

**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE**  
**PLANTAS**  
**MARCELO PEREIRA DE ASSUNÇÃO**

**Estimativas de parâmetros genéticos e estratégias de seleção no  
maracujazeiro azedo**

TANGARÁ DA SERRA  
MATO GROSSO – BRASIL  
FEVEREIRO – 2014

MARCELO PEREIRA DE ASSUNÇÃO

**Estimativas de parâmetros genéticos e estratégias de seleção no  
maracujazeiro azedo**

Dissertação apresentada a Universidade do Estado de Mato Grosso como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Willian Krause

TANGARÁ DA SERRA  
MATO GROSSO – BRASIL  
FEVEREIRO – 2014

Assunção, Marcelo Pereira.  
A851e Estimativas de parâmetros genéticos e estratégias de seleção  
no maracujazeiro azedo / Marcelo Pereira de Assunção. –  
Tangará da Serra, 2014  
54 f. ; 30 cm. il.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de  
Plantas) Universidade do Estado de Mato Grosso.

Bibliografia: f. 50-53

Orientador: Willian Krause

1. Passiflora edulis Sims. 2. Herdabilidade. 3. Ganhos de  
seleção. I. Autor. II. Título.

CDU 634.776.3

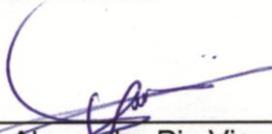
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ESTRATÉGIAS DE  
SELEÇÃO NO MARACUJAZEIRO AZEDO

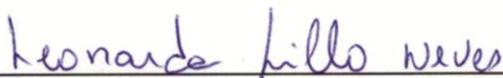
**MARCELO PEREIRA DE ASSUNÇÃO**

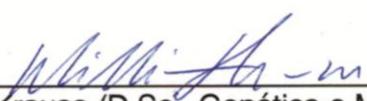
Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO  
ESTADO DE MATO GROSSO, como parte das  
exigências do Programa de Pós-Graduação em  
Genética e Melhoramento de Plantas, para  
obtenção do título de Mestre.

Aprovada em 06 de fevereiro de 2014.

Comissão Examinadora:

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Melhoramento de Fruteiras) – UENF

  
\_\_\_\_\_  
Prof<sup>a</sup>. Leonarda Grillo Neves (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) –  
UNEMAT

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Willian Krause (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UNEMAT  
(Orientador)

**“A grandeza não consiste em receber honras, mas em merecê-las.”**  
**Aristóteles**

Ao meu pai Elias Walter Assunção e minha  
mãe Florzina Pereira Costa, dedico.

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus por me dar força e iluminar meus caminhos durante toda minha trajetória acadêmica.

A toda minha família por acreditar em minha capacidade e me apoiar durante o período em que cursei o mestrado.

A todos os professores do mestrado que se dedicaram na missão de transmitir a mim e aos demais alunos um pouco do seu conhecimento, contribuindo muito em nossa formação profissional e pessoal. *“Tenho certeza que somos mais que alunos e professores, somos grandes amigos.”*

Ao Prof. DSc. Willian Krause pela sua amizade, por orientar meus trabalhos e dedicar parte do seu tempo em minha formação, transmitindo não só conhecimentos acadêmicos, mais também, aprendizagens da vida que carregarei sempre comigo.

A minha Co-orientadora a Prof.<sup>a</sup> DSc. Leonarda Grillo Neves pelas suas colaborações em meus trabalhos, por ter aceitado o convite para participar da minha banca de defesa e pela alegria contagiante que me proporcionou durante o período que cursei suas disciplinas.

Ao Prof. DSc. Alexandre Pio Viana por ter aceitado o convite para participar da minha banca de defesa, contribuindo desta forma com meu trabalho e minha formação acadêmica.

Ao Prof. DSc Rivanildo Dallacort pelas suas contribuições em meu trabalho e dedicação durante o período em que o experimento foi conduzido.

À FAPEMAT pelo financiamento do projeto proporcionando desta forma a realização deste trabalho.

A todos os companheiros de turma e demais amigos que fiz durante o mestrado, neste período conheci pessoas fantásticas por todos os lugares em que passei e tive a honra de estudar e batalhar ao lado de profissionais extremamente dedicados. *“Sinto orgulho de ser o chefe”*.

A Keithi, Leandro, Ingrid, Kerholyne, Luan, Joice, Eduardo, Paulo, Marcos e Rafael (*In memorian*) pela dedicação, companheirismo e pelos momentos felizes que passamos durante o período em que conduzimos o trabalho no campo.

## BIOGRAFIA

Marcelo Pereira de Assunção, filho de Elias Walter Assunção e Florzina Pereira Costa, brasileiro, nasceu no dia 31/12/1988 na cidade de Cáceres – MT. Aos oito anos de idade mudou-se para Campo Novo do Parecis, onde em 2007 concluiu o curso de Técnico em Agropecuária com Habilitação em Agricultura e ingressou no curso de Agronomia pela Universidade do Estado de Mato Grosso no Campus de Tangará da Serra – MT. Durante a graduação atuou como bolsista no projeto “Potencial de produtividade do pinhão manso (*Jatropha curcas* L.)”, direcionando seus trabalhos à área de fertilidade do solo. Concluiu a graduação em Dezembro de 2010 e a partir de janeiro de 2011 iniciou sua atuação profissional no Grupo Scheffer como Coordenador de Pesquisa e Desenvolvimento Agrícola. Em março de 2012 iniciou o curso de pós-graduação strictu sensu em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade do Estado de Mato Grosso, finalizando o curso em Fevereiro de 2014.

## SUMÁRIO

RESUMO.....	vii
ABSTRACT .....	ix
1. INTRODUÇÃO GERAL .....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	3
2.1 Aspectos gerais da cultura.....	3
2.2 Métodos de seleção.....	4
2.2.1 Seleção massal.....	5
2.2.2 Seleção entre e dentro.....	5
2.2.3 Seleção combinada.....	6
2.2.4 Melhor predição linear não viciado - REML/BLUP .....	7
3. REFERÊNCIAS.....	9
4. SELEÇÃO INDIVIDUAL DE PLANTAS DE MARACUJAZEIRO AZEDO QUANTO À QUALIDADE DE FRUTOS VIA REML/BLUP.....	15
RESUMO.....	15
ABSTRACT .....	15
INTRODUÇÃO .....	16
MATERIAL E MÉTODOS.....	17
5. PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS PREDITOS POR DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM MARACUJAZEIRO AZEDO .....	30
RESUMO.....	30
ABSTRACT .....	30
INTRODUÇÃO .....	31
MATERIAL E MÉTODOS.....	33
RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	37
CONCLUSÕES .....	42
REFERÊNCIAS.....	42
6. CONCLUSÕES GERAIS.....	46

## RESUMO

ASSUNÇÃO, Marcelo Pereira; M. Sc.; Universidade do Estado de Mato Grosso; Fevereiro de 2014; Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção via REML/BLUP, seleção combinada e seleção entre e dentro no maracujazeiro azedo; Professor Orientador: Willian Krause; Professora Co-Orientadora: Leonarda Grillo Neves.

Atualmente o cultivo do maracujazeiro vem se destacando dentre as demais frutíferas, sendo que no estado de Mato Grosso o rendimento médio é de 15.367 kg ha<sup>-1</sup>. Entretanto, a variabilidade genética existente nos pomares e a falta de genótipos adaptados às condições edafoclimáticas da região tem limitado a produtividade e a qualidade dos frutos. Desta forma, o objetivo do presente trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e comparar diferentes estratégias de seleção no maracujazeiro azedo. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), no município de Tangará da Serra – MT entre os anos de 2010 e 2012, avaliando-se oito famílias de irmãos completos formadas a partir de cruzamentos entre cultivares comerciais, num delineamento em blocos casualizados, com dez repetições e dez plantas por parcela. Todas as plantas dentro de cada parcela foram avaliadas individualmente quanto às seguintes características: Produção total (Prod); número de frutos; peso médio dos frutos em quilos; comprimento do fruto em mm; diâmetro do fruto em mm; espessura da casca em mm; porcentagem de polpa; teor de sólidos solúveis totais; coloração da polpa; acidez total titulável; potencial hidrogeniônico e a relação sólidos solúveis totais/acidez total titulável. No processo de seleção de plantas visando o consumo *in natura* o ganho de seleção foi alto para as características peso de fruto (13,38%), espessura da casca (4,37%) e relação sólidos solúveis totais/acidez total titulável (3,61%), enquanto que, para a produção industrial a seleção obteve-se melhores ganhos genéticos para as características espessura de casca (-7,46%), comprimento de fruto (3,75%) e peso de fruto (1,77%). Quanto aos parâmetros genéticos, as estimativas dos componentes de variância indicam a existência de grande variabilidade genética, possibilitando a obtenção de ganhos através da seleção, sendo a característica peso de fruto a que apresentou maior herdabilidade, bem como ganho de seleção. A metodologia REML/BLUP e seleção combinada foram as que apresentaram maiores ganhos de seleção quando comparadas com a seleção entre e dentro.

Palavras-chave: Ganhos de seleção, herdabilidade, *Passiflora edulis* Sims.

## ABSTRACT

ASSUNÇÃO, Marcelo Pereira; M. Sc.; Mato Grosso State University; February 2014; Genetic parameter estimates and selection gain via REML/BLUP, combined selection and among and within in yellow passion fruit; Adviser Professor: Willian Krause; Co-advisor Professor: Leonarda Grillo Neves.

Nowadays, passion fruit culture stood out among other cultures. Mato Grosso State has an average yield of 15,367 kg ha<sup>-1</sup>, however, the genetic variability found in orchards and the lack of genotypes adapted to the regional soil and climatic conditions has limited productivity and fruit quality. So that, the aim of this work was estimate the genetic parameters and compare selection strategies on yellow passion fruit. The experiment was conducted in the experimental area of the Mato Grosso State University (UNEMAT), in Tangara da Serra, MT, between 2010 and 2012, evaluating eight full-sib families formed from crosses between commercial cultivars. It was used a randomized blocks design with ten replications and ten plants per plot. All plants within each plot were evaluated individually regarding the following characteristics: Total production (Prod); number of fruits (NF); average fruit weight in kilos (PF); fruit length in mm (CF); fruit diameter in mm (DF); peel thickness in mm (EC); pulp percentage (PP); total soluble solids (SST); pulp color (CP); total titratable acidity (ATT); hydrogen potential (pH); and the total soluble solids / total titratable acidity (SST/ATT). In the plant selection process, aiming fresh consumption, the selection gain was high for the characteristics of fruit weight (13.38%), peel thickness (4.37%) and SST/ATT (total soluble solids / total titratable acidity) (3.61%), while for industrial production, selection obtained better genetic gain for the characteristics of peel thickness (-7.46%), fruit length (3.75%) and fruit weight (1.77%). Regarding the genetic parameters, the estimates of variance components indicate the existence of large genetic variability, allowing obtaining gains through selection, with the characteristic fruit weight presenting the greatest heritability and selection gain. The REML/BLUP methodology and the combined selection showed better selection gains when compared with the among and within selection.

**Keywords:** Selection gains, heritability, *Passiflora edulis* Sims.

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

O gênero *Passiflora* é constituído por cerca de 530 espécies tropicais e subtropicais, das quais 150 são nativas do Brasil (Oliveira et al., 1994). Porém, apesar dessa grande diversidade de espécies silvestres, a *Passiflora edulis* Sims (Bernacci et al., 2008) ocupa a maior parte das lavouras comerciais no país. Mesmo sendo uma planta nativa do Brasil, o *P. edulis* só adquiriu expressão econômica a partir da década de 1980, com o incentivo da agroindústria, da demanda no mercado de fruta fresca e devido à importância na indústria farmacêutica (Meletti, 1998).

No estado de Mato Grosso, a cultura do maracujazeiro está em expansão, alcançando em 2012 uma produção 31 vezes maior do que em 2001. Apesar deste aumento de produção, a produtividade média para o estado de Mato Grosso foi de 18.589 kg ha<sup>-1</sup> em 2012 (IBGE, 2014), sendo considerada baixa quando comparada com a produtividade de 23.285 kg ha<sup>-1</sup> obtida por Krause et al. (2012) em condições experimentais utilizando cultivares melhoradas.

Dentre os fatores que promovem a baixa produtividade, é a obtenção de sementes, ou seja, a maioria dos produtores ainda obtém suas sementes de matrizes dos seus próprios pomares ou cultivares desenvolvidas em programas de melhoramento em outras regiões do país. Por isso grande parte dos pomares comerciais apresenta excessiva variabilidade, com grande porcentagem de frutos de qualidade inferior limitando sua produtividade (Meletti e Bruckner, 2001).

