

SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL NO
MARACUJAZEIRO AMARELO (*Passiflora edulis* Sims)

MARCELO GERALDO DE MORAIS SILVA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY
RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
JULHO – 2009

SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL NO
MARACUJAZEIRO AMARELO (*Passiflora edulis* Sims)

MARCELO GERALDO DE MORAIS SILVA

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

Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana, D. Sc.

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ

JULHO– 2009

SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL NO
MARACUJAZEIRO AMARELO (*Passiflora edulis* Sims)

MARCELO GERALDO DE MORAIS SILVA

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

Aprovada em 10 de Julho de 2009.

Comissão Examinadora:

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

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) – UENF

Dr. Eder Jorge de Oliveira (D.Sc., Agronomia) – CNPMF/EMBRAPA

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

À minha esposa Alline e meu filho Pedro.

Aos meus pais, Ari e Elizabeth.

À minha irmã Karina.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ser o criador e por ter me dado capacidade para concretizar mais esta etapa na minha caminhada.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), por meio do programa de Pós Graduação em Produção Vegetal, pela oportunidade de realização do doutorado.

À UENF, pela concessão inicial da bolsa de estudos.

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

Em especial à Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), pela concessão da Bolsa Nota 10.

Às pesquisadoras Ana Lilia Alzate-Marin e Eveline Teixeira Caixeta, que foram fundamentais na minha formação.

Ao professor Alexandre Pio Viana, pela orientação, amizade e confiança depositada em mim no desenvolvimento do trabalho.

Ao professor Messias Gonzaga Pereira, pelos ensinamentos, sugestões e colaborações ao longo de toda a condução do trabalho.

Ao professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pela sua dedicação à pesquisa e por ser um grande incentivador.

Ao pesquisador e parceiro Eder Jorge de Oliveira, pela amizade e pelas sugestões dadas na melhoria do trabalho.

A todos os professores da Pós-graduação, pelos ensinamentos transmitidos ao longo de todo o curso.

Ao Técnico Agrícola Geraldo de Carvalho e aos trabalhadores de campo, pela colaboração na implementação de todos os experimentos de campo.

Ao meu amigo e bolsista Sérgio Idalino, pela fundamental ajuda na condução dos experimentos de campo e na coleta dos dados.

Aos colegas da UENF, Ramon, Paulinha, Fabiane, Pedro, Gustavo, Chicão, Felipe, Érica, Silvério, Thiago, Roberto, Rulfe, Leandro, Cláudia, Sílvio, Sávio, Ronaldo, Patrícia, Silvana, Keila, Roberta, Carolina, Renata, pelo convívio e amizade.

Ao meu sogro Edson e minha sogra Ercília, pela confiança e suporte de toda natureza.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para o meu crescimento profissional e para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

LISTA DE QUADROS.....	viii
LISTA DE FIGURAS.....	ix
LISTA DE TABELAS.....	x
RESUMO.....	xii
ABSTRACT.....	xiv
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1 Aspectos gerais da cultura do maracujazeiro amarelo.....	4
2.2 Melhoramento do maracujazeiro.....	6
2.3 Seleção Recorrente.....	11
2.4 Seleção recorrente intrapopulacional.....	18
2.5 Parâmetros genéticos.....	20
2.6 Índices de seleção.....	23

3. SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL NO MARACUJAZEIRO AMARELO: ALTERNATIVA DE CAPITALIZAÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS.....	27
RESUMO.....	27
ABSTRACT.....	28
INTRODUÇÃO.....	29
MATERIAL E MÉTODOS.....	30
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	32
CONCLUSÕES.....	37
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	37
4. PARÂMETROS GENÉTICOS EM UMA POPULAÇÃO DE MARACUJAZEIRO AMARELO SOB SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL.....	40
RESUMO.....	40
ABSTRACT.....	41
INTRODUÇÃO.....	42
MATERIAL E MÉTODOS.....	44
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	50
CONCLUSÕES.....	66
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	66
5. ASSOCIAÇÕES ENTRE CARACTERÍSTICAS E ALTERNATIVAS DE SELEÇÃO QUE PROMOVAM MAIORES GANHOS GENÉTICOS EM UMA POPULAÇÃO DE MARACUJAZEIRO AMARELO SOB SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL.....	70
RESUMO.....	70
ABSTRACT.....	71

INTRODUÇÃO.....	72
MATERIAL E MÉTODOS.....	74
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	85
CONCLUSÕES.....	104
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	104
6. NÚMERO MÍNIMO DE PROGÊNIES NECESSÁRIAS PARA REPRESENTAR UMA POPULAÇÃO DE MARACUJAZEIRO AMARELO NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS.....	109
RESUMO.....	109
ABSTRACT.....	110
INTRODUÇÃO.....	111
MATERIAL E MÉTODOS.....	113
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	116
CONCLUSÕES.....	123
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	124
7. RESUMO E CONCLUSÕES.....	126
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	129

LISTA DE QUADROS

QUADRO 4.1 – Escala de notas adotadas para avaliação da coloração da polpa.....	46
QUADRO 4.2 – Esquema da análise de variância para avaliação das progênies de irmãos completos em látice.....	47
QUADRO 5.1 – Classificação dos coeficientes de correlação (r) de acordo com sua magnitude.....	78
QUADRO 6.1 – Valores estimados do número mínimo de progênies de irmãos completos adequados para representar a população em estudo, baseado nas análises gráficas (AG) e nos limites mínimos não significativos (LMNS).....	122

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 2.1 - Representação esquemática da seleção recorrente.....	13
FIGURA 3.1 - Fluxograma do programa de seleção recorrente intrapopulacional do maracujazeiro amarelo.....	31
FIGURA 6.1 - Médias da característica número de frutos (NF) em amostras de tamanho variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos.....	117
FIGURA 6.2 - Variância genética média da característica número de frutos (NF) em amostras de tamanho variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos.....	118
FIGURA 6.3 - Coeficiente de variação experimental médio da característica número de frutos (NF) em amostras variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos.....	119
FIGURA 6.4 - Médias da característica produção total (PT) em amostras de tamanho variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos.....	120
FIGURA 6.5 - Variância genética média da característica produção total (PT) em amostras de tamanho variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos.....	121
FIGURA 6.6 - Coeficiente de variação experimental médio da característica produção total (PT) em amostras variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos.....	121

