.; Resende, M. D. V.; Cordeiro, E. R. (2002) Índice multiefeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 37, n. 2, p. 381-388.
- Padilha, G.; Cartea, M.E.; Rodríguez, V.M.; Ordás, A. (2005) Genetic diversity in a germplasm collection of *Brassica rapa* subsp. *rapa* L. from northwestern Spain. *Euphytica*, v.145, p.171-180.
- Passos, I.R.S.; Matos, G.V.C.; Meletti, L.M.M.; Soares-Scott, M.D.; Bernacci, L.C.; Vieira, M.A.R. (2004) Utilização do ácido giberélico para a quebra de dormência de sementes de *Passiflora nitida* Kunth germinadas *in vitro*. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 26, n. 2, p. 380-381.
- Pestana, R.K.N.; Amorim, E.P.; Ferreira, C.F.; Amorim, V.B.O.; Liveira, L.S.; Ledo, C.A.S. ; Silva, S.O. (2011) Agronomic and molecular characterization of gamma ray induced banana (*Musa* sp.) mutants using a multivariate statistical algorithm. *Euphytica*, v. 178, p. 151-158.
- Piza Júnior, C. de T. (1998) Situação da cultura do maracujazeiro na Região Sudeste do Brasil. In: RUGGIERO, C. (Coord.) SIMPÓSIO BRASILEIRO sobre a Cultura do Maracujá, 5., Jaboticabal, 1998. *Anais*. Jaboticabal: FUNEP. p.20-48.
- Purba A. R. et al. (2001) Prediction of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) agronomic performances using the best linear unbiased predictor (BLUP). *Theoretical and Applied Genetics*, n. 101, p. 787-792.
- Reis, dos R. V.; Oliveira, E. J.; Alexandre, P. V.; Pereira, T. N. S.; Pereira, M. G.; Silva, M. G. M. (2011) Diversidade genética em seleção recorrente de maracujazeiro amarelo detectada por marcadores microssatélites. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.46, n.1, p.51-57.

- Resende, M. D. V. de; Higa, A. R. (1994) Estimação de parâmetros genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, n. 28/29, p. 11-36.
- Resende, M. D. V. (2002) SELEGEN-REML/BLUP -Seleção genética computadorizada: manual do usuário. Colombo: Embrapa – CNPF, p. 67.
- Resende, M. D.V., Bertolucci, F. L. G. (1995) Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: Iufro Confernce "Eucalypt Plantations: Improving Fibre Yield and Quality", Hobart, 1995. Proceedings... Hobart: CRC for Temperate Hardwood Forestry: p.167-170.
- Resende, R. M. S., Simões, R. M., Fernandes, J. S. C. (2000), Blup individual com medidas repetidas aplicado ao melhoramento de espécies perenes. *Ciênc. Agrotec., Lavras*. v. 24, p.986-997.
- Resende, M. D. V. de., Sturion, J. A., Carvalho, A. P. de., Simeão, R. M., Fernandes, J. S. C.(2000), Programa de melhoramento da erva-mate coordenando indivíduos e clones. *Colombo: Embrapa Florestas*, (Embrapa Florestas. Circular Técnica, 43). p. 66.
- Resende, M. D. V. (2002) SELEGEN-REML/BLUP -Seleção genética computadorizada: manual do usuário. Colombo: Embrapa – CNPF: 67.
- Resende, M.D.V. (2004), Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. Colombo: Embrapa Florestas. 65p.
- Rosa, G. R; Rigon, L.; Beling, R. R.; Corrêa, S.; Reetz, E.; Vencato, A. (2006) Anuário Brasileiro de Fruticultura. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta. 136p.
- Ruggiero, C. (1998) Maracujá: do plantio à colheita. In: Simpósio Brasileiro Sobre a Cultura do Maracujazeiro, 5, Jaboticabal, 388p.
- Santos, F. W.; Florsheim, S. M. B.; Lima, I. L.; Tung, W. S. C.; Silva, J. M., Freitas, M. L. M.; Tung, E. S. C.; Moraes, M. L. T.; Sebbenn, A. M. (2008) Variação 57

genética para a densidade básica da madeira e caracteres silviculturais em uma população base de *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH. Revista do Instituto Florestal, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 185-194.