Os programas de melhoramento genético possuem a função de suprir essa necessidade de cultivares para região em que são desenvolvidos. O melhoramento genético das espécies vegetais depende da eficiência de escolha dos melhores indivíduos (que transmitam seus genes de interesse à próxima geração), para serem utilizados na obtenção de novas plantas que expressem melhor as características desejáveis (Resende, 2000).

Dentre as características que se avaliam na seleção de plantas no melhoramento de maracujá, as físico-químicas estão entre as mais estudadas, pois permitem avaliar as propriedades organolépticas e de sabor do fruto, garantindo a sua qualidade para o consumo *in natura* e para a indústria (Braga et al., 2005). Segundo Medeiros et al. (2009) para a o consumo *in natura*, as características externas dos frutos devem atender alguns critérios comerciais de qualidade, onde os consumidores observam dentre outras características a boa aparência (cor da

casca, tamanho do fruto, peso do fruto, ausência de defeitos, etc.). Já nas indústrias de processamento, os frutos devem ter valores elevados de rendimento de suco, de sólidos solúveis e elevada acidez para garantir a vida útil pós-colheita (Abreu et al., 2009; Melletti et al., 2002).

Para que essa escolha seja eficiente é necessária a utilização de métodos de melhoramento associados a ferramentas biométricas que auxiliem na seleção de genótipos superiores. Entre as metodologias tradicionalmente utilizadas estão a seleção massal e a seleção entre e dentro, sendo que o primeiro método consiste na seleção de indivíduos fenotipicamente superiores, que são colhidos em conjunto para formar a geração seguinte. Já na seleção entre e dentro, primeiro se identificam as melhores famílias com base na média das parcelas e em seguida, numa segunda etapa, selecionam-se, nas famílias, as plantas de melhor desempenho. Porém estes métodos apresentam a desvantagem de se basear em valores fenotípicos, sujeitos a maior influência dos efeitos ambientais (Martins et al., 2005).

A fim de obter melhores ganhos com a seleção de indivíduos superiores Henderson (1973) propôs a utilização do método dos modelos mistos, que permite obter o melhor preditor linear não viciado, determinado BLUP, predizendo assim, os valores genéticos de cada indivíduo, que são tratados como efeitos aleatórios, corrigidos para os demais efeitos fixos contidos no modelo, podendo estimar médias e prever valores genéticos aditivos de indivíduos. Essa metodologia permite gerar estimativas não tendenciosas, de parâmetros pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), proposto por Patterson e Thompson (1971).

Outra metodologia empregada em programas de melhoramento é a seleção combinada, que baseia-se no estabelecimento de um índice por indivíduo por característica, sendo que os valores que compõem esse índice são obtidos dos próprios indivíduos e de seus parentes (Nunes, 2006), tornando-se desta forma uma estratégia eficaz que visa priorizar o mérito individual, com informações complementares relativas ao valor apresentado pelas suas respectivas famílias (Negreiros, 2006). Assim o seu valor individual e o valor do restante dos indivíduos da família são utilizados para a tomada de decisão no momento da seleção.

Desta forma, o objetivo do presente trabalho foi estimar os parâmetros genéticos, os Blups dos valores genéticos e comparar diferentes estratégias de seleção no maracujazeiro azedo.

## 2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Aspectos gerais da cultura

O Brasil é o maior produtor mundial de maracujá, tendo em 2012 uma produção de 776.097 toneladas numa área de 59.246 hectares, sendo que o rendimento médio nacional foi de 13.416 kg ha<sup>-1</sup> (IBGE, 2014). Das cerca de 420 espécies de *Passiflora*, o *P. edulis* Sims (maracujá azedo) e o *P. alata* (maracujá doce) são responsáveis por 95% da área plantada no Brasil (IBGE, 2010). O maracujá azedo tem maior representatividade nacional, com cultivares comerciais desenvolvidas para vários locais do país, principalmente pelo Instituto Agrônomo de Campinas-IAC, Embrapa Cerrados e Viveiro Flora Brasil.

A produção em geral é desenvolvida em pequenas propriedades, a maioria no contexto de agricultura familiar, em áreas cultivadas variando de 1 a 5 hectares por produtor. As necessidades de tratamentos culturais fazem com que a atividade seja exigente em mão de obra, notadamente nas fases de plantio, polinização e colheita. Portanto, cultivo do maracujazeiro auxilia para satisfazer às necessidades da sociedade, no que se refere à produção de alimentos e insumos industriais produzidos pela agropecuária, gerando a criação de empregos no campo para a população de baixa renda, a redução de êxodo rural e a sustentabilidade ambiental e econômica das propriedades rurais (Nogueira, 2013).

O maracujazeiro é uma planta de ciclo precoce, iniciando a fase reprodutiva a partir de 60 a 90 dias após o transplante das mudas. A frutificação se dá nos ramos do ano, ou seja, nas brotações emitidas na respectiva estação de crescimento. As flores brotam a partir dos ramos novos e se abrem por volta do meio-dia, estando aptas a serem polinizadas no período da tarde. Caso não haja polinização, as flores abertas murcham e caem (Bruckner e Silva, 2001). Após a polinização e fecundação, a flor se fecha e tem início o desenvolvimento do fruto.

Um fator que influencia a fecundação cruzada das flores é a presença de autoincompatibilidade, sendo este um mecanismo importante que determina a alogamia, pois impede que plantas produtoras de gametas masculinos e femininos funcionais produzam sementes por autofecundação. Desta forma, o pólen de uma planta é incapaz de fertilizar suas próprias flores, apresentando autoincompatibilidade predominantemente homomórfica do tipo esporofítica (Bruckner et al., 2005), porém, Rêgo et al. (2000) e Suassuna et al. (2003) sugerem

a existência de um segundo gene, de efeito gametofítico, associado ao sistema esporofítico no maracujazeiro.

No processo de seleção de fruteiras deve-se atentar aos fatores que compõe a cadeia produtiva da espécie. No caso do melhoramento de maracujá é importante selecionar plantas que produzam frutos que expressem características físico-químicas capazes de atender às exigências do mercado a que se destina (Bruckner, 2011).

Para as indústrias de processamento, os frutos devem ter valores elevados de rendimento de suco, de sólidos solúveis totais (SST) e acidez total titulável (ATT) para obter maior rendimento de suco e garantir a vida útil pós-colheita (Melletti et al., 2002; Abreu et al., 2009). Ao consumo *in natura* interessa poder adquirir frutas atrativas, de maior tamanho, elevada concentração de SST e baixa ATT de forma que garanta o sabor da mesma (Nascimento, 1999; Bruckner, 2011).

Na seleção de maracujá destinada à indústria e ao consumo *in natura* as principais características físico-químicas a serem avaliadas são: tamanho do fruto, massa do fruto, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, relação comprimento/diâmetro do fruto, espessura da casca, massa da polpa, sólidos solúveis totais, acidez total titulável, relação SST/ATT (Dantas, 2009; Fortaleza et al., 2005; Hafle et al., 2010).

## **2.2 Métodos de seleção**

No início do melhoramento genético do maracujazeiro azedo uma das primeiras metodologias utilizadas foi a seleção massal devido à eficiência na seleção para caracteres de fácil mensuração e que possuam considerável herdabilidade (Meletti, 2005), sendo também um método fácil de ser empregado e de baixo custo.

Posteriormente outras metodologias passaram a ser utilizadas buscando determinar maiores ganhos por seleção. Dentre essas metodologias destaca-se a seleção recorrente, que visa o aumento contínuo e progressivo da frequência dos alelos favoráveis através de ciclos sucessivos de seleção e recombinação dos genótipos superiores, mantendo a variabilidade genética da população (Meletti, 2000).

A seleção recorrente tornou-se mais efetiva a partir do desenvolvimento de ferramentas biométricas, facilitando a determinação dos ganhos preditos de seleção e auxiliando na identificação de materiais genéticos superiores pelo melhorista

(Silva, 2009). As metodologias mais comumente empregadas para auxiliar o processo de seleção recorrente são a seleção combinada, seleção entre e dentro de famílias e metodologia REML/BLUP (Santos et al., 2008; Rufle, 2013).

### **2.2.1 Seleção massal**

A seleção massal é um dos métodos mais antigos de melhoramento de plantas, podendo ser considerado um dos mais simples a ser empregado e de baixo custo. Este método consiste na seleção de indivíduos fenotipicamente superiores, que são colhidos em conjunto para formar a geração seguinte.

Apesar desta facilidade de utilização, a seleção massal só é eficiente se recair em populações heterogêneas, constituídas por misturas de linhas puras em espécies autógamas ou por indivíduos heterozigóticos, no caso de alógamas (Borém, 2001). Neste caso a seleção massal visa explorar a variabilidade existente na população, aumentando a frequência de alelos favoráveis, sendo mais eficiente na seleção de caracteres de alta herdabilidade e de fácil mensuração (Bruckner, 2011).

Na seleção massal, plantas individuais são selecionadas fenotipicamente, isto é, são consideradas apenas informações sobre o fenótipo dos indivíduos como critério de seleção. Como indivíduos fenotipicamente semelhantes podem possuir constituição genética distinta, a seleção nem sempre é efetiva, não sendo possível saber se as plantas selecionadas foram superiores por causa da sua constituição genética ou por influência do ambiente (Borém e Miranda, 2007).

Atualmente, a seleção massal é mais empregada para a purificação de variedades de espécies autógamas já estabelecidas ou no maracujazeiro na seleção de progênies para a formação da população base em programas de melhoramento genético como utilizado por Meletti et al. (2000) na obtenção do cultivar 'Composto IAC-27'.

### **2.2.2 Seleção entre e dentro**

A seleção entre e dentro de famílias consiste em identificar primeiramente as melhores famílias dentro da população e em seguida os melhores indivíduos dentro destas famílias. Porém uma das críticas que se faz à seleção entre e dentro é o fato de indivíduos superiores de famílias intermediárias ou indivíduos intermediários de

famílias superiores, às vezes, não serem considerados na seleção (Martins et al., 2005).

Apesar de possuir essa desvantagem, a seleção entre e dentro vêm sendo testada por institutos de pesquisa e universidades brasileiras, sendo que os resultados indicam que esse método pode ser aplicado aos programas de melhoramento de maracujazeiro e demais espécies perenes com consideráveis ganhos estimados (Damanso, 2013).

Negreiros (2006) avaliando métodos de seleção em progênies de maracujazeiro obtiveram ganhos preditos através da seleção entre e dentro para todas as características avaliadas, sendo que as características que apresentaram maiores ganhos foram massa de frutos (30,69%) e número de frutos por planta (26,47%). Da mesma forma Santos et al. (2008) avaliando estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro azedo quanto ao vigor e incidência de verrugose descreve que a seleção entre e dentro proporcionou 2,33% e -14,66% de ganho de seleção para essas características, respectivamente.

### **2.2.3 Seleção combinada**

A seleção combinada é uma técnica usada para identificar indivíduos com melhor valor genético aditivo numa população sob seleção, usando informação do indivíduo e de sua família (Negreiros, 2006). Difere da seleção convencional entre e dentro de famílias, por considerar o desempenho individual com base na média de sua família de maneira ponderada. É gerado um índice, resultando em um número diferenciado de famílias e de indivíduos selecionados por famílias, enquanto que na seleção entre e dentro esse número é constante (Cruz e Carneiro, 2003).

A estratégia de seleção combinada além de apresentar maiores ganhos preditos quando comparado com a seleção massal e massal estratificada, para a maioria dos caracteres mensurados, indica também um maior número de famílias a ser recombinadas, o que pode contribuir para a manutenção da variabilidade genética na população segregante. Este fator é importante para o melhoramento do maracujazeiro, visto que a seleção de plantas muito homogêneas geneticamente pode acarretar problemas de autoincompatibilidade no próximo ciclo de seleção (Nunes, 2006).

Com o objetivo de avaliar respostas de seleção e os ganhos preditos, a partir de alternativas de seleção, Neves et al. (2011) utilizando o delineamento I de

Comstock e Robinson em famílias de maracujazeiro azedo (irmãos-completos e meios irmãos) concluíram que em todas as características avaliadas a seleção combinada se demonstrou superior às metodologias de seleção entre genitores masculinos, de fêmeas/machos (todos os machos), entre fêmeas (independente de machos), de fêmeas/machos selecionados. Dentre as onze características avaliadas, a produção na primeira florada e o número de frutos foram as que apresentaram maiores ganhos de seleção, aumentando 34,73 e 24,13% respectivamente na média da próxima população.

Comparando estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro azedo quanto ao vigor e incidência de verrugose (*Cladosporium cladosporioides*), Santos et al. (2008) destacam que o processo de seleção combinada apresentou estimativas de ganhos superiores às demais metodologias. Apesar dessa superioridade entre os valores encontrados pela seleção combinada, o Índice de Mulamba e Mock (1978) também apresentou resultados satisfatórios, podendo ser utilizado na seleção de indivíduos superiores.

Avaliando 113 progênies de maracujá azedo, provenientes de cruzamentos realizados através do delineamento I de Comstock e Robinson (1948), Gonçalves et al. (2007) compararam os ganhos preditos determinados pela seleção baseada na média de machos, seleção baseada na média de fêmeas, seleção baseada na média de fêmeas hierarquizadas a machos e seleção combinada, identificando maiores valores de ganhos por seleção através da seleção combinada. Os autores ainda descrevem que, uma forma de maximizar estes ganhos obtidos pela seleção combinada é a utilização do Índice de Mulamba e Mock (1978), ranqueando os indivíduos através dos valores genéticos encontrados pela seleção combinada para cada característica e selecionando os indivíduos que por mais vezes estiveram nos melhores postos.

#### **2.2.4 Melhor predição linear não viciado - REML/BLUP**

No melhoramento de plantas perenes, as técnicas de avaliação genética desempenham papel fundamental, permitindo a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção, propiciando uma seleção mais acurada, pois envolvem, simultaneamente, a predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância (Resende, 2000). A predição usando BLUP (melhor predição linear não viciada) assume que os componentes de variância são

conhecidos, entretanto, na prática, é necessário estimar esses valores. Utiliza-se normalmente para a estimação dos componentes de variância o método da máxima verossimilhança restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971).

Resende e Dias (2000) destacam que o método REML associado à metodologia de modelos mistos (BLUP) é uma ferramenta flexível para a estimação dos parâmetros genéticos, apresentando vantagens como: pode ser aplicada a dados desbalanceados; permite utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas mais precisas; não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, os quais não precisam estar associados a delineamentos, bastando que se tenha informações sobre a genealogia dos indivíduos sob medidas repetidas; permite a estimação da acurácia seletiva e do intervalo de confiança do valor genético predito de cada indivíduo; permite o ajuste de vários modelos alternativos, podendo-se escolher o que se adequa melhor aos dados e ao mesmo tempo apresenta menor número de parâmetros.

Trabalhando com melhoramento genético de açaizeiro na Embrapa Amazônia Oriental, Neto et al. (2007) verificaram ganhos acima de 25% obtidos com a seleção de indivíduos pela metodologia REML/BLUP para a característica número de perfilho. Esses ganhos foram maiores do que os estimados para a seleção de progênies, evidenciando o grande potencial para a seleção na própria população experimental. Isso previne a ocorrência de depressão endogâmica na próxima geração de plantio.

Apesar da metodologia REML/BLUP estar relacionada frequentemente às plantas perenes, sendo utilizada principalmente em frutíferas e florestais como açaizeiro (Neto et al., 2007), cacaueteiro (Resende e Dias, 2000), eucalipto (Garcia e Nogueira 2005), e pinus (Resende et al., 1996). Ultimamente, o BLUP tem sido empregado também em plantas de ciclo semi-perenes como cana-de-açúcar (Silva, 2009) e até mesmo em culturas anuais como arroz (Borges et al., 2009), feijão (Coimbra, 2008) e milho (Lemma, 2003) obtendo ganhos satisfatórios por seleção.

### 3. REFERÊNCIAS

- ABREU, S.P.M.; PEIXOTO, J.R.; JUNQUEIRA, N.T.; SOUSA, M.A.F. Características físico-químicas de cinco genótipos de maracujazeiro azedo cultivados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 31: 487-491, 2009.
- ALVES, M.V.; RESENDE, M.D.V.; BANDEIRA, B.S.; PINHEIRO, T.M.; FARIAS, C.R.F. Avaliação e seleção de progênies de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*), em Belém, Pará. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 32: 204-212, 2010.
- AOAC, Association of official agriculture chemists. **Official methods of analysis of the association of official analytical chemistry**. Washington, 1990. 910-928p.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 2001. 500p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. Melhoramento de plantas. Viçosa: Editora UFV, 2007. 182p.
- BERNACCI, L.C.; SOARES-SCOTT, M.D.; JINQUEIRA, N.T.V.; PASSOS, I.R.S.; MELETTI, L.M.M. *Passiflora edulis* sims: The correct taxonomic way to cite the yellow passion fruit (and of others colors). **Revista Brasileira de Fruticultura**. 30: 566-576, 2008.
- BORGES, V.; SOARES, A.A.; RESENDE, M.D.V.; REIS, M.S.; CORNÉLIO, V.M.O.; SOARES, P.C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de minas gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**. 27: 478-490, 2009.
- BRAGA, M.F.; BATISTA, A.D.; JUNQUEIRA N.T.V.; JUNQUEIRA, K.P.; VAZ, C.F.; SANTOS, E.C.; SANTOS, F.C. Características agronômicas, físicas e químicas de maracujá-alho (*Passiflora tenuifila kilip.*) cultivado no Distrito Federal. In: IV Reunião técnica de pesquisa em maracujazeiro, Planaltina, DF. 2005 Trabalhos apresentados... Planaltina: 2005. P. 86-91.
- BRUCKNER, C.H.; SILVA, M. M. Florescimento e Frutificação. In: BRUCKNER, C.H. e PICANÇO, M.C. **Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado**. Porto Alegre, 2001. p.51-68.
- BRUCKNER, C.H.; PICANÇO, M.C. **Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2001. p.472.

- BRUCKNER, C.H.; SUASSUNA, T.M.F.; REGO, M.M.; NUNES, E.S. **Auto-incompatibilidade do maracujá – implicações no melhoramento**. Brasília: Embrapa Cerrados, 2005. p.317-338.
- BRUCKNER, C.H. **Fundamentos do melhoramento de fruteiras**. Viçosa: Editora UFV, 2011. 72p.
- COIMBRA, J.L.M.; BARILI, L.D.; VALE, N.M.; GUIDOLIN, A.F.; ROCHA, F.; TOALDO, D. Seleção para caracteres adaptativos em acessos de feijão usando REML/BLUP. **Magistra**. 20: 177-185, 2008.
- COMSTOCK, R. E. & ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**. 4: 254-266, 1948.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2003. 197-209p.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382p.
- DAMANSO, J.R.M. **Avaliação morfoagronômica e molecular de híbridos e cultivares de maracujá azedo no agreste pernambucano**. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2013. 15p. (Tese – Mestrado em Melhoramento Genético de Plantas).
- DANTAS, A.M.T. **Características físicas e físico-químicas de frutos de genótipos de maracujazeiro-azedo em diferentes épocas de colheitas no Distrito Federal**. Brasília: Universidade de Brasília, 2009. p.16. (Tese – Mestrado em Agronomia).
- EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisas de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: Editora Embrapa, 2006. 306p.
- Ferreira, R.T. **Seleção de genótipos de cedro australiano (*Toona ciliata*) via metodologia REML/BLUP e marcadores de DNA**. Campos dos Goytacazes: Universidade estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2009. 2p. (Tese – Mestrado em genética e melhoramento de plantas).
- FONSECA, K.G.; FALEIRO, F.G.; PEIXOTO, J.R.; JUNQUEIRA, N.T.V.; SILVA, M.S.; BELLON, G.; JUNQUEIRA, K.P.; VAZ, C.F. Análise da recuperação do genitor recorrente em maracujazeiro-azedo por meio de marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 31: 145-153, 2009.
- FORTALEZA, J.M.; PEIXOTO, J.R.; JUNQUEIRA, N.T.V.; OLIVEIRA, A.T.; RANGEL, L.E.P. Características físicas e químicas em nove genótipos de maracujá-

azedo cultivado sob três níveis de adubação potássica. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 27: 124-127, 2005.

GARCIA, C.H.; NOGUEIRA, M.C.S. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**. 68: 107-112, 2005.

GONÇALVES, J.S.; SOUZA, S.A.M. Fruta da paixão: Panorama econômico do maracujá no Brasil. **Informações Econômicas**. 36: 29-36, 2006.

GONÇALVES G.M.; VIANA A.P.; BEZERRA NETO F.V.; PEREIRA M.G.; PEREIRA T.N.S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 43: 1543-1549, 2007.

HAFLE, O.M.; COSTA, A.C.; SANTOS, V.M.; SANTOS, V.A.; MOREIRA, R.A. Características físicas e químicas do maracujá-amarelo tratado com cera e armazenado em condição ambiente. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. 5: 341-346, 2010.

HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: Animal breeding and genetics symposium in honor of j. lush, Champaign, 1973. **American Society of Animal Science**. Champaign: 1973. p. 10-41.

IBGE. **Banco de dados agregados**. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda>. Acesso em: 18, outubro, 2010.

IBGE. **Banco de Dados agregados Maracujá**. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/protabl.asp?c=106&z=t &o=11&i=P>. Acesso em: 11, janeiro, 2014.

IEMMA, M. **Uso do melhor preditor linear não viesado (BLUP) em análises dialélicas e predição de híbridos**. São Paulo: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2003. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).

KRAUSE, W.; SOUZA, R.S.; NEVES, L.G.; CARVALHO, M.L.S.; VIANA, A.P.; FALEIRO, F.G. Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 47: 51-57, 2012.

MARTINS, I.S.; CRUZ, C.D.; ROCHA, M.G.B.; REGAZZI, A.J.; PIRES, I.E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênes de *Eucalyptus grandis*. **Revista Cerne**. 11: 16-24, 2005.

MARTINS, J.A.; DALLACORT, R.; INOUE, M.H.; SANTIN, A.; KOLLING, E.M.; COLETTI, A.J. Probabilidade de precipitação para a microrregião de Tangará da Serra, estado do Mato Grosso. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. 40: 291-296, 2010.

- MEDEIROS, S.A.F.; YAMANISHI, O.K.; PEIXOTO, J.R.; PIRES, M.C.; JUNQUEIRA, N.T.V.; RIBEIRO, J.G.B.L. Caracterização físico-química de progênies de maracujá-roxo e maracujá-azedo cultivados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 31: 492-499. 2009.
- MELETTI, L.M.M. **Caracterização agrônômica de progênies de maracujá-amarelo (*Passiflora edulis Sims. f. flavicarpa Degener*)**. Piracicaba: Universidade de São Paulo, 1998. 92p. (Tese - Doutorado em Fitotecnia).
- MELETTI, L. M. M.; SANTOS, R. R. dos; MINAMI, K. Melhoramento do maracujazeiro-amarelo: obtenção do composto IAC-27. **Scientia Agricola**. 56: 491-498, 2000.
- MELETTI, L.M.M.; BRUCKNER, C.H. Melhoramento genético. In: BRUCKNER, C.H.; PICANÇO, M.C. **Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2001. p. 345-385.
- MELETTI, L.M.M.; SOARES-SCOTT, M.D.; BERNACCI, L.C.; AZEVEDO, F.J.A. Desempenho das cultivares IAC – 273 e IAC – 277 de maracujazeiro-amarelo (*Passiflora edulis f. flavicarpa Deg*) em pomares comerciais. In: Reunião Técnica de Pesquisa em maracujazeiro amarelo, 3., 2002, Viçosa. **Anais...Viçosa: SBF**, 2002. p. 166-167.
- MELETTI, L.M.M.; SOARES-SCOTT, M.D.; BERNACCI, L.C.; PASSOS, I.R.S. Melhoramento genético do maracujá: passado e futuro. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, N.F. (ed). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2005. p. 55-78.
- MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays L.*) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal Genetics and Cytology**. 7: 40-51, 1978.
- NEGREIROS, J.R.S. **Seleção combinada, massal, entre e dentro, análise de trilha e repetibilidade em progênies de meios irmãos de maracujazeiro (*Passiflora edulis f. Flavicarpa*)**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2006. 128p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento).
- NETO, J.T.F.; RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, M.S.P.; SANTOS, N.S.A.; CANUTO, E.L.; NOGUEIRA, O.L.; MULLER, A.A. Avaliação genética de progênies de polinização aberta de açaí (*Euterpe oleracea*) e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Cerne**. 13: 376-383, 2007.
- NEVES, L.G.; BRUCKNER, C.H.; CRUZ, C.D.; DUARTE, L.P.; KRAUSE, W.

Predição de ganhos genéticos utilizando o Delineamento I em população de maracujazeiro. **Revista Ciência Agronômica**. 42: 495-501, 2011.

NOGUEIRA, E.A.; MELLO, N.T.C.; RIGHETTO, P.R.; SANNAZZARO, A.M. Produção integrada de frutas: a inserção do maracujá paulista. Disponível em: [www.iea.sp.gov.br/out/verTexto.php?codTexto=892](http://www.iea.sp.gov.br/out/verTexto.php?codTexto=892), Acesso em: Janeiro, 2013.

NUNES, E. S. **Seleção entre e dentro de famílias de irmãos completos de maracujazeiro (*Passiflora edulis f. flavicarpa*)**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2006. 96p. (Tese - Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas).

OLIVEIRA, J.C.; NAKAMURA, K.; MAURO, A.O.; CENTURION, M.A.P.C. Aspectos gerais do maracujazeiro. In: SÃO JOSÉ, A. R. (Ed.) **Maracujá: produção e mercado**. Vitória da Conquista: 1994. p.27-37.

OLIVEIRA, E.J.; SANTOS, V.S.; LIMA, D.S.; MACHADO, M.D.; LUCENA, R.S.; MOTTA, T.B.N.; CASTELLEN, M.S. Seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 43: 1543-1549, 2008.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**. 58: 545-54, 1971.

PIRES, I.E.; CRUZ, C.D.; BORGES, R.C.G.; REGAZZI, A.J. Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**. 20: 191-197, 1996.

RÊGO, M.M.; RÊGO, E.; BRUCKNER, C.H.; SILVA, E.A.M.; FINGER, F.L. Pollen tube behavior in yellow passion fruit following compatible and incompatible crosses. **Theoretical and Applied Genetics**. 101: 685-689, 2000.

RESENDE, M.D.V.; PRATES, D.F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**. 32: 3-22, 1996.

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p.

RULFE, T. F. **Melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis Sims*) Via seleção recorrente e modelos mistos**. Campos do Goytacazes: Universidade Federal Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2013. 7p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

SANTOS, C.E.M.; PISSIONI, L.L.M.; MORGADO, M.A.D.; CRUZ, C.D.; BRUCKNER, C.H. Estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo quanto ao vigor e incidência de verrugose. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 30: 444-449, 2008.

SILVA, F.L. **Seleção dentro de famílias de cana-de-açúcar via BLUP individual simulado**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2009. (Tese - Doutorado em genética e melhoramento de plantas).

SUASSUNA, T.M.F.; BRUCKNER, C.H.; CARVALHO, C.R.; BORÉM, A. Self incompatibility in passion fruit: evidence of gametophytic-sporophytic control. **Theoretical and Applied Genetics**. 106: 298-302, 2003.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fito-melhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

#### **4. SELEÇÃO INDIVIDUAL DE PLANTAS DE MARACUJAZEIRO AZEDO QUANTO À QUALIDADE DE FRUTOS VIA REML/BLUP**

##### **RESUMO**

O maracujá é uma das principais espécies frutíferas cultivadas no Brasil, porém, no estado de Mato Grosso, a cultura ainda tem muito a ser explorada. Neste sentido, objetivou-se selecionar plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos destinados à indústria e ao consumo *in natura* via REML/BLUP. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso, no município de Tangará da Serra, MT. Foram avaliados oito cruzamentos entre cultivares comerciais. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com dez repetições de dez plantas por parcela. A partir do valor genético determinado pela metodologia REML/BLUP, foi aplicado o índice de seleção de Mulamba e Mock para ranquear todos os indivíduos, selecionando as 30 plantas que apresentaram os melhores postos para o conjunto das características avaliadas. Os altos valores das herdabilidades no sentido restrito para as características peso de fruto (87%) e comprimento de frutos (65%) indicam possibilidades para seleção individual de plantas. O ganho de seleção visando o consumo *in natura* foi alto para as características peso de fruto (13,38%), espessura da casca (4,37%) e relação SST/ATT (sólidos solúveis totais/acidez total titulável) (3,61%). Para a produção industrial a seleção requer atenção especial para as características porcentagem de polpa (PP), SST e ATT, porém os ganhos obtidos para PP (1,53%) e SST (0,95%) não se destacaram, entretanto, a seleção permitiu ganhos genéticos em outras características importantes como espessura de casca (EC) (-7,46%), comprimento de fruto (CF) (3,75%) e peso de fruto (PF) (1,77%).

Palavras-chave: Ganhos genéticos, acurácia seletiva, *Passiflora edulis* Sims.

#### **INDIVIDUAL SELECTION OF YELLOW PASSION FRUIT PLANTS REGARDING QUALITY VIA REML/BLUP**

##### **ABSTRACT**

Passion fruit is one of the major fruit crops grown in Brazil, however, in Mato Grosso State the culture can be much more explored. So that, the aim of this work was to select yellow passion fruit plants regarding their fruit quality for the industry and fresh

consumption via REML/BLUP. The experiment was conducted in the Mato Grosso State University experimental area, in Tangará da Serra, Mato Grosso. It was evaluated eight crossing of commercial cultivars. It was used a randomized block experimental design with ten replications of ten plants per plot. From the genetic value found by the REML/BLUP methodology, it was applied the Mulamba Mock selection index in order to rank all individuals, selecting the 30 plants that showed the best performance for the evaluated characteristics. The high heritability values in the strict sense for the characteristics fruit weight (87%) and fruit length (65%) indicate possibilities for individual plants selecting. The selection gain aiming fresh consumption was high for the characteristics fruit weight (13.38%), peel thickness (4.37%) and SST/ATT relation (total soluble solids / total titratable acidity ) (3.61%). For industrial production selection the special attention was to the characteristics PP, SST and ATT, but the gains for PP (1.53%) and TSS (0.95%) had not stood out, however, the selection had gains in other important features such as peel thickness EC (-7.46%), fruit length CF (3.75%) and fruit weight PF (1.77%).

**Keywords:** Genetic gains, selective accuracy, *Passiflora edulis* Sims.

## INTRODUÇÃO

Atualmente o cultivo do maracujazeiro vem se destacando dentre as demais frutíferas devido ao aumento significativo tanto em área cultivada quanto em produção. No Brasil a cultura elevou sua produção de 467.464 toneladas em 2001 para 776.097 em 2012, aumentando a área plantada nesse mesmo período em 77,88% (IBGE, 2014). Em Mato Grosso houve incremento na área cultivada de 630,55% de 2001 para 2012, alcançado a décima primeira posição no ranking nacional, obtendo uma produtividade de 18.589 kg ha<sup>-1</sup>. A produtividade do Mato Grosso é maior que a média nacional, porém, pode ser considerada baixa quando comparada com outros estados produtores como Ceará, Espírito Santo e Distrito Federal (IBGE, 2014).

Fatores como a grande variabilidade genética existente nos pomares e a falta de genótipos adaptados às condições edafoclimáticas da região que promovem a baixa produtividade e qualidade de frutos podem ser sanados através do melhoramento genético. O melhoramento do maracujazeiro está diretamente relacionado com o aumento da produtividade de frutos, porém, a qualidade dos

frutos é também de suma importância, por determinar a aceitação do produto e ter influência direta no preço obtido em sua comercialização (Silva et al., 2012).

Dentre as metodologias utilizadas em programas de melhoramento genético destaca-se a seleção recorrente, permitindo o acúmulo de alelos favoráveis a cada ciclo de seleção, obtendo desta forma ganhos efetivos para os caracteres melhorados (Silva et al., 2007). Neste método o objetivo é melhorar o desempenho de uma população através do aumento da frequência de alelos favoráveis, porém, a variabilidade genética deve ser mantida em níveis adequados para permitir o melhoramento nos ciclos subsequentes.

Nos programas de melhoramento genético se faz necessária a utilização de metodologias específicas que traduzam fielmente a herdabilidade dos genitores a serem selecionados, resultando em plantas sucessoras produtivas e que obtenham qualidade padrão de frutos. Portanto, uma alternativa para seleção de plantas perenes e/ou semi-perenes como o maracujazeiro azedo é a utilização de valores genéticos preditos pela metodologia REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). A metodologia REML/BLUP tem sido utilizada com sucesso no melhoramento genético de algumas espécies frutíferas como umbuzeiro (Oliveira et al., 2004), cupuaçuzeiro (Alves et al., 2010) e açazeiro (Farias Neto et al., 2011).

Outra ferramenta muito utilizada é o índice de seleção para múltiplos caracteres que possibilita a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados, pela reunião de diversos atributos favoráveis. De forma geral, um índice de seleção deve permitir a classificação correta dos genótipos e considerar diversos caracteres simultaneamente (Cruz et al., 2004). Entre os índices de seleção já testados em maracujazeiro, o mais comumente recomendado é o de Mulamba e Mock (Gonçalves et al., 2007).

Deste modo, o objetivo do presente trabalho foi realizar a estimativa de ganho de seleção de plantas individuais de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso, situada no município de Tangará da Serra, MT, (14°39' S e 57°25'W e altitude de 321 m). O solo é classificado como Latossolo Vermelho

Distroférico, de textura argilosa e relevo plano a levemente ondulado. O clima da região é tropical apresentando estações seca e chuvosa bem definidas, a precipitação média anual varia de 1300 a 2000 mm ano<sup>-1</sup>, com uma temperatura anual que varia de 16 a 36°C (Martins et al., 2010).

Os tratamentos foram constituídos de oito cruzamentos entre as cultivares comerciais BRS Gigante Amarelo x BRS Rubi do Cerrado, BRS Sol do Cerrado x BRS Rubi do Cerrado, BRS Ouro Vermelho x BRS Rubi do Cerrado, FB 100 x BRS Rubi do Cerrado, FB 200 x BRS Rubi do Cerrado, IAC 275 x BRS Rubi do Cerrado, IAC 275 x BRS Sol do Cerrado e IAC 275 x BRS Ouro Vermelho. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com dez repetições e dez plantas por parcela. O plantio foi realizado em agosto de 2010, com espaçamento de 4,0 m entre plantas e de 3,5 m entre linhas de plantio a fim de possibilitar a mobilização de máquinas dentro do experimento. O sistema de condução das plantas foi o de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m, espaçados de 6,0 m e com um fio de arame liso número 12 a partir de 2,0 m do solo.

Foram avaliadas todas as plantas dentro de cada parcela individualmente, utilizando-se cinco frutos por planta, colhidos semanalmente durante doze meses. As características físicas dos frutos avaliadas foram: peso médio dos frutos em quilos (PF); comprimento do fruto em mm (CF); diâmetro do fruto em mm (DF), obtido com a média aritmética das dimensões transversais dos frutos e espessura da casca em mm (EC), determinada por meio da média aritmética das medidas de quatro pontos da casca externa.

As características químicas avaliadas foram: porcentagem de polpa (PP), obtida através da pesagem da polpa (sementes com arilo), dividindo este valor pelo peso total dos frutos; teor de sólidos solúveis totais (SST), obtido por refratometria, utilizando-se refratômetro digital portátil, com leitura entre 0 e 32° Brix; coloração da polpa (CP), obtida pela avaliação visual da coloração da polpa dos frutos, por meio de uma escala de notas adaptada de Linhales (2007); acidez total titulável (ATT), determinada de acordo com a metodologia descrita pela AOAC (1990); potencial hidrogeniônico (pH), medido através de um pHmetro digital (MA-PA200) e a relação sólidos solúveis totais/acidez total titulável (SST/ATT), utilizando-se a simples divisão do valor encontrado de SST pelo valor encontrado de ATT.

As estimativas para herdabilidade individual no sentido restrito foram obtidas por:  $(h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2})$ , onde  $h_a^2$  = herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;  $\sigma_a^2$  Variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$  variância genética residual. Sendo seus resultados interpretados por herdabilidades de alta magnitude tendo  $h_a^2 \geq 0,50$ , herdabilidades de média magnitude  $0,15 \leq h_a^2 < 0,50$  e herdabilidades de baixa magnitude, onde  $h_a^2 < 0,15$ . Para estimar os valores da acurácia calculou-se a raiz quadrada da herdabilidade individual no sentido restrito  $r_{\hat{a}a} = \sqrt{h_a^2}$ , sendo classificadas de acordo com as seguintes magnitudes: acurácia alta ( $r_{\hat{a}a} \geq 0,70$ ), média ou moderada ( $0,40 \leq r_{\hat{a}a} < 0,70$ ) e baixa ( $r_{\hat{a}a} < 0,40$ ) (Resende, 2002).

As análises de predição dos ganhos genéticos e estimativa dos componentes de variância via REML/BLUP foram realizadas pelo software estatístico genético Selegen – Seleção Genética Computadorizada, conforme descrito por Resende (2007). O modelo utilizado foi:  $y = Xr + Zg + Wp + e$ , onde temos que:  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).  $X$ ,  $Z$  e  $W$  – são matrizes de incidência conhecidas, formadas por valores 0 e 1, as quais associam as incógnitas  $r$ ,  $g$  e  $p$  ao vetor de dados  $y$ , respectivamente.

Este modelo possibilita avaliação de indivíduos em progênie de irmãos completos com várias observações por parcela, sendo a avaliação em um local, em delineamento de blocos ao acaso com várias plantas por parcela. A metodologia de modelos mistos permite estimar  $f$  pelo procedimento de quadrados mínimos generalizados e prever  $a$  e  $c$  pelo procedimento BLUP. Para obtenção destas soluções, basta resolver o seguinte sistema de equações lineares, o qual é denominado equações de modelo misto (MME):

$$\begin{bmatrix} r \\ q \\ p \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1} \lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I \lambda_2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

Em que:

$$\lambda_1 = \frac{1 - h^2 - c^2}{h^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_q^2} \quad \lambda_2 = \frac{1 - h^2 - c^2}{c^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2}$$

A e I são matriz de parentesco genético aditivo e matriz identidade de ordem apropriada aos dados, respectivamente. Atribuindo-se valores iniciais para os componentes de variância nas MME, obtêm-se as predições para os efeitos q e p. Calculando-se as variâncias desses efeitos preditos, obtêm-se as estimativas de variâncias  $\sigma_q^2$  (variância genética aditiva) e  $\sigma_p^2$  (variância entre parcelas), as quais, provavelmente, serão diferentes dos valores iniciais utilizados nas MME, significando que os valores iniciais não foram plausíveis ou verossímeis. Desta forma, deve-se resolver novamente as MME, usando estes componentes de variância calculados.

Procedendo-se sucessivamente desta maneira, atinge-se a convergência para os componentes de variância, ou seja, tem-se que os valores utilizados nas MME equivalem às próprias variâncias dos efeitos preditos, significando que os valores utilizados nas MME passaram a ser plausíveis ou verossímeis com o conjunto de dados. Todas as plantas foram selecionadas visando o acréscimo das características avaliadas em relação às médias originais.

Segundo Resende (2000), as soluções para as equações de modelo misto devem ser obtidas por métodos iterativos de resolução de sistemas de equações lineares, da seguinte forma:

- Herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;

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

- Variância genética aditiva;

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

- Variância residual

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

Onde:

- tr: é o operador de traço matricial;
- r(x): posto da matriz x;
- N,q: N<sup>0</sup> total de dados e N<sup>0</sup> total de indivíduos respectivamente;
- C<sup>22</sup>, advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}$$

- C: Matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos;

- Estimador da variância do erro de predição dos valores genéticos;

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

- Acurácia da predição dos valores genéticos;

$$R_{\hat{a}a}^2 = [1 - PEV / \sigma_A^2]^{1/2}$$

Com o procedimento REML/BLUP os indivíduos foram ranqueados de acordo com os valores genotípicos encontrados para cada característica. A partir destes valores foi aplicada a seleção com base no índice de Mulamba e Mock (1978). Adicionalmente, o procedimento permite que a ordem de classificação das variáveis tenha pesos diferentes, conforme sua importância. Assim tem-se:  $I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n$  sendo  $p_j$  o peso atribuído pelo pesquisador à  $j$ -ésima característica (Cruz, 2006).

Desta forma foram dados pesos 4, 2 e 2 para as características PF, PP e SST/ATT, respectivamente, visando a seleção para o consumo *in natura* e pesos 4, 2 e 2 para as características PP, SST e ATT respectivamente, visando a seleção para indústria e as demais características receberam peso 1. Posteriormente, o ranking foi ordenado do menor para o maior valor, onde a menor soma de postos de acordo com todas as características e seus respectivos pesos indica a melhor classificação, ou seja, o menor valor indica o melhor indivíduo a ser selecionado.

A partir das 30 melhores plantas selecionadas com relação à importância de utilização para indústria e para o consumo *in natura*, foram estimados os ganhos de seleção pela expressão  $GS = (\bar{X}_s - \bar{X}_o) h_a^2$ , em que: GS é o ganho de seleção;  $\bar{X}_s$  é a média das 30 plantas selecionadas;  $\bar{X}_o$  é a média das plantas avaliadas; e  $h_a^2$  é a herdabilidade individual no sentido restrito.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos apresentadas no Quadro 1 demonstram herdabilidades individuais de alta magnitude para as características PF (87%) e CF (65%). Estas características são consideradas importantes para o consumo *in natura*, devendo a seleção buscar o acréscimo das mesmas. Desta forma a seleção individual carrearia consigo excelente controle genético, garantindo em nível de indivíduo e progênie ganhos genético significativo e excelentes possibilidades para seleção.

Para as características DF, EC, CP, pH e SST/ATT as herdabilidades foram de média magnitude, variando entre 16,3% e 41,5%. Contudo características que apresentam herdabilidades consideradas médias não indicam ineficiência para seleção, podendo sim ser utilizadas, porém com menores ganhos por ciclo. Inferindo-se que estas características com base na variância genética serão mediamente herdadas na próxima população.

Quadro 1. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos associados às características físicas e físico-químicas referentes ao peso médio de frutos (PF), diâmetro de frutos (DF), comprimento de frutos (CF), espessura da casca (EC), porcentagem de polpa do maracujazeiro azedo (PP) coloração de polpa (CP), sólidos solúveis totais (SST), potencial hidrogeniônico (pH), acidez total titulável (ATT), relação sólidos solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT). Tangará da Serra - MT, 2014.

Características	Parâmetros		
	*h <sub>a</sub> <sup>2</sup>	*r <sub>âa</sub> <sup>2</sup>	Média geral
CP	0,27225 +- 0,0746	0,5217	4,22
SST	0,07836 +- 0,0400	0,2799	12,78
pH	0,16299 +- 0,0577	0,4037	2,99
ATT	0,12624 +- 0,0508	0,3553	3,79
SST/ATT	0,17452 +- 0,0598	0,4177	3,47
PF	0,87212 +- 0,1336	0,9339	0,15
DF	0,37622 +- 0,0877	0,6134	74,46
CF	0,65493 +- 0,1158	0,8093	89,64
EC	0,41479 +- 0,0921	0,6440	7,33
PP	0,06446 +- 0,0363	0,2539	34,18

\*h<sub>a</sub><sup>2</sup>: herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância; r<sub>âa</sub><sup>2</sup>: acurácia individual.

De acordo com Farias Neto et al. (2007), a herdabilidade individual de 44,6% encontrada na seleção de progênies de açazeiro para altura de cachos, demonstra um bom controle genético e conseqüentemente grande potencial para seleção dentro do experimento. Da mesma forma Rocha et al. (2007), trabalhando na seleção de genitores de eucalipto, mostram valores de herdabilidade variando de 21% a 36%, reforçando que as estimativas de herdabilidade encontradas no presente trabalho para as características avaliadas apresentam grandes perspectivas para o avanço genético da população em estudo.

As herdabilidades para as características PP, SST e ATT foram baixas, inferindo que ocorrerá baixa herança do caráter na próxima população. Quando se deseja realizar o melhoramento para um ou mais caracteres, controlados por vários

genes, é impossível se obter sucesso em um único ciclo de seleção (Menezes Júnior et al., 2008). Portanto é necessário utilizar métodos de seleção mais elaborados, a fim de potencializar os ganhos para estas características através da seleção recorrente, buscando aumentar a concentração de alelos favoráveis das características de interesse a cada ciclo.

Para as características PF (93,4%) e CF (81,0%) a acurácia foi de alta magnitude, considerando que houve uma maior correlação entre o valor genético predito e o valor genético verdadeiro. Pimentel et al. (2008) avaliando épocas de avaliação de colheita encontraram valores semelhantes de acurácia para peso de frutos, indicando um bom percentual de acertos em caso de seleção para esta característica. Para as características DF, EC, CP, pH e SST/ATT a acurácia determinada foi moderada podendo ainda estimar com segurança nos valores genéticos preditos e de herdabilidade. Quanto às demais características os valores de acurácia foram de baixa magnitude, inferindo que os valores genéticos preditos e a herdabilidade apresentam baixa confiança para seleção.

Os ganhos genéticos preditos mais expressivos da seleção destinada à indústria foram para as características peso de fruto, comprimento de fruto e espessura da casca, obtendo valores de 1,77%, 3,75% e -7,46% respectivamente (Quadro 2). Estes ganhos de seleção foram superiores aos encontrados por Gonçalves et al. (2007) utilizando índice de Mulamba e Mock, onde os ganhos obtidos foram de 0,82 para PF, 0,35 para CF e 1,55% para EC.

Contudo, Oliveira et al. (2008) utilizando índices multivariados encontraram ganhos de seleção superiores para peso de frutos e comprimento de frutos, atingindo 22,8 e 10,96% respectivamente. O menor ganho genético verificado no trabalho certamente está relacionado à alta qualidade dos genitores utilizados nos cruzamentos, os quais são cultivares melhoradas e recomendadas para várias regiões do Brasil.

A seleção para indústria requer atenção especial para as características PP, SST e ATT, porém os ganhos obtidos para estas características não obtiveram destaques. Entretanto a seleção elevou outras características importantes como a redução da EC, visto que a característica é fortemente correlacionada ao rendimento de suco, promovendo o aumento da PP (Santos et al., 2009). Os ganhos para ATT foram baixos, mas são construtivos ao processo de melhoramento nesta fase de seleção. Conforme Negreiros et al. (2008) a ATT é uma característica de grande

importância para a indústria, pois, altos níveis de acidez elevam tempo de conservação da polpa e desfavorecem a manifestação de microrganismos.

Quadro 2. Estimativas de ganhos de seleção (GS) para às características de frutos de maracujazeiro azedo destinados à indústria e ao consumo *in natura*. Tangará da Serra - MT, 2014.

Características	MO		MS		GS		GS (%)	
	In natura	Indústria						
PF (kg)	0,16	0,16	0,18	0,16	0,02	0,003	13,38	1,77
DF (mm)	74,46	74,46	80,04	77,66	2,10	1,21	2,82	1,62
CF (mm)	89,64	89,64	93,27	94,77	2,38	3,37	2,65	3,75
EC (mm)	7,33	7,33	8,11	6,02	0,32	-0,55	4,37	-7,46
PP (%)	34,19	34,19	38,03	42,30	0,25	0,52	0,72	1,53
CP	4,23	4,23	4,27	4,37	0,01	0,04	0,25	0,90
SST (°Brix)	12,80	12,80	13,49	14,35	0,05	0,12	0,43	0,95
pH	3,00	3,00	3,05	2,95	0,01	-0,01	0,31	-0,26
ATT	3,80	3,80	3,28	3,96	-0,07	0,02	-1,71	0,53
SST/ATT	3,47	3,47	4,19	3,74	0,13	0,05	3,61	1,34
Total	-	-	-	-	-	-	26,84	4,67

\* Média original (MO), média dos indivíduos selecionados (MS), ganho de seleção (GS) e porcentagem de ganho de seleção (GS%), peso médio de frutos (PF), diâmetro de frutos (DF), comprimento de frutos (CF), espessura da casca (EC), porcentagem de polpa (PP), coloração de polpa (CP), sólidos solúveis totais (SST), potencial hidrogeniônico (pH), acidez total titulável (ATT) e relação sólidos solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT).

O ganho de seleção visando o consumo *in natura* foi alto para as características peso de fruto (13,4%), espessura da casca (4,4%) e relação SST/ATT (3,6%). Ferreira et al. (2010) relatam que caracteres como peso de fruto, comprimento de fruto e diâmetro equatorial do fruto são importantes em programas de melhoramento genético do maracujazeiro para obtenção de genótipos com características para mercado *in natura*. Estas características físicas do fruto fazem com que o produto se torne mais atrativo aos olhos do consumidor, uma vez que frutos maiores têm melhor aceitação de mercado.

Para a característica PF os ganhos adquiridos com base no índice de seleção foram altamente consideráveis, uma vez que Silva et al. (2009) ao analisarem progênies meio irmãos utilizando o índice de Mulamba e Mock, obtiveram 3,18% de ganho para mesma característica. O ganho de seleção para PP foi pouco expressivo, 0,72%, isto pode ocorrer ao se utilizar a seleção baseada nos caracteres em conjunto, equilibrando os ganhos de forma geral acaba reduzindo o de algumas características por selecionar indivíduos superiores para as demais, sendo possível em outros ciclos uma melhora nessa característica.

A característica SST/ATT também é importante para o consumo *in natura*, segundo Silva et al. (2008) SST e ATT devem ser analisados em conjunto, pois o sabor dos frutos é avaliado pela relação SST/ATT e deve-se ao balanço de ácidos e açúcares, os autores ressaltam ainda que a época de colheita e porcentagem de amarelecimento do fruto pode ocasionar influência nessa característica. Porém pesquisas com ganho de seleção para SST/ATT ainda são escassas e pode-se inferir que ganhos com o valor de 3,61% sejam aceitáveis e aplicáveis no momento.

## **CONCLUSÕES**

As altas herdabilidades individuais no sentido restrito para as características PF e CF, comprovadas pelos valores das acurácias, indicam excelente possibilidade para seleção individual de plantas utilizando a metodologia REML/BLUP.

Os ganhos de seleção visando o consumo *in natura* foram altos para as características PF, SST/ATT, EC e DF, indicando sucesso na seleção para caracteres físicos e químicos dos frutos. Enquanto que para o consumo industrial os ganhos preditos foram altos para as características EC, CF e PF.

## REFERÊNCIAS

- ALVES, M.A.; RESENDE, M.D.V.; BANDEIRA, B.S.; PINHEIRO, T.H.; FARIAS, D.C.R. Avaliação e seleção de progênies de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*), em Belém, Pará. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 32: 204-212, 2010.
- AOAC, Association of official agriculture chemists. **Official methods of analysis of the association of official analytical chemistry**. Washington, 1990. 910-928p.
- BORGES, A. L.; RODRIGUES, M. G. V.; LIMA, A. A.; ALMEIDA, I. E.; CALDAS, R. C. Produtividade e qualidade de maracujá-amarelo irrigado, adubado com nitrogênio e potássio. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 25: 259-262, 2003.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S.; **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2004. 480p.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Editora UFV, 2006. 648p.
- FARIAS NETO, J.T.; RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, M.S.P.; SANTOS, N.S.A.; CANUTO, E.L.; NOGUEIRA, O.L.; MULLER, A.A. Avaliação genética de progênies de polinização aberta de açaí (*Euterpe oleracea*) e estimativas de parâmetros genéticos. **Cerne**. 13: 376-383, 2007.
- FARIAS NETO, J.T.; RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, M. S. P. **Seleção simultânea em progênies de açaizeiro irrigado para produção e peso do fruto**. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 33: 532-539, 2011.
- FERREIRA, F. M.; NEVES, L. G.; BRUCKNER, C. H.; VIANA, A. P.; CRUZ, C. D.; BARELLI, M. A. A. Formação de super-caracteres para seleção de famílias de maracujazeiro amarelo. **Acta Scientiarum**. 2: 247-254, 2010.
- GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; BEZERRA NETO, F.V.; PEREIRA, M.G.; PEREIRA, T.N.S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 42: 193-198, 2007.
- IBGE. **Banco de Dados agregados Maracujá**. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/protabl.asp?c=106&z=t &o=11&i=P>. Acesso em: 11, janeiro, 2014.
- LINHALES, H. **Seleção em famílias de irmãos completos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis Sims f. flavicarpa Deg.*) no segundo ano de produção**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2007. 76 p. (Tese – Mestrado em fitotecnia).

MARTINS, J.A.; DALLACORT, R.; INOUE, M.H.; SANTIN, A.; KOLLING, E.M.; COLETTI, A.J. Probabilidade de precipitação para a microrregião de Tangará da Serra estado de Mato Grosso. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. 40: 291-296, 2010.

MENESES JUNIOR, J. A. N.; RAMALHO, M. A. P; ABREU, A. F. B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia**. 67: 833-838, 2008.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal Genetics and Cytology**. 7: 40-51, 1978.

NEGREIROS, J. R. S.; ARAÚJO, S. E.; ÁLVARES, V. S.; LIMA, V. A.; OLIVEIRA, T. K. Caracterização de frutos de progênies de meios-irmãos de maracujazeiro-amarelo em Rio Branco – Acre. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 30: 431-437, 2008.

OLIVEIRA, V. R.; RESENDE, M. E. V.; NASCIMENTO, C. E. S.; DRUMOND, M. A.; SANTOS C. A. F. Variabilidade genética de procedências e progênies de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revista Brasileira de Fruticultura**. 26: 53-56, 2004.

OLIVEIRA, E. J.; SANTOS, V S.; LIMA, D. S.; MACHADO, M. D.; LUCENA, R. S.; MOTTA, T. B. N.; CASTELLEN, M. S. Seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 43: 1543-1549, 2008.

PIMENTEL, L. D.; STENZEL, N. M. C.; CRUZ C. D.; BRUCKNER, C. H. Seleção precoce de maracujazeiro pelo uso da correlação entre dados de produção mensal e anual. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 43: 1303-1309, 2008.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Editora Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M.D.V. Software **SELEGEN-REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Editora Embrapa Florestas, 2007. 359p.

ROCHA, M.G.B.; PIRES, I.E.; ROCHA, R.B.; XAVIER, A.; CRUZ, C.D. Seleção de genitores de *eucalyptus grandis* e de *eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Arvore**. 31: 977-987, 2007.

SANTOS, C. E. M.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SIQUEIRA, D. L.; PIMENTEL, L. D. Características físicas do maracujá-azedo em função do genótipo

- e massa do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**.31: 1102-1110, 2009.
- SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU A. F. B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro 'Carioca'. **Pesquisa agropecuária brasileira**. 42: 1437-1442, 2007.
- SILVA, T. V.; RESENDE, E. D.; VIANA, A. P.; PEREIRA, S. M. F.; CARLOS, L. A.; VITORAZI, L. Qualidade do suco de maracujá-amarelo em diferentes épocas de colheita. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**. 28: 545-550, 2008.
- SILVA, M.G.M.; VIANA, A.P.; GONÇALVES, G.M.; AMARAL JUNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G. Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: alternativa de capacitação de ganhos. **Ciência e Agrotecnologia**. 33: 170- 176, 2009.
- SILVA, M. G. M.; VIANA, A. P. Alternativas de seleção em população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 34: 525-531, 2012.

## **5. PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS PREDITOS POR DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM MARACUJAZEIRO AZEDO**

### **RESUMO**

Com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos e comparar os ganhos de seleção obtidos pela seleção massal, seleção entre e dentro, seleção combinada e metodologia REML/BLUP, foi implantado um experimento na Universidade do Estado de Mato Grosso, em Tangará da Serra-MT, composto por 8 cruzamentos de maracujazeiro azedo. O experimento foi conduzido em blocos ao acaso, com 10 repetições de 10 plantas por parcela, sendo avaliado o número de frutos, produção e peso de frutos. As estimativas de variâncias genéticas apresentaram boas taxas de controle genético, demonstrando que, se tratando de seleção visando o acréscimo, há uma boa oportunidade de sucesso para estes caracteres pela seleção. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade entre famílias foram superiores às estimativas dentro de famílias, sendo o PF a característica que apresentou maior herdabilidade individual (87%). Quanto às estratégias de seleção, a metodologia REML/BLUP e seleção combinada foram as que obtiveram maiores ganhos preditos. Palavras-chave: Seleção Massal, seleção entre e dentro, seleção combinada e REML/BLUP.

### **INDIVIDUAL SELECTION OF YELLOW PASSION FRUIT PLANTS REGARDING QUALITY VIA REML/BLUP**

#### **ABSTRACT**

Passion fruit is one of the major fruit crops grown in Brazil, however, in Mato Grosso State the culture can be much more explored. So that, the aim of this work was to select yellow passion fruit plants regarding their fruit quality for the industry and fresh consumption via REML/BLUP. The experiment was conducted in the Mato Grosso State University experimental area, in Tangará da Serra, Mato Grosso. It was evaluated eight crossing of commercial cultivars. It was used a randomized block experimental design with ten replications of ten plants per plot. From the genetic value found by the REML/BLUP methodology, it was applied the Mulamba Mock selection index in order to rank all individuals, selecting the 30 plants that showed the best performance for the evaluated characteristics. The high heritability values in the

strict sense for the characteristics fruit weight (87%) and fruit length (65%) indicate possibilities for individual plants selecting. The selection gain aiming fresh consumption was high for the characteristics fruit weight (13.38%), peel thickness (4.37%) and SST/ATT relation (total soluble solids / total titratable acidity ) (3.61%). For industrial production selection the special attention was to the characteristics PP, SST and ATT, but the gains for PP (1.53%) and TSS (0.95%) had not stood out, however, the selection had gains in other important features such as peel thickness EC (-7.46%), fruit length CF (3.75%) and fruit weight PF (1.77%).

**Keywords:** Genetic gains, selective accuracy, *Passiflora edulis* Sims.

## INTRODUÇÃO

*Passiflora edulis* Sims é a principal espécie da família Passifloraceae cultivada no Brasil (Bernacci et al., 2008). O país é o maior produtor mundial de maracujazeiro azedo, apresentando rendimento médio de 13.416 kg ha<sup>-1</sup>, sendo que no estado de Mato Grosso o rendimento em 2012 foi de 18.589 kg ha<sup>-1</sup> IBGE (2014). Mesmo o estado obtendo produtividade superior à média nacional, ainda pode ser considerada baixa visto que outros estados como Rio Grande do Norte e Espírito Santo obtiveram rendimentos superiores, apresentando médias de 22.042 e 25.702 kg ha<sup>-1</sup> respectivamente (IBGE, 2014).

Apesar desta importância para a agricultura familiar do país, a cultura tem ainda muito para avançar sob o aspecto do melhoramento genético (Bruckner et al., 2002; Gonçalves et al., 2007). Sendo que isto fortalece a hipótese de que o maracujazeiro possa obter melhores desempenhos através de programas de melhoramento, proporcionando o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições locais de Mato Grosso.

A seleção massal é um dos mais antigos métodos de melhoramento de plantas, pois consiste na seleção de indivíduos fenotipicamente superiores, que são colhidos em conjunto para formar a geração seguinte. Atualmente vem sendo empregada na formação da população base em programas de melhoramento genético.

Dentre os métodos mais utilizados no melhoramento destaca-se a seleção recorrente, que associada a ferramentas biométricas pode auxiliar na seleção de materiais genéticos superiores (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Contudo,

informações dessa natureza são escassas e estudos com ênfase em biometria são necessários para que o melhoramento do maracujazeiro alcance maior sucesso, aproveitando a vantagem de poder selecionar plantas superiores na fase de geração de progênes, maximizando os ganhos durante o ciclo de seleção (Silva et al., 2009).

Uma dessas ferramentas comumente utilizada para auxiliar a seleção recorrente é a seleção entre e dentro, onde primeiro se identificam as melhores famílias com base na média das parcelas e em seguida, numa segunda etapa, selecionam-se nas famílias as plantas de melhor desempenho. Porém estes métodos apresentam a desvantagem de se basear em valores fenotípicos, sujeitos a maior influência dos efeitos ambientais (Martins et al., 2005).

Com o intuito de reduzir a influência do ambiente neste processo, a seleção combinada seleciona genótipos superiores através dos valores genéticos estimados para cada indivíduo, sendo que a seleção combinada baseia-se no estabelecimento de um índice por indivíduo por característica, realizando a escolha com base no desempenho individual associado ao desempenho da família, em um único estágio (Costa et al., 2000). Tornando-se desta forma uma estratégia eficaz que visa priorizar o mérito individual, com informações complementares relativas ao valor apresentado pelas suas respectivas famílias. Assim o valor individual e o valor do restante dos indivíduos da família são utilizados para a tomada de decisão no momento da seleção.

Outra metodologia que utiliza valores genéticos na seleção de plantas é a metodologia de modelos mistos, inicialmente proposta por Henderson (1973) para aplicação no melhoramento animal e que vem sendo utilizada com sucesso no melhoramento vegetal. Este método permite obter o melhor preditor linear não viciado, predizendo assim os valores genéticos de cada indivíduo.

Desta forma é possível gerar estimativas não tendenciosas, de parâmetros, pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), proposto por Patterson e Thompson (1971). Juntas, as metodologias REML/BLUP apresentam as vantagens de poderem ser aplicadas a dados desbalanceados e não necessariamente obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, bastando que se tenha informações sobre a genealogia dos indivíduos.

No desenvolvimento de programas de melhoramento de plantas a estimação de parâmetros genéticos tem fundamental importância, pois permite identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e,

assim, avaliar a eficiência das diferentes estratégias de melhoramento, pela obtenção de ganhos genéticos preditos e manutenção de uma base genética adequada. Uma das maneiras de identificar os indivíduos portadores de genes desejáveis é a avaliação genética dos candidatos à seleção (Resende, 2007).

O objetivo do presente trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e comparar os ganhos de seleção obtidos através da seleção massal, seleção entre e dentro, seleção combinada e metodologias REML/BLUP no maracujazeiro azedo.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

O experimento foi conduzido no campo experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso, Campus Universitário de Tangará da Serra, MT 14°39' S e 57° 25' W, a 321 m de altitude. Segundo a classificação de Köppen, o clima da região é tropical úmido megatérmico (Aw) apresentando temperatura média de 24,4°C, com uma precipitação média anual de 1.500 mm, caracterizada por chuvas no verão e seca no inverno (Martins et al., 2010).

Os tratamentos foram constituídos de oito cruzamentos entre cultivares comerciais BRS Gigante Amarelo x BRS Rubi do Cerrado, BRS Sol do Cerrado x BRS Rubi do Cerrado, BRS Ouro Vermelho x BRS Rubi do Cerrado, FB 100 x BRS Rubi do Cerrado, FB 200 x BRS Rubi do Cerrado, IAC 275 x BRS Rubi do Cerrado, IAC 275 x BRS Sol do Cerrado e IAC 275 x BRS Ouro Vermelho. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com dez repetições de dez plantas por parcela. O plantio foi realizado em agosto de 2010, com espaçamento de 4,0 m entre plantas e de 3,5 m entre linhas de plantio a fim de possibilitar a mobilização de máquinas dentro do experimento. O sistema de condução das plantas foi o de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m, espaçados de 6,0 m e com um fio de arame liso número 12 a partir de 2,0 m do solo.

Foram avaliadas individualmente cada planta dentro da parcela quanto às seguintes características: produção, evidenciada pela soma do total de colheitas realizadas durante a condução do experimento (Prod), número de frutos por planta, que é o número de frutos coletados ao longo da condução do experimento (NF) e peso médio de frutos, calculado pela razão entre a produção e o número total de frutos colhidos em cada planta (PF).

Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando os programa estatístico Genes (Cruz, 2013) e Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007), sendo estimados os seguintes parâmetros genéticos:

- ✓  $CV_{ex}$ , experimental.

$$CV_{ex} \% = \frac{100 \sqrt{\sigma_e^2}}{m}$$

- ✓  $CV_{ge}$ , genético entre famílias.

$$CV_{ge} \% = \frac{100 \sqrt{\sigma_g^2}}{m}$$

- ✓  $CV_{gd}$ , genético dentro de família.

$$CV_{gd} \% = \frac{100 \sqrt{\sigma_{gd}^2}}{m}$$

- ✓  $CV_e$ , ambiental.

- ✓  $CV_{ge}/CV_e$ ;  $CV_{gd}/CV_e$ , relação entre os coeficientes de variação genético entre e dentro de famílias e ambiental.

- ✓  $h_m^2$ , coeficiente de herdabilidade entre médias de famílias.

$$h_m^2 = \frac{\sigma_g^2}{(QMT/\bar{n}r)}$$

- ✓  $h_d^2$ , coeficiente de herdabilidade dentro de famílias.

$$h_d^2 = \frac{\sigma_{gd}^2}{\sigma_d^2}$$

- ✓  $h_i^2$ , coeficiente de herdabilidade individual no sentido restrito.

$$h_i^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

- ✓  $h_b^2$  coeficiente de herdabilidade de plantas no bloco.

$$h_b^2 = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_{gd}^2}{\sigma_d^2 + \sigma_e^2 + \sigma_g^2}$$

- ✓  $\sigma_{gm}^2$ , variância genética entre médias de famílias.

- ✓  $\sigma_{gd}^2$ , variância genética dentro de família.

- ✓  $\sigma_g^2$ , variância genotípica.

- ✓  $\sigma_f^2$ , variância fenotípica individual.

- ✓  $\sigma_{rd}^2$ , Variância residual dentro de parcela.
- ✓  $\sigma_{ft}^2$ , variância fenotípica total.
- ✓  $\sigma_{fb}^2$ , variância fenotípica em virtude do efeito de bloco.
- ✓  $\sigma_e^2$ , variância ambiental entre parcelas.
- ✓ Para todas estas deve colocar a fórmula

A seleção massal, seleção entre e dentro e seleção combinada, ambas foram realizadas conforme Cruz et al. (2004) utilizado o programa computacional GENES (Cruz, 2013). Para a realização da seleção entre e dentro considerou-se a intensidade de seleção de 25% entre e dentro de famílias para cada caráter, enquanto que, na seleção combinada foi adotado o índice proposto por Pires et al. (1996):

$$I_{ijk} = b_i(Y_{ijk} - \bar{Y}_{.j}) + b_f(\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{...})$$

Onde:  $I_{ijk}$ : índice estimador da k-ésima planta, da i-ésima família, j-ésima repetição;  $Y_{ijk}$ : valor fenotípico do indivíduo  $ijk$ ;  $\bar{Y}_{.j}$ : média da repetição  $j$  a que pertence o indivíduo  $ijk$ ;  $\bar{Y}_{i.}$ : média da família  $i$  que pertence o indivíduo  $ijk$ ;  $\bar{Y}$ : média geral do experimento;  $b_i$  e  $b_f$ : pesos atribuídos a seleção de indivíduos e de médias de famílias, de modo a reduzir o erro entre o índice e o agregado genótipo.

Após a determinação do valor genético dos indivíduos avaliados foram selecionadas as 40 melhores plantas a fim de formar o novo ciclo de seleção e em seguida foi estimado o ganho de seleção determinado pela seguinte expressão:

$$GS_{IC} = \frac{C\hat{v}_g(IC_{ijk} \cdot g_{ijk})}{\hat{V}(IC_{ijk})} DS_{IC} = DS_{IC}$$

Onde:

$C\hat{v}_g(IC_{ijk} \cdot g_{ijk})$  = Covariância genética aditiva entre os escores do índice de seleção combinada e os respectivos valores genéticos dos indivíduos;

$\hat{V}(IC_{ijk})$  = Variância dos valores do índice de seleção;

$DS_{IC}$  = Diferencial de seleção, obtido a partir dos escores do índice combinado.

As análises de predição dos ganhos genéticos e estimativa dos componentes de variância via REML/BLUP foram realizadas pelo software estatístico genético Selegen – Seleção Genética Computadorizada, conforme descrito por Resende (2007). O modelo utilizado foi:  $y = Xr + Zg + Wp + e$ , onde temos que:  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos

como fixos) somados à média geral,  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).  $X$ ,  $Z$  e  $W$  – são matrizes de incidência conhecidas, formadas por valores 0 e 1, as quais associam as incógnitas  $r$ ,  $g$  e  $p$  ao vetor de dados  $y$ , respectivamente.

Este modelo possibilita avaliação de indivíduos em progênes de irmãos completos com várias observações por parcela, sendo a avaliação em um local, em delineamento de blocos ao acaso com várias plantas por parcela. A metodologia de modelos mistos permite estimar  $f$  pelo procedimento de quadrados mínimos generalizados e prever  $a$  e  $c$  pelo procedimento BLUP. Para obtenção destas soluções, basta resolver o seguinte sistema de equações lineares, o qual é denominado equações de modelo misto (MME):

$$\begin{bmatrix} r \\ q \\ p \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z+A^{-1} \lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W+I\lambda_2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

Em que:

$$\lambda_1 = \frac{1-h^2-c^2}{h^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_q^2} \quad \lambda = \frac{1-h^2-c^2}{c^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2}$$

$A$  e  $I$  são matriz de parentesco genético aditivo e matriz identidade de ordem apropriada aos dados, respectivamente. Atribuindo-se valores iniciais para os componentes de variância nas MME, obtêm-se as predições para os efeitos  $q$  e  $p$ . Calculando-se as variâncias desses efeitos preditos, obtêm-se as estimativas de variâncias  $\sigma_q^2$  (variância genética aditiva) e  $\sigma_p^2$  (variância entre parcelas), as quais, provavelmente, serão diferentes dos valores iniciais utilizados nas MME, significando que os valores iniciais não foram plausíveis ou verossímeis. Desta forma, deve-se resolver novamente as MME, usando estes componentes de variância calculados.

Procedendo-se sucessivamente desta maneira, atinge-se a convergência para os componentes de variância, ou seja, tem-se que os valores utilizados nas MME equivalem às próprias variâncias dos efeitos preditos, significando que os valores utilizados nas MME passaram a ser plausíveis ou verossímeis com o conjunto de dados. Todas as plantas foram selecionadas visando o acréscimo das características avaliadas em relação às médias originais.

Segundo Resende (2000), as soluções para as equações de modelo misto devem ser obtidas por métodos iterativos de resolução de sistemas de equações lineares, da seguinte forma:

- Herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;

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

- Variância genética aditiva;

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

- Variância residual

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

Onde:

- tr: é o operador de traço matricial;
- r(x): posto da matriz x;
- N, q: N<sup>0</sup> total de dados e N<sup>0</sup> total de indivíduos respectivamente;
- C<sup>22</sup>, advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}$$

- C: Matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos;
- Estimador da variância do erro de predição dos valores genéticos;

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

- Acurácia da predição dos valores genéticos;

$$R_{aa}^2 = [1 - PEV / \sigma_A^2]^{1/2}$$

## RESULTADOS E DISCUSSÕES

Houve diferença significativa para genótipos entre parcelas e dentro de parcelas para todas as características avaliadas. Essa diferença significativa indica haver variabilidade genética e potencial para realização da seleção.

Quadro 1. Análise de variância e estimativa do coeficiente de variação experimental (CV%) para as características produtividade, número de frutos (NF) e peso de fruto (PF) em oito cruzamentos de cultivares de maracujazeiro azedo.

Fonte de Variação	GL	Quadrados Médios
-------------------	----	------------------

		Produtividade (kg ha <sup>-1</sup> )	NF (un)	PF (kg)
Blocos	9	95,425**	4217,875**	0,0011**
Genótipos	7	617,931**	16277,130**	0,0217**
Entre parcela	63	34,262**	1714,150**	0,0004**
Dentro de parcela	702	36,410**	1417,891**	0,0002**
Média Original	-	22,92	144,97	0,16
CV (%)	-	8,17	9,14	4,16

<sup>ns</sup> Não significativo. \*\*e \* Significativo pelo teste F, a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente.

As estimativas de variâncias genéticas demonstram boas taxas de controle genético para os caracteres em estudo, indicando que, em se tratando de seleção visando o acréscimo, há uma boa oportunidade de sucesso para estes caracteres pela seleção, possibilitando o uso de ambos na predição de valores genéticos dos indivíduos candidatos (Quadro 2). A variância ambiental entre parcelas foi baixa quando comparada às demais, inferindo que houve uma boa precisão experimental e baixa interferência do ambiente sobre os tratamentos.

Quadro 2. Estimativas das variâncias para número de frutos (NF), produção (Prod) e peso de frutos (PF) em oito cruzamentos de cultivares de maracujazeiro azedo.

Variância	NF	Prod	PF
$\sigma_{gm}^2$	149,37	5,98	$2,20 \times 10^{-04}$
$\sigma_{gd}^2$	149,37	5,98	$2,20 \times 10^{-04}$
$\sigma_g^2$	149,81	5,97	$2,19 \times 10^{-04}$
$\sigma_f^2$	1598,08	42,26	$5,01 \times 10^{-04}$
$\sigma_{rd}^2$	1417,50	36,13	$2,66 \times 10^{-04}$
$\sigma_{ft}^2$	1629,75	42,96	$5,00 \times 10^{-04}$
$\sigma_{fb}^2$	32,10	0,78	$1,00 \times 10^{-05}$
$\sigma_e^2$	30,77	0,15	$1,70 \times 10^{-05}$

$\sigma_{gm}^2$ , variância genética entre médias de famílias;  $\sigma_{gd}^2$ , variância genética dentro de família;  $\sigma_g^2$  variância genotípica;  $\sigma_f^2$ , variância fenotípica individual;  $\sigma_{rd}^2$ , Variância residual dentro de parcela;  $\sigma_{ft}^2$ , variância fenotípica total;  $\sigma_{fb}^2$ , variância fenotípica em virtude do efeito de bloco;  $\sigma_e^2$ , Variância ambiental entre parcelas.

Os valores dos coeficientes de variação experimental ( $CV_{ex}$ ), determinados para as características NF (9,14%), Prod (8,17%) e PF (4,16%) são considerados baixos reforçando a ocorrência de pouca interferência do ambiente sobre os valores dos caracteres avaliados (Quadro 3). Estes valores são inferiores aos encontrados por Moraes et al. (2005) para NF (11,8%), Prod (23,8) PF (17,1%) ao avaliar uma

população de maracujazeiro azedo originada a partir de dois acessos do banco de germoplasma do Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR).

Os coeficientes de variação genética entre e dentro ( $CV_{ge}$  e  $CV_{gd}$ , respectivamente) para as características NF e PF foram superiores aos coeficientes de variação genético ambiental ( $CV_e$ ), inferindo a ocorrência de pouca influência do ambiente sobre os genótipos. Quanto à produção, a relação  $CV_g/CV_e$  foi igual a zero, devido ao  $CV_e$  ter sido nulo. Segundo Silva et al. (2012), as estimativas do coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) permitem ao melhorista ter uma percepção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção ao longo de um programa de melhoramento.

Quadro 3. Estimativas dos coeficientes de variação para número de frutos (NF), produção (Prod) e peso de frutos (PF) em oito cruzamentos de cultivares de maracujazeiro azedo.

CV (%) <sup>(1)</sup>	NF	Prod	PF
$CV_{ex}$	9,14	8,17	4,16
$CV_e$	3,80	0,00	2,61
$CV_{ge}$	8,43	10,67	9,28
$CV_{gd}$	8,43	10,67	9,28
$CV_{ge}/CV_e$	2,21	0,00	3,55
$CV_{gd}/CV_e$	2,21	0,00	3,55

<sup>(1)</sup>CV, coeficiente de variação;  $CV_{ex}$ , experimental;  $CV_e$ , ambiental;  $CV_{ge}$ , genético entre famílias;  $CV_{gd}$ , genético dentro de família,  $CV_{ge}/CV_e$  e  $CV_{gd}/CV_e$ , relação entre os coeficientes de variação genético entre e dentro de famílias e ambiental.

Quando a relação  $CV_g/CV_e$  for igual ou superior a 1, a influência do ambiente sobre o resultado do genótipo será minimizada, sendo que quanto maior for o valor da relação  $CV_g/CV_e$  menor será a interferência do ambiente sobre a característica estudada. Rosado et al. (2009) avaliando 100 famílias de *Eucalyptus urophylla*, identificaram maior relação  $CV_g/CV_e$  para a característica diâmetro à altura do peito (DAP) dentro de famílias, esperando-se maiores progressos na seleção dentro do que somente entre famílias.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade entre famílias para NF, Prod e PF foram superiores às estimativas dentro de famílias, indicando a possibilidade de se obter maiores ganhos de seleção ao se selecionar indivíduos com base nas médias entre famílias (Quadro 4). Diversos autores avaliando metodologias de seleção em culturas perenes destacam que a seleção entre

famílias apresentam maiores herdabilidades do que a seleção dentro de famílias, reforçando este resultado (Farias Neto e Castro 2000; Martins et al., 2001; Costa et al., 2000).

A herdabilidade individual foi alta apenas para PF (87%), sendo que desta forma, a seleção para esta característica carregaria consigo excelente controle genético, garantindo a nível de indivíduo e progênie ganhos genéticos significativos e excelentes possibilidades para seleção. Para a característica NF (28%) a herdabilidade foi considerada média, o que não significa ineficiência para a seleção, apenas seriam necessários mais ciclos de seleção para elevar essa característica. Quanto à Prod (18%), a herdabilidade encontrada foi de magnitude baixa, inferindo que ocorrerá maior dificuldade para elevar essa característica nos próximos ciclos de seleção.

Quadro 4. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade para número de frutos (NF), produção (Prod) e peso de frutos (PF) em oito cruzamentos de cultivares de maracujazeiro azedo

Coeficiente de herdabilidade	NF	Prod	PF
$h_m^2$	0,89	0,94	0,98
$h_d^2$	0,11	0,16	0,84
$h_i^2$	0,18	0,28	0,87
$h_b^2$	0,19	0,28	0,88

$h_m^2$ , coeficiente de herdabilidade entre médias de famílias;  $h_d^2$ , coeficiente de herdabilidade dentro de famílias;  $h_i^2$ , coeficiente de herdabilidade individual no sentido restrito;  $h_b^2$ , coeficiente de herdabilidade de plantas no bloco.

Segundo Jung et al. (2008) a herdabilidade individual no sentido restrito é a mais adequada para fins de melhoramento genético, uma vez que considera somente a aditividade, que é a porção herdável da variância genética que pode ser passada de geração a geração a cada ciclo de seleção. Gonçalves et al. (2007) avaliando 113 progênies de maracujá azedo provenientes de cruzamentos realizados sob Delineamento I de Comstock & Robinson (1948), encontraram herdabilidade individual no sentido restrito para fêmeas hierarquizadas a machos similares para número de frutos (20,225) e inferiores para peso de frutos (59,21%).

Comparando os ganhos de seleção obtidos pela seleção massal, seleção combinada, seleção entre e dentro e metodologia REML/BLUP foi possível obter ganhos de seleção positivos para todas as características estudadas, sendo determinados maiores ganhos pela metodologia REML/BLUP e seleção combinada

(Quadro 5). Resultados semelhantes foram encontrados por Rosado et al. (2009) avaliando metodologias de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*, destacando que ambas as metodologias, REML/BLUP e seleção combinada, foram eficientes no processo de seleção, podendo ser empregadas no melhoramento genético da cultura.

A seleção massal e seleção entre e dentro foram as que obtiveram menores ganhos de seleção em geral. Esta baixa eficiência ocorre devido à seleção entre e dentro selecionar em dois estágios distintos, sendo primeiramente selecionadas as melhores famílias e em seguida os melhores indivíduos dentro das famílias, fazendo com que indivíduos superiores de famílias medianas não sejam selecionados e pelo fato das duas metodologias utilizarem valores fenotípicos para a seleção ao contrário da seleção combinada e do BLUP que utilizam valores genéticos (Resende, 2002).

Quadro 5. Estimativas das médias dos indivíduos selecionados (MS), dos ganhos esperados (GS) e percentagem das estimativas dos ganhos esperados (GS %) pela seleção entre e dentro, combinada e pelo BLUP, para número de frutos (NF), produção (Prod) e peso de frutos (PF).

Ganhos de seleção	NF (un)	PROD (kg)	PF (g)
REML/BLUP			
MS	218,2	35,3	206,0
GS	22,3	4,8	48,0
GS%	15,4	20,8	30,2
Seleção combinada			
MS	211,1	34,6	207,0
GS	20,2	4,2	41,0
GS%	14,0	18,4	26,0
Seleção entre e dentro			
MS	209,6	33,6	199,0
GS	17,6	3,8	36,0
GS%	13,8	16,8	22,7
Seleção Massal			
MS	230,4	36,6	208,0
GS	15,6	3,8	42,0
GS%	10,8	16,6	26,4

Independente do critério de seleção utilizado, a característica que apresentou os maiores ganhos foi PF, sendo este resultado compatível com a alta herdabilidade encontrada para esta característica. Este resultado foi superior aos

encontrados por Gonçalves et al. (2007) e Morais et al. (2005) que selecionando progênies de maracujazeiro azedo encontraram ganhos de seleção para PF de 0,82% e 10,7% respectivamente, sendo o ganho para esta característica inferior aos encontrados para número de frutos e produção.

Em geral a seleção combinada apresentou maiores ganhos de seleção em relação à seleção entre e dentro e seleção massal, porém, quando avaliado o peso de frutos, a seleção massal obteve resultado superior. Isto pode ser explicado devido à característica peso de fruto ter apresentado uma alta herdabilidade, favorecendo o processo de seleção massal.

## CONCLUSÕES

As estimativas dos componentes de variância indicam a existência de grande variabilidade genética, possibilitando a obtenção de ganhos através da seleção.

A característica peso de fruto apresentou maior herdabilidade e ganho de seleção, sendo possível boas respostas para os próximos ciclos de seleção.

A metodologia REML/BLUP e seleção combinada apresentaram maiores ganhos de seleção quando comparadas com a seleção entre e dentro e seleção massal.

## REFERÊNCIAS

- ALVES, M.A.; RESENDE, M.D.V.; BANDEIRA, B.S.; PINHEIRO, T.H.; FARIAS, D.C.R. Avaliação e seleção de progênies de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*), em Belém, Pará. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 32: 204-212, 2010.
- BERNACCI, L.C.; SOARES-SCOTT, M.D.; JINQUEIRA, N.T.V.; PASSOS, I.R.S.; MELETTI, L.M.M. *Passiflora edulis* sims: The correct taxonomic way to cite the yellow passion fruit (and of others colors). **Revista Brasileira de Fruticultura**. 30: 566-576, 2008.
- BRUCKNER, C.H. **Melhoramento de fruteiras tropicais**. Viçosa: Editora UFV, 2002. 422p.
- COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**. 4: 254-266, 1948.

COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J.; GONÇALVES, P.S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 35: 381-388, 2000.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2003. 579p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S.; **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2004. 480p.

CRUZ, C.D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. V.35: p. 271-276, 2013.

FARIAS NETO, J.T.; CASTRO, A.W.V. Aplicação de diferentes critérios de seleção no melhoramento genético do taxi-branco. **Boletim de Pesquisa Florestal**. 41: 46-54, 2000.

GARCIA, C.H.; NOGUEIRA, M.C.S. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**. 68: 107-112, 2005.

GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; BEZERRA NETO, F.V.; PEREIRA, M.G.; PEREIRA, T.N.S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 42: 193-198, 2007.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Iowa State University: Editora Ames, 1988. 468p.

HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH. **Champaign**: American Society of Animal Science, 1973. p.10-41.

IBGE. **Banco de Dados agregados Maracujá**. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/protabl.asp?c=106&z=t &o=11&i=P>. Acesso em: 11, janeiro, 2014.

JUNG, M.S.; VIEIRA, E.A.; BRANCKER, A.; NODARI, R.O. Herdabilidade e ganho genético em caracteres do fruto do maracujazeiro-doce. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 30: 209-214, 2008.

MARTINS, I.S.; MARTINS, R.C.C.; CORREIA, H.S. Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. **Floresta e Ambientes**. 8: 36-43, 2001.

MARTINS, I.S.; CRUZ, C.D.; ROCHA, M.G.B.; REGAZZI, A.J.; PIRES, I.E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Revista Cerne**. 11: 16-24, 2005.

MARTINS, J.A.; DALLACORT, R.; INOUE, M.H.; SANTIN, A.; KOLLING, E.M.; COLETTI, A.J. Probabilidade de precipitação para a microrregião de Tangará da Serra estado de Mato Grosso. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. 40: 291-296, 2010.

MELETTI, L.M.M. Avanços na cultura do maracujá no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**. Volume especial: 83-91, 2011.

MORAES, M.C.; GERALDI, I.O.; MATTA, F.P.; VIEIRA, M.L.C.; Genetic and phenotypic parameter estimates for yield and fruit quality traits from a single wide cross in yellow passion fruit. **Hortscience**. 40: 1978-1981, 2005.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**. 58: 545-554, 1971.

PIRES, I.E.; CRUZ, C.D.; BORGES, R.C.G.; REGAZZI, A.J. Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**. 20: 191-197, 1996.

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Editora Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47).

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Editora Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M.D.V. Software **SELEGEN-REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Editora Embrapa Florestas, 2007. 359p.

ROCHA, M.G.B.; PIRES, I.E.; ROCHA, R.B.; XAVIER, A.; CRUZ, C.D. Seleção de genitores de *eucalyptus grandis* e de *eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Arvore**. 31: 977-987, 2007.

ROSADO, A.M.; ROSADO, T.B.; RESENDE JUNIOR, M.F.R.; BHERING, L.L.; CRUZ, C.D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 44: 1653-1659, 2009.

- SAMPAIO, P.T.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *Hondurensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 35: 2243-2253, 2000.
- SANTOS, C.E.M.; PISSIONI, L.L.M.; MORGADO, M.A.D.; CRUZ, C.D.; BRUCKNER, C.H. Estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo quanto ao vigor e incidência de verrugose. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 30: 444-449, 2008.
- SILVA, M.G.M.; VIANA, A.P.; GONÇALVES, G.M.; AMARAL JUNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G. Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: alternativa de capacitação de ganhos. **Ciência e Agrotecnologia**. 33: 170- 176, 2009.
- SILVA, M.G.M.; VIANA, A.P.; GONÇALVES, G.M.; AMARAL JUNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; REIS, R.V. Biometria aplicada ao melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo. **Revista Ciência Agronômica**. 43: 493-499, 2012.
- VIANA, A.P.; PEREIRA, T.N.S.; PEREIRA, M.G.; AMARAL JUNIOR, A.T.; SOUSA, M.M. MALDONADO, J.F.M. Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro-amarelo. **Revista Ceres**. 51: 545-555, 2004.

## 6. CONCLUSÕES GERAIS

As altas herdabilidades individuais no sentido restrito indicam excelente possibilidade de seleção de plantas via REML/BLUP visando o consumo *in natura* e industrial. Sendo o peso de frutos, espessura da casca, diâmetro de frutos e a relação SST/ATT as características que obtiveram maiores ganhos genéticos para a seleção de plantas destinadas ao consumo *in natura* e a espessura da casca, comprimento de frutos e peso de frutos as que obtiveram maior ganho genético para o consumo industrial.

As estimativas dos componentes de variância indicam a existência de grande variabilidade genética, possibilitando a obtenção de ganhos através da seleção, sendo a característica peso de fruto a que apresentou maior herdabilidade e ganho predito, indicando boas respostas para os próximos ciclos de seleção.

As metodologias REML/BLUP e seleção combinada foram as que apresentaram maiores ganhos de seleção quando comparadas com a seleção entre e dentro e seleção massal.