LISTA DE TABELAS

TABELA 2.1 - Unidades de seleção (US) e recombinação (UR), quantidades de variâncias aditivas exploradas (σ^2_A) e tamanhos efetivos (N_e) de uma unidade de recombinação de diversos esquemas de seleção recorrente intrapopulacional.....	19
TABELA 3.1 - Resumo da análise de variância individual para características agronômicas do maracujazeiro amarelo e alguns parâmetros genéticos importantes associados.....	33
TABELA 3.2 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F) e genotípica (r_G) entre características de maracujazeiro amarelo.....	35
TABELA 3.3 - Estimativas de ganhos genéticos preditos para 26 progênies de meio-irmãos em maracujazeiro amarelo, por meio de seleção truncada e índice de seleção.....	36
TABELA 4.1 - Resumo da análise de variância para onze características agronômicas e do fruto de maracujazeiro amarelo.....	51
TABELA 4.2 - Estimativas de parâmetros genéticos provenientes de 11 características avaliadas em 140 progênies de irmãos completos de maracujazeiro amarelo no município de Campos dos Goytacazes, RJ.....	55
TABELA 4.3 - Médias fenotípicas das 140 progênies de irmãos completos e quatro testemunhas comerciais (T) de maracujazeiro amarelo avaliadas em 2008 em Campos dos Goytacazes/RJ.....	59
TABELA 5.1 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_A) entre onze características avaliadas em 144 progênies de irmãos completos de maracujá em Campos dos Goytacazes.....	86

TABELA 5.2 - Estimativas de ganhos diretos, na diagonal principal, e indiretos, fora da diagonal, considerando a seleção de 40 progênies superiores de maracujazeiro amarelo em Campos dos Goytacazes.....	93
TABELA 5.3 - Estimativas dos ganhos percentuais, por seleção simultânea, em 11 características avaliadas em progênies de irmãos completos em maracujazeiro referentes ao segundo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional.....	95
TABELA 5.4 - Estimativas dos ganhos percentuais, por seleção simultânea, em 11 características avaliadas em progênies de irmãos completos em maracujazeiro referentes ao segundo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional.....	98
TABELA 5.5 - Médias das 40 progênies selecionadas e testemunhas pelo índice proposto por Mulamba e Mock (1978) em 11 características avaliadas, para compor o segundo ciclo de Seleção Recorrente em Campos dos Goytacazes/RJ.....	101

RESUMO

SILVA, Marcelo Geraldo de Moraes; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; julho de 2009; Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo. Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana. Conselheiros: Prof. Messias Gonzaga Pereira e Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

Objetivando o melhoramento populacional do maracujazeiro amarelo da UENF, foi implementado o segundo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional. Para tanto, duas das três fases da seleção recorrente foram avaliadas. Em um primeiro momento, avaliou-se a população melhorada composta por 26 progênies de meio-irmãos em delineamento em blocos casualizados com duas repetições e parcelas compostas por cinco plantas. Com base na avaliação prévia destas 26 progênies de meio-irmãos, foram obtidas 140 progênies de irmãos completos por cruzamentos dirigidos entre as 18 progênies de meio-irmãos superiores. As progênies obtidas para a fase de teste (irmãos completos) foram avaliadas em delineamento látice quadrado simples e parcela experimental composta por três plantas. A análise de variância permitiu verificar que dez das onze características avaliadas apresentaram para a fonte de variação progênies, efeito significativo dos quadrados médios a 5% de probabilidade pelo teste F, denotando existência de variabilidade genética a ser explorada nos próximos ciclos e indicando perspectivas de sucesso com a seleção. As estimativas de herdabilidade com base na média das progênies variaram de 19,54% a 71,38%. Constatou-se que dos 55 pares de características avaliados, 45 expressaram correlações genotípicas maiores que as fenotípicas, sugerindo que os componentes

genotípicos têm maior influência na determinação das correlações que os de ambiente. Além disso, a média geral da população foi superior em relação à média geral das testemunhas para a maioria das características avaliadas. As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, bem como a elevada média demonstrada, confirmam que a população em questão possui grande potencial em gerar indivíduos superiores via seleção. Foram analisadas várias alternativas de seleção, sendo que a opção que promoveu os maiores e mais bem distribuídos ganhos genéticos foi a seleção baseada no índice da soma de *ranks* com peso aleatório atribuído por tentativas, permitindo, assim, a seleção de 40 progênies superiores para serem recombinaadas para formação da nova população melhorada. Por fim, foi estimado, por meio de simulações de subamostras, o número mínimo de progênies de irmãos completos para representar a população de maracujazeiro sob seleção. Dessa forma, ficou estabelecido que, 137 foi o número mínimo adequado de progênies.

ABSTRACT

SILVA, Marcelo Geraldo de Moraes; D.Sc. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; July, 2009; Intrapopulation recurrent selection in yellow passion fruit. Advisor: Alexandre Pio Viana. Committee Members: Messias Gonzaga Pereira and Antonio Teixeira do Amaral Júnior.

The aim of this work was to give continuity to the program of genetic breeding of yellow passion fruit of UENF, conducting the second cycle of intrapopulation recurrent selection. For this, two of the three phases of the recurrent selection were evaluated. In a first time, were evaluated 26 half sibs progenies in randomized blocks design with two replications and five plants per plot. Based in this information, by crossings determined between the 18 superior progenies, were obtained 140 full sibs progenies. This progenies were evaluated in lattice design with two replications and three plants per plot. The variance analyses allowed verifying that almost all traits showed significant effect of the medium squares of progenies at the level of 1% and 5% of probability for the test F. This significant denote existence of genetic variability to be explored in the next cycles and indicate success perspectives with the selection. The herdabilidade estimates with base in the average of the progenies varied from 19,54% to 71,38%. It was also verified that of 55 traits, 45 expressed genotypic correlations larger than the phenotypic correlations, suggesting that the genotypic components has larger influence in the determination of the correlations. Moreover, the general average of the population was more superior than commercial cultivars. The estimates of genetic and phenotypic parameters showed that the population under subject has

great potential in generating superior individuals through selection. Several selection alternatives were analyzed, and the option that promoted the largest and better distributed genetic gains was the selection based on the index of sum ranks with randomized weight attributed by tentative. Thus, were selected 40 superior progenies to be recombined. Finally, it was estimated, by simulation way, the minimum number of full sib progenies that represent the yellow passion fruit population. In that way, was established that 137 were the minimum and appropriate number of progenies.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil ocupa o posto de terceiro maior produtor mundial de frutas, atrás somente da China e Índia. Dentro desse cenário, estimativas do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE (2007) apontam o Brasil como o maior produtor mundial de maracujá amarelo, sendo cultivado no país em torno de 650 mil toneladas. Esta fruteira é cultivada em praticamente todos os Estados nacionais, destacando-se como principais produtores os Estados da Bahia, Ceará, Espírito Santo, Sergipe, Pará e Minas Gerais, que respondem juntos por mais de 80% da produção do Brasil.

Além disso, o maracujazeiro apresenta algumas características interessantes sob o ponto de vista sócio-econômico, pois oferece rápido retorno econômico relativo e sua receita é distribuída em vários meses do ano durante a safra, permitindo assim não só aumentar o lucro dos pequenos produtores, como também distribuí-lo melhor durante o ano.

Apesar dessas características e do destaque na produção, a produtividade nacional é baixa, em torno de 14 toneladas por hectare, devido, principalmente, ao baixo emprego de tecnologia de produção e carência de populações geneticamente melhoradas (MELETTI & MAIA, 1999; IBGE, 2007).

Para corrigir os fatores limitantes da cultura, como a baixa produtividade, o melhoramento genético se torna necessário, visando principalmente a obtenção de populações, híbridos e/ou cultivares mais produtivas e resistentes a maioria das pragas e doenças.

Na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), o programa de melhoramento genético do maracujazeiro teve início em 1998, com a coleta inicial de vários genótipos em três regiões produtoras e distintas do Estado do Rio de Janeiro (VIANA *et al.*, 2003, 2004). Com base nestes estudos iniciais, procurou-se em uma segunda fase realizar uma amostragem mais ampla em áreas comerciais da região Norte Fluminense, onde por meio de delineamentos genéticos apropriados como o delineamento I de Comstock & Robinson (1948), obteve-se um maior número de progênies. Assim, com base nos resultados destas análises iniciais, optou-se pela elaboração de um programa de seleção

recorrente intrapopulacional (GONÇALVES, 2005; GONÇALVES et al., 2007, 2008 e 2009).

Ressalta-se, neste ponto, a importância do melhoramento intrapopulacional, visto que este método é uma das estratégias mais efetivas para a obtenção de genótipos superiores (BORÉM, 2001). Tal estratégia se torna ainda mais importante quando se considera o maracujazeiro amarelo, onde, devido principalmente a suas características de biologia floral e ciclo relativamente curto, proporciona obtenção de populações melhoradas em curto espaço de tempo no que se refere às fruteiras de um modo geral. Além disso, não se tem relatos na literatura da existência de programas em andamento com essa cultura com a utilização deste método. Trata-se, portanto, de uma proposta pioneira em termos de pesquisa, possibilitando a geração de grande volume de conhecimento sobre as características genéticas dessa fruteira, além de ajustes em métodos de melhoramento que poderão ser aplicados ao maracujazeiro.

Pela carência de material genético adaptado a região Norte Fluminense, nota-se que existem perspectivas que a população de maracujazeiro amarelo que está sendo conduzida possa originar uma nova variedade com grande potencial para uso em plantios comerciais pelos produtores da região em apreço.

Neste contexto, no presente trabalho tem-se por objetivo geral dar sequência ao Programa de Melhoramento do Maracujazeiro Amarelo na UENF, pela condução do segundo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional, sendo que uma das metas vislumbradas futuramente é o registro e a recomendação de variedade adaptada as condições da região Norte Fluminense.

Os objetivos específicos neste trabalho são:

- a) Apresentar uma estratégia para seleção recorrente em maracujazeiro amarelo, evidenciando a possibilidade de ganhos genéticos na fase de geração das progênies da seleção recorrente intrapopulacional;
- b) Avaliar progênies de irmãos completos do segundo ciclo de seleção recorrente e estimar parâmetros genéticos importantes associados a onze características do maracujazeiro amarelo;
- c) Avaliar o grau de associação entre as características da população de maracujá-amarelo composta por 140 progênies de irmãos completos por meio

de estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental;

- d) Predizer o progresso esperado com a seleção através de índices multivariados paramétricos e não paramétricos;
- e) Analisar o número mínimo de progênies de irmãos completos para representar a população de maracujazeiro amarelo submetida à seleção para múltiplas características, através de métodos de simulação de subamostras.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Aspectos gerais da cultura do maracujazeiro amarelo

Maracujá é o termo genérico utilizado para designar o fruto e as plantas das espécies do gênero *Passiflora*, pertencente à família *Passifloraceae*. De acordo com Bernacci *et al.* (2008), aproximadamente 400 espécies do gênero *Passiflora* são conhecidas atualmente, sendo que a maioria destas tem sua origem na América tropical e cerca de 120 são nativas do Brasil. Dessa forma, há grande variabilidade genética natural, que pode ser explorada adequadamente pelo melhoramento.

Apesar da variabilidade existente, os cultivos comerciais do país, baseiam-se numa única espécie, a *Passiflora edulis* Sims, também conhecido como maracujá-amarelo ou azedo. Segundo Meletti & Bruckner (2001), esta espécie representa mais de 95% da área comercialmente plantada, devido principalmente à sua qualidade, produtividade, vigor e rendimento em suco.

O restante tem importância regionalizada e comercialização restrita, como o maracujá-doce (*P. alata* Curtis), o maracujá-roxo (*P. edulis*), o maracujá-melão (*P. quadrangularis*), o maracujá-suspiro (*P. nitida* Kunth), o maracujá-tubarão (*P. cincinnata* Mast.), entre outros (MELETTI *et al.*, 2005a; BERNACCI *et al.*, 2008).

Algumas curiosidades sobre o termo maracujá é que ele é derivado da língua Tupi e significa comida preparada em cuia (RUGGIERO, 1973). Outra, diz respeito à semelhança da forma da flor com a paixão de Jesus Cristo.

O maracujá é o fruto do maracujazeiro, planta trepadeira, lenhosa e perene. O maracujazeiro é uma planta que tem crescimento vigoroso e contínuo, podendo atingir 10 metros de comprimento. O caule na base é lenhoso e bastante lignificado. Na axila de cada folha trilobada existe uma gavinha, uma gema florífera e uma gema vegetativa. As flores são hermafroditas e protegidas por brácteas foliares, possuindo um colorido atraente com abundância de néctar. As folhas e raízes possuem princípios farmacêuticos muito usados como sedativos, anti-espasmódicos, anti-inflamatórios e depurativos. Suas sementes atuam como vermífugos (CENTEC, 2004).

O maracujazeiro amarelo é uma espécie diplóide, alógama e auto-incompatível, possuindo $2n = 18$ cromossomos (BRUCKNER, 1997; FERREIRA, 1998). Segundo Bernacci *et al.* (2008), taxonomicamente, a maneira correta de se referir ao maracujá azedo é *Passiflora edulis* Sims. De acordo com os autores, esta classificação pode ser utilizada para toda e qualquer planta e cor de fruto do maracujá azedo. No caso de cultivares advindas de processo seletivo, deve-se associar à classificação o nome da cultivar, por exemplo: *Passiflora edulis* 'UENF Magnífica'.

O maracujazeiro amarelo floresce em vários meses do ano. Esta planta inicia seu florescimento por volta das 12 horas (meio dia) e vai até à tarde. Considerada planta de "dias longos", necessita entre 11 a 12 horas de luz para florescer (PIZA JÚNIOR, 1993).

Segundo Cavichioli *et al.* (2006), o fotoperíodo, a temperatura do ar e a umidade do solo são fatores determinantes na produção do maracujazeiro-amarelo e a sua baixa produção no período de agosto a novembro é consequência do não-florescimento e frutificação em função das condições climáticas. Neste mesmo trabalho, os autores verificaram que a produtividade de maracujá foi favorecida pela iluminação artificial, com ou sem irrigação, sendo significativamente superior aos demais sistemas de produção.

Além da estrutura floral adaptada à polinização entomófila, a polinização cruzada é condicionada pela auto-incompatibilidade, que é a incapacidade de uma planta fértil formar sementes quando fertilizada por seu próprio pólen (SCHIFINO-WITTMANN & AGNOL, 2002). A auto-incompatibilidade é um mecanismo fisiológico, com base genética, que favorece a alogamia e que

mantém alto grau de heterozigose. Autofecundações e algumas hibridações podem ser inviáveis devido à incompatibilidade.

Com base na presença ou ausência de diferenças morfológicas entre as estruturas florais, a auto-incompatibilidade pode ser heteromórfica ou homomórfica, respectivamente, sendo esta última classificada em gametofítica ou esporofítica e considerada a mais importante entre as plantas cultivadas (BRUCKNER *et al.*, 2002).

A auto-incompatibilidade gametofítica é determinada pelo genótipo haplóide do grão de pólen. Nesse caso, a presença de determinado alelo S, tanto no pólen como no estilete da flor polinizada, determina a incompatibilidade, geralmente por meio da inibição do crescimento do tubo polínico. Na auto-incompatibilidade esporofítica, a especificidade é gerada pelo genótipo diplóide da planta adulta (esporófito) que deu origem ao grão de pólen.

Bruckner *et al.* (1995) estabeleceram que a auto-incompatibilidade do maracujazeiro é do tipo homomórfica esporofítica, com herança monofatorial. Rêgo *et al.* (2000) sugeriram, com base em seus resultados, que o controle genético é feito por dois locos gênicos. Neste caso, a presença de um gene gametofítico (G) atua em associação com o gene esporofítico (S).

Estas evidências de controle do tipo gametofítico-esporofítico foram confirmadas posteriormente por Suassuna *et al.* (2003). Estes autores sugerem também a presença de um gene gametofítico que age associado ao gene esporofítico, modificando a reação de incompatibilidade no maracujazeiro.

2.2. Melhoramento do maracujazeiro

O cultivo comercial do maracujazeiro é bastante recente, apresentando ainda grande variabilidade genética natural para as diversas características da planta e do fruto (Bruckner *et al.*, 2002). Associado a isso, o ciclo relativamente curto e o crescente interesse pela cultura justificam a necessidade do melhoramento genético. É fato que informações na área de melhoramento genético dessa cultura são incipientes, embora o campo de pesquisa seja amplo e promissor.

O melhoramento do maracujazeiro tem diversas finalidades, em função do produto a ser considerado (fruto, folhas ou sementes) e da região de cultivo

(MELETTI, 2003). Em geral, o melhoramento está dirigido ao produto mais importante do mercado, o fruto, sendo seus principais objetivos a produtividade, a qualidade e a resistência a doenças.

Do ponto de vista econômico, é altamente positivo o aumento da qualidade e produtividade do maracujazeiro, pois o lucro está estreitamente relacionado com essas variáveis. Para se ter uma idéia, uma vez classificado, o fruto de melhor qualidade é remunerado a preços que chegam a ser 150% maiores que os obtidos com a comercialização de frutos de classes inferiores (MELETTI *et al.*, 2000). Bruckner *et al.* (2002) ressaltam que o melhoramento para qualidade do fruto deve direcionar seus objetivos para o mercado ao qual o fruto se destina, ou seja, para o mercado *in natura* ou para a industrialização.

Considera-se que para o mercado *in natura* o fruto deve ser grande, para obter boa classificação comercial, ter boa aparência de casca, ser resistente ao transporte e à perda de qualidade durante o processo de armazenamento e comercialização. Se o destino do fruto for a indústria, o mais importante é ter casca fina e cavidade interna totalmente preenchida, o que confere maior rendimento em suco, deve também apresentar maior teor de acidez, coloração constante e alto teor de sólidos solúveis (BRUCKNER *et al.*, 2002; MELETTI, 2003).

Para desenvolver de maneira conveniente um programa de melhoramento, o primeiro passo é caracterizar o germoplasma para se ter informações básicas sobre características importantes inerentes à planta e ao fruto (DANTAS *et al.*, 2001).

Cunha (1996) descreve 25 descritores mínimos para a caracterização e avaliação do maracujazeiro, além da possibilidade de análise ao nível de DNA, por meio de marcadores moleculares. As características do germoplasma determinam o potencial ao qual a população submetida ao melhoramento pode chegar, antevendo, assim, o sucesso com a seleção se a escolha do germoplasma for adequada.

Por ser uma planta alógama, vários são os métodos de melhoramento que podem ser aplicados ao maracujazeiro. Dentre eles, Oliveira & Ferreira (1991) citam a introdução de plantas, a seleção massal, a hibridação e a seleção com teste de progênie.

A introdução de plantas visa o intercâmbio de germoplasma de maracujá de outros países ou regiões com o objetivo de avaliação para utilização ou para a incorporação de genes em programas de melhoramento (Oliveira & Ferreira, 1991). A seleção massal e suas derivações podem ser eficientes para a melhoria de vários caracteres, principalmente aqueles controlados por poucos genes e que geralmente são de alta herdabilidade.

A seleção massal realizada por produtores ou empresas do ramo resultou no surgimento regional de populações selecionadas com características interessantes. São exemplos: a Maguary, mais cultivada em Minas Gerais, a seleção Sul-Brasil, cultivada em São Paulo, e a seleção *Golden Star*, disseminada principalmente no Rio de Janeiro e Espírito Santo (PIZA JÚNIOR, 1998). Algumas das explicações para o relativo sucesso na utilização destas populações advindas de seleção massal vem da ampla variabilidade genética existente e do cultivo comercial relativamente recente e, com isso, essas populações não foram submetidas a grandes pressões de seleção.

Cunha (1996) propôs que a seleção massal fosse feita na primeira colheita, com base no vigor vegetativo e na produção pendente (frutos ainda na planta). A partir daí, coleta-se as sementes na segunda e terceira colheitas de plantas selecionadas, visando otimizar o ganho genético por ciclo, em virtude de a seleção ser praticada nos dois sexos. Este tipo de seleção massal, denominada estratificada, pode ser facilmente aplicada, uma vez que o maracujazeiro proporciona diversas colheitas anuais.

Cunha (2000), em seu trabalho de seleção massal estratificada conduzida por dois ciclos de seleção, obteve plantas 13,5% mais vigorosas e com o dobro do número de frutos quando comparadas com as plantas não selecionadas. A colheita é feita em 25% das plantas em cada parcela, estas plantas são inter cruzadas e fornecem as sementes utilizadas no ciclo seguinte de seleção.

A hibridação em maracujazeiro é uma técnica simples (BRUCKNER & OTONI, 1999), pois o florescimento é abundante e acontece em quase todos os meses do ano. As flores são grandes, bem como suas anteras e estigmas. O pólen é fácil de coletar e é produzido em grande quantidade. Além disso, a receptividade ocorre no mesmo dia e não há necessidade de emasculação, pois a planta é auto-incompatível.

As hibridações interespecíficas têm o objetivo de transferir genes favoráveis de outras espécies para *P. edulis* (DANTAS *et al.*, 2001). Contudo, os híbridos obtidos na sua maioria apresentam problemas de desenvolvimento, florescimento, viabilidade etc.

Alguns trabalhos mostram que a hibridação é empregada em alguma fase do processo de melhoramento do maracujazeiro. Meletti *et al.* (2005b) caracterizaram três seleções de maracujazeiro roxo. Estas seleções são provenientes de hibridações intra e interespecíficas.

Outros materiais genéticos disponíveis incluem os três híbridos intravarietais (IAC-273, IAC-275 e IAC-277), lançados em 1999. Para obtenção destes materiais, primeiro realizou-se seleção massal, hibridação entre os indivíduos promissores, retrocruzamento e teste de progênies. Posteriormente, da união destes três materiais, formou-se o “Composto IAC-27”, também lançado pelo IAC (MELETTI *et al.*, 2000).

O teste de progênie é a avaliação do genótipo dos progenitores com base no fenótipo de seus descendentes (ALLARD, 1999). Após a obtenção e avaliação das progênies, são identificados os genitores superiores e estes são usados para a obtenção da próxima geração melhorada. Isso resulta em maior eficiência em relação à seleção de plantas individuais, devido à avaliação mais precisa das progênies em ensaios com repetições. Além disso, se as progênies forem avaliadas em mais de um local, pode-se estimar o efeito da interação genótipos por ambientes, permitindo ao melhorista realizar uma seleção mais confiável.

No maracujazeiro, a seleção com teste de progênies pode ser realizada utilizando-se dois tipos de progênies: meios-irmãos ou irmãos completos. As progênies de meios-irmãos podem ser obtidas por polinização controlada ou não. Neste caso, coleta-se diretamente um fruto por planta selecionada e, como este normalmente possui grande número de sementes, é suficiente para compor um experimento com várias repetições. A obtenção de progênies de irmãos completos, que também é viável num programa de melhoramento, necessita de realização de polinização controlada entre os genótipos selecionados (BRUCKNER *et al.*, 2002).

Os compostos também podem ser considerados boas opções de melhoramento, pois a maior produtividade pode ser combinada com uma maior eficiência na polinização, diminuindo os efeitos da incompatibilidade, e as

sementes ainda podem ser multiplicadas pelo produtor, sem perda de características. Segundo Hallauer & Miranda Filho (1988), compostos podem ser produzidos a partir de cruzamentos, em todas as combinações possíveis, entre variedades ou diferentes populações de polinização livre, com boa capacidade de combinação. Meletti *et al.* (2000) combinaram três híbridos intravarietais para formação de um composto.

O processo de seleção no maracujazeiro tem dois aspectos interessantes para o melhoramento. O primeiro é que a seleção, assim como em outras culturas, pode ser feita antes ou depois do florescimento. Se a seleção ocorrer apenas no sexo feminino, o progresso esperado por ciclo de seleção será menor, pois a polinização aberta permite a mistura com pólen de plantas inferiores. Mas se as plantas não selecionadas forem eliminadas antes do florescimento, ou seja, seleção nos dois sexos, o cruzamento será apenas entre progênes selecionadas, ampliando o progresso esperado por ciclo de seleção. O segundo aspecto é que no maracujazeiro há sobreposição de gerações. Dessa forma, as próprias plantas que geraram as progênes selecionadas podem ser utilizadas para a recombinação, diminuindo o tempo gasto para finalização do ciclo de seleção.

Alguns trabalhos recentes mostram a aplicação da análise biométrica no melhoramento do maracujazeiro. Gonçalves (2005) utilizou o delineamento I de Comstock & Robinson (1948) para estimar os componentes de variância genética e para avaliar diferentes estratégias de seleção no maracujazeiro.

Santos (2008), trabalhando com a mesma cultura, determinou a ocorrência de efeitos genéticos da dominância (heterose) em híbridos F_1 , estruturados no delineamento II de Comstock & Robinson (1948). Mais recentemente, Silva *et al.* (2009), conduzindo um programa de seleção recorrente intrapopulacional de maracujazeiro amarelo, apresentaram uma alternativa de acúmulo de ganhos genéticos ao longo dos ciclos de seleção.

A seleção recorrente é um método bastante eficaz e pode ser utilizado para a cultura do maracujazeiro. Neste método busca-se a melhoria da *performance* das populações de forma contínua e progressiva por meio do aumento das frequências dos alelos favoráveis dos caracteres sob seleção, mantendo a variabilidade genética em níveis adequados para permitir ganhos genéticos nos ciclos subsequentes (HULL, 1945; HALLAUER, 1985; SOUZA JÚNIOR, 2001).

2.3. Seleção Recorrente

A seleção recorrente é um processo cíclico de melhoramento que envolve basicamente a obtenção de progênies, avaliação e o intercruzamento das melhores progênies. Segundo Ramalho *et al.* (2001), inúmeras alternativas podem ser utilizadas na condução dessas etapas, mas a decisão depende de vários fatores. Dessa maneira, espera-se aumentar a frequência de alelos favoráveis e, por consequência, melhorar a expressão fenotípica do caráter sob seleção, conservando a variabilidade genética a níveis adequados para comportar ganhos genéticos nos ciclos seguintes (HULL, 1945; HALLAUER, 1985).

Souza Júnior (2001) menciona que este esquema seletivo é utilizado em programas de melhoramento delineados para médio e longo prazo, para que, dessa forma, com o passar dos ciclos de seleção, o desempenho médio da população melhore, permitindo que cada ciclo possa ser utilizado como fonte de novas linhagens. Essas linhagens desenvolvidas podem ser empregadas para a produção de novos híbridos ou participar do processo de reciclagem de materiais elites. Dessa forma, programas de seleção recorrente e de desenvolvimento de cultivares se complementam.

Para manutenção da variabilidade genética, normalmente são selecionados cerca de 30% das progênies avaliadas. Dessa maneira, há uma minimização dos efeitos da deriva genética, o que poderia limitar o melhoramento das populações e reduzir a variabilidade genética. Os resultados da utilização do modelo proposto por Smith (1983) para avaliação do efeito da deriva genética nos ciclos de seleção recorrente mostraram que os efeitos da deriva foram significativos e de alta magnitude (HALLAUER *et al.*, 1988; CEPEDA *et al.*, 2000).

Quando se deseja aumentar o ganho por ciclo, pode-se aplicar maior pressão de seleção, mediante a escolha de menor proporção de indivíduos ou progênies para formação da nova geração.

Esta estratégia, porém, pode levar a uma sensível redução da variabilidade genética, o que diminui a possibilidade de seleção em médio e longo prazo. Caso contrário, quando se pratica uma seleção branda, espera-se menor progresso por ciclo, mas garantem-se ganhos por períodos mais prolongados,

pois não ocorre a exaustão da variabilidade genética nos primeiros ciclos. A intensidade de seleção adequada depende do tamanho da população e dos objetivos do programa (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988; PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1978).

Os esquemas de seleção recorrente são classificados em duas categorias: seleção recorrente intrapopulacional e interpopulacional. Na seleção recorrente intrapopulacional o objetivo é melhorar as *performances per se* das populações, enquanto na interpopulacional o objetivo é o melhoramento do cruzamento de duas populações, ou seja, o híbrido interpopulacional (HALLAUER, 1985; SOUZA JÚNIOR, 1993).

Borém (2001) ressalta que os métodos intrapopulacionais, em geral, são mais comumente utilizados do que os interpopulacionais, pois são de mais fácil execução e aplicáveis à maioria das características agronômicas.

O progresso do melhoramento intrapopulacional, sem considerar o método de seleção empregado, depende da magnitude e natureza da variabilidade genética existente na população. Como meio de aumentar o ganho por ciclo de seleção, Eberhart (1970) propôs tornar maior a variância genética aditiva, por meio de síntese de variedades compostas e do controle dos cruzamentos entre os indivíduos da população que está sendo submetida à seleção.

No trabalho de Gonçalves (2005), para uma população de maracujá-amarelo, a seleção recorrente intrapopulacional foi indicada, pela sua maior facilidade de execução e por várias características importantes terem apresentado como ação gênica predominante a aditiva.

Segundo Souza Júnior (2001), cada ciclo da seleção recorrente é constituído de quatro etapas: obtenção de progênies, avaliação destas em experimento com repetições, seleção das progênies superiores e recombinação destas. Cada ciclo, portanto, só termina com a recombinação das progênies que originarão a nova população.

A etapa de avaliação em experimentos com repetição em espécies anuais deve ser realizada no ano agrícola, já as fases de obtenção e recombinação das progênies podem ser realizadas fora do período agrícola normal, reduzindo, dessa forma, o número de anos necessários para se completar cada ciclo seletivo.

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

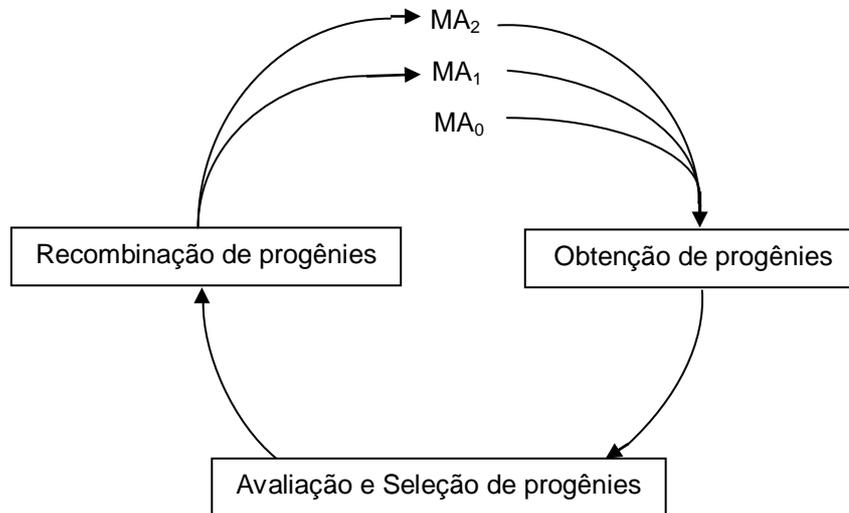


Figura 2.1 - Representação esquemática da seleção recorrente.

(i) Obtenção de progênies

A primeira etapa da seleção recorrente visa a obtenção de progênies que serão utilizadas para a avaliação em experimentos com repetições. Para Ramalho *et al.* (2001), para a formação da população base é necessário que os genitores envolvidos tenham o melhor desempenho possível em termos de média para os caracteres sob seleção. Ao mesmo tempo, devem apresentar a maior diversidade genética possível, pois dessa maneira a população base agregará média alta e alto nível de variabilidade genética, que são condições indispensáveis para o sucesso com a seleção.

Viana *et al.* (2007) avaliaram a influência da planta doadora de pólen sobre características do maracujazeiro sob o argumento que a seleção massal, método bastante utilizado no melhoramento dessa cultura, seleciona indivíduos para a avaliação com base apenas no fenótipo da planta mãe (genitor feminino). Através da análise multivariada, os autores verificaram elevado efeito do genitor masculino nas características dos frutos, sugerindo, portanto, que tal processo seja revisto, priorizando-se, simultaneamente, a seleção de plantas doadoras de

pólen, bem como as plantas receptoras, para que, com isso, os ganhos genéticos possam ser maximizados.

Em alguns programas utilizam-se do mesmo tipo de progênies para avaliação e recombinação, enquanto em outros são utilizados diferentes tipos. O número de progênies a ser obtido deve ser decidido considerando que este deve representar a variabilidade genética da população e a intensidade de seleção a ser utilizada. Em milho, diversos estudos com diferentes tipos de progênies têm apontado para um tamanho genético, ou tamanho efetivo populacional (N_e), mínimo de 200 (PINTO, 1996). Assim, progênies de irmãos completos e meio-irmãos, mais utilizadas no melhoramento do maracujazeiro, têm tamanho efetivo de 2 e 4, respectivamente. Com isso, extrapolando este exemplo para o maracujazeiro amarelo, deve-se ter um mínimo de 100 progênies de irmãos completos e 50 progênies de meio-irmãos, para amostrar adequadamente a variabilidade genética da população.

Os tipos de progênies usualmente utilizados no melhoramento do maracujazeiro são progênies de irmãos completos e meio-irmãos, já que progênies endogâmicas só podem ser obtidas em raras situações. Vale ressaltar que estes tipos de progênies podem ser utilizados simultaneamente para avaliação e recombinação ou utiliza-se um dos tipos para a avaliação (unidade de seleção) e outro tipo para a recombinação (unidade de recombinação). Além disso, os diferentes tipos de progênies a serem recombinados resultam em diferentes respostas à seleção.

(ii) Avaliação das progênies

As progênies obtidas são avaliadas em experimentos com repetições. Como esta é uma fase de experimentação agrícola, os princípios básicos da experimentação (repetição, controle local e casualização) devem ser observados para que forneçam dados fidedignos. Esses experimentos devem ser instalados em locais representativos do ambiente em que o material deverá ser cultivado. Usualmente, tem-se utilizado 2 a 3 repetições por local e dois a três locais. Além disso, o pesquisador deve utilizar o delineamento experimental mais apropriado, escolher adequadamente o tamanho da parcela e o local onde o experimento será instalado e realizar procedimentos agrícolas que proporcione uniformidade em

todas as parcelas do experimento, para que a tomada de dados possa proporcionar estimativas confiáveis.

A avaliação das progênies é a fase mais crítica do processo de seleção recorrente por depender muito das condições climáticas e por requerer maior quantidade de recursos e tempo. Contudo, apesar das recomendações acerca da utilização de um maior número de repetições e de locais, quando se trabalha com fruticultura, isso muitas vezes não é possível, pois estes fatores esbarram, principalmente, nos recursos financeiros e humanos para condução do programa de melhoramento.

O objetivo nesta fase é obter as médias de cada progênie, de forma precisa, para serem classificadas corretamente. Portanto, se esta fase não for bem conduzida, isto é, se a precisão experimental não for adequada, não será possível classificar de forma correta os valores genotípicos das progênies e, conseqüentemente, a seleção não será eficaz.

(iii) Seleção

A seleção das progênies superiores é baseada nas médias de suas características, que são, portanto, as unidades de seleção. Essas médias são, então, comparadas com a média da população ou com as médias das testemunhas nos ensaios, que pode ser entre outras uma variedade comercial. O objetivo da seleção recorrente é melhorar as populações para os diversos caracteres de importância agrônômica e/ou econômica. Assim, para o maracujazeiro, a seleção deve ser praticada com o intuito de aumentar a produtividade, o número de frutos por planta, o comprimento, a largura e peso do fruto e diminuir o número de dias para o florescimento (precocidade).

No caso de frutos destinados ao processamento industrial de polpa ou suco, o foco pode ser o aumento do teor de sólidos solúveis, maior resistência ao transporte, diminuição da espessura da casca, aumento da porcentagem de polpa etc. Evidentemente que os caracteres variam de acordo com a espécie considerada e com o tipo de mercado consumidor.

Para praticar seleção para todos os caracteres de forma simultânea é preciso considerar que estes podem ser correlacionados e, portanto, a seleção em um deles pode trazer alterações desejáveis ou indesejáveis em outros. Para

contornar essa situação utilizam-se índices de seleção. Estes índices de seleção fornecem um valor denominado de valor genotípico agregado de cada progênie em que são considerados todos os caracteres sob seleção. Inúmeros índices de seleção podem ser obtidos, utilizados e comparados quanto às suas respostas à seleção e, então, pode-se utilizar o índice que acarretar resposta superior para o melhoramento da população.

A intensidade de seleção a ser aplicada é uma decisão importante, uma vez que se for muito elevada pode ocorrer deriva genética devido ao tamanho efetivo reduzido das populações geradas da recombinação das progênies selecionadas.

Falconer & Mackay (1996) demonstram que o coeficiente de endogamia em uma dada geração é função, além de outros, do tamanho efetivo populacional (N_e). Portanto, a endogamia pode ser introduzida nas populações sob seleção por causa do tamanho restrito da amostra, ou seja, da alta intensidade de seleção aplicada.

O tamanho efetivo populacional depende, também, do tipo de progênie utilizada para a recombinação, uma vez que o tamanho efetivo é particular de cada tipo de progênie. Como espécies alógamas normalmente apresentam elevada depressão por endogamia, N_e reduzidos podem gerar endogamia nas populações e reduzir de forma drástica os ganhos com seleção. Além do mais, a deriva genética pode acarretar perda de alelos favoráveis ou fixação dos alelos desfavoráveis, podendo ocorrer redução acentuada da variabilidade genética, o que pode comprometer as taxas de melhoramento (HALLAUER *et al.*, 1988).

Outros fatores que afetam a intensidade de seleção são: a precisão experimental, a ocorrência de anos agrícolas atípicos e o número de progênies a serem avaliadas. No primeiro caso, quando se dispõe de alta precisão experimental, ou seja, baixos valores para coeficiente de variação, as diferenças entre as médias das progênies podem ser detectadas com elevado nível de confiabilidade, permitindo, assim, aplicar maior intensidade de seleção. No segundo caso, quando o fator que afeta a intensidade de seleção é um ano agrícola anormal, o procedimento é não aplicar uma intensidade de seleção muito alta para não selecionar as progênies que apresentarem uma interação muito forte com esta situação, acarretando problemas para o programa. Na última situação, quando o número de progênies avaliadas é alto, pode-se aumentar a

intensidade de seleção, porém, ultrapassar a amostra necessária para representar a variabilidade genética da população pode acarretar gastos dispensáveis.

Resumindo, a intensidade de seleção a ser empregada em um programa de seleção recorrente depende do número de progênies avaliadas, do tipo de progênie utilizada para a recombinação, da precisão experimental, da normalidade climática do ano agrícola em que as progênies foram avaliadas e, também, se os programas são delineados para serem conduzidos a curto, médio ou longo prazo. Devido a esses fatores, a intensidade de seleção em programas de seleção recorrente pode ser estabelecida *a priori* apenas parcialmente, isto é, pode-se estabelecer apenas o tamanho efetivo mínimo adequado que se deseja manter no decorrer do programa.

(iv) Recombinação

Escolhidas as melhores progênies ou indivíduos dentro destas, essas deverão ser inter cruzadas visando obter a população do ciclo seguinte. A recombinação das progênies selecionadas é a derradeira fase de um ciclo de seleção recorrente. Esta fase tem como objetivo gerar variabilidade genética para o próximo ciclo seletivo. A recombinação é feita inter cruzando-se as plantas das progênies selecionadas, evitando-se cruzamento entre plantas dentro das progênies. Dessa forma, os gametas das progênies selecionadas são representados da forma mais equitativa possível na população gerada após a recombinação.

Como já comentado, em espécies semi-perenes, como é o caso do maracujá, onde ocorre superposição de gerações, podem ser utilizadas para a recombinação as próprias plantas que geraram as progênies selecionadas.

O esquema mais comum para se fazer a recombinação é o cruzamento dialélico e suas variações. Nesse esquema cada progênie deve ser cruzada com todas as demais, gerando $n(n-1)/2$ cruzamentos. Em seqüência, retira-se uma amostra equitativa de sementes de cada cruzamento e a mistura destes cruzamentos geram as populações melhoradas.

No trabalho conduzido por Silva *et al.* (2009), a população de maracujazeiro amarelo, denominada MA₁, é advinda de cruzamentos dirigidos

envolvendo 27 progênies selecionadas por Gonçalves (2005). A recombinação nesse caso foi feita utilizando meio-irmãos maternos, onde a mãe foi a própria progênie selecionada e o pai foi a mistura de pólen oriundo de todas as progênies selecionadas.

Evidentemente, existem outros esquemas de recombinação, uma vez que estes dependem da biologia reprodutiva de cada espécie em estudo. Entretanto, se bem conduzidos todos os esquemas têm a mesma eficiência. Normalmente, utiliza-se apenas uma geração de recombinação, que apesar de não ser suficiente para que a população melhorada entre em equilíbrio de ligação, é eficiente para gerar quantidades suficientes de variabilidade genética para novos ciclos seletivos (LIMA NETO, 1998).

2.4. Seleção recorrente intrapopulacional

Considerando tamanhos efetivos elevados, a expressão geral da resposta à seleção recorrente intrapopulacional segundo Falconer & Mackay (1996) é: $G_s = ic\sigma_A^2/\sigma_F$, em que G_s é o ganho de seleção, i é o diferencial de seleção estandardizado, c é um valor que depende do esquema seletivo (controle parental), σ_A^2 é a variância genética aditiva e σ_F é o desvio padrão fenotípico da unidade de seleção. Esta expressão mostra que a taxa de ganho ou de melhoramento é função da intensidade de seleção, das unidades de seleção e recombinação utilizadas, das magnitudes da variância genética aditiva e do desvio padrão fenotípico.

Para se obter maiores taxas de ganho, podem-se aumentar os componentes referentes ao numerador ou diminuir o componente relativo ao denominador. Para diminuir o desvio padrão fenotípico, que é a raiz quadrada da variância fenotípica das médias, deve-se utilizar o delineamento adequado e aumentar sempre que possível o número de repetições e/ou locais. Além disso, esta variância é específica para o tipo de progênie utilizada para a avaliação, isto é, é específica para cada unidade de seleção.

Na Tabela 2.1 estão apresentados os diversos esquemas de seleção recorrente intrapopulacional, com os coeficientes que multiplicam a σ_A^2 , assim como os tamanhos efetivos populacionais de cada tipo de progênie. Com esta tabela, é possível comparar os diversos esquemas seletivos quanto às suas

eficiências relativas. Um exemplo é quando se pratica seleção nos dois sexos, isto é, intercruza apenas plantas selecionadas. A resposta à seleção é o dobro daquela em que o intercruzamento é realizado com plantas selecionadas e não selecionadas.

Tabela 2.1 - Unidades de seleção (US) e recombinação (UR), quantidades de variâncias aditivas exploradas (σ^2_A) e tamanhos efetivos (N_e) de uma unidade de recombinação de diversos esquemas de seleção recorrente intrapopulacional

Esquema	US	UR	σ^2_A	N_e
Meio-irmãos	MI	MI	1/4	4
	MI	S ₁	1/2	1
Irmãos germanos	IG	IG	1/2	2
	IG	S ₁	1/2	1
Endogâmicas	S ₁	S ₁	1	1
	S ₂	S ₂	3/2	2/3
Massal				
Um sexo	PI ¹	PI	1/2	4
Dois sexos	PI	PI	1	2
Dois sexos	PI	S ₁	1	1

¹ Planta individual. Para plantas perenes, semi-perenes e de reprodução vegetativa, S₁ refere-se às plantas ou clones destas que deram origem às progênie (Adaptado de Souza Jr., 2001).

Nos programas de seleção recorrente onde o objetivo é melhorar as populações para serem utilizadas como variedades ou para servirem de fontes para o desenvolvimento de clones, o tamanho efetivo deve ser mantido em níveis altos para impedir a ocorrência da depressão por endogamia. Entretanto, nos programas onde se visa a utilização das populações como fontes de linhagens para o desenvolvimento de híbridos, deve-se utilizar progênie endogâmicas para a recombinação para submeter as populações à endogamia com o intuito de se reduzir seus conteúdos genéticos e, conseqüentemente, facilitar a obtenção de linhagens endogâmicas. Deve-se lembrar que o tamanho efetivo populacional reduz também as magnitudes dos componentes da variância genética e, portanto, se reduzi-las de forma drástica o melhoramento de populações pode ficar comprometido pela redução da variância genética aditiva (SOUZA JÚNIOR, 1995).

2.5. Parâmetros genéticos

A relevância da genética quantitativa para o melhoramento de plantas se baseia no fato de que a manipulação de caracteres quantitativos por meio de endogamia, cruzamentos e/ou seleção constitui o fator essencial para qualquer programa de melhoramento que tenha como objetivo identificar, acumular e perpetuar genes favoráveis (CRUZ *et al.*, 2004). Para os autores, o entendimento das consequências genéticas dessa manipulação constitui a mais importante função da pesquisa na genética quantitativa.

Nesse sentido, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos tem fundamental importância em programas de melhoramento de qualquer cultura, pois permitem 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. Dentre os parâmetros genéticos de maior importância, destacam-se as variâncias genéticas, as correlações e as herdabilidades (CRUZ & CARNEIRO, 2003). Vale ressaltar que estas estimativas são inerentes à população em estudo e, portanto, não devem ser extrapoladas para outras populações ou outras condições experimentais.

As estimativas das variâncias genéticas, as quais são utilizadas para o cálculo de parâmetros genéticos indispensáveis na avaliação de uma população de trabalho, podem ser obtidas a partir da análise de variância dos dados, cujos quadrados médios são desdobrados em componentes de variância, com base em equações obtidas a partir da esperança matemática