SAS INSTITUTE. (2000) Statistical analysis system: user's guide. Cary: SAS.
[[Links](#)]

Searle, S.R.; Casella, G.; Mcculloch, C. (1992) Variance components. New York: John Wiley. 501p.

Sudré, C.P.; Gonçalves, L.S.A.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A.T. do; Riva-Souza, E.M.; Bento, C.S. (2010) Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp. as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. Genetics and Molecular Research, v.9, p.283-294.

Silva Junior, P.F., Tihohod, D., Oliveira, J.C. (1988) Avaliação da resistência de maracujazeiros (*Passiflora* spp.) a uma população de *Meloidogyne incognita* raça 1. Nematologia Brasileira, v.12, p.103- 109.

Silva, M. G. M.; Viana, A. P.; Goncalves, G. M.; Amaral Junior, A. T.; Pereira, M. G. (2009) Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: Alternativa de capitalização de ganhos genéticos. Ciência e Agrotecnologia, v. 33, p. 170-176.

Schaeffer, L.R. (1999) Animal models-10-637-winter 99. Guelph: University of Guelph.

Sneath, P.H.; Sokal, R.R. (1973) Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification. San Francisco: W.H. Freeman. 573p.

Soares-Scott, M. D.; Meletti, L. M. M.; Bernacci, L. C.; Passos, I. R. S. (2005) Citogenética clássica e molecular em *Passifloras*. In: Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. In: Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V. & BRAGA, M. F. (Ed.). Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina: Embrapa Cerrados, cap. 9, p.213-237.

- Soares-Scott, M. D.; Magolin, C. A.; Recco-Pimentel, S. M. (1999) Análise citogenética e métodos de isolamento do DNA gênomico de espécies e híbridos de *Passiflora* L. *Genetics and Molecular Biology*, v.22, p.381.
- Souza, J. S. I. de.; Meletti, L. M. M. (1997) Maracujá: espécies, variedades, cultivo. Piracicaba: FEALQ. 177p.
- Souza, S. A. M.; Martins, K. C.; Azevedo, A. S. Telma Nair Santana Pereira, T. N. P. (2012) Fenologia reprodutiva do maracujazeiro-azedo no município de Campos dos Goytacazes, *RJCiência Rural*, Santa Maria, v.42, n.10, p.1774-1780.
- Teixeira, CG (1994) Maracujá: cultura. In: Teixeira CG, De Castro JV, Tocchini RP, Nisida ALAC, Hashimuze T, Medina JC, Turatti JM, Leite RSSF, Bliska FMM, Garcia AE Maracujá: cultura, matéria-prima, processamento e aspectos econômicos. Campinas, ITAL. Série Frutas Tropicais, n.9, p.1-142.
- Thompson, R. (1969) Iterative estimation of variance components for non-orthogonal data. *Biometrics*, **26**: 767-73.
- Vasconcelos, M.A.S.; Silva, A.C.; Silva, A.C.; Reis, F.O. (2005) Ecofisiologia do maracujazeiro e implicações na exploração diversificada. In: Faleiro, F.G.; Junqueira, N.T.V.; Braga, M.F. Maracujá: Germoplasma e Melhoramento Genético. Planaltina - Distrito Federal: Embrapa Cerrados. p.295-313.
- Viana, A. P.; Pereira, T. N. S.; Pereira, M. G.; Amaral Júnior, A. T. ; Souza, M. M. ; Maldonado, J. F. M. (2004) Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro amarelo. *Revista Ceres*, Viçosa, v. 51, n. 297, p. 541-551.
- Vieira, C.; Paula Júnior, T.J.; Borém, A. (Ed.). (2006)Feijão. Viçosa: UFV. 600p.
- Ward Junior, J.H. (1963) Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American Statistical Association*, v.58, p.236-244.
- White, T. L.; Hodge, G. (1989), Prediction breeding values with application in forest tree improvement. London: kluwer, p. 367.

Yamashiro, T.; Landgraff, J.H. (1979) Maracujá-açu (*Passiflora alata* Ait), porta-enxerto resistente à fusariose do maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg.). In: Congresso brasileiro de fruticultura, 5., Pelotas. Anais... p.918-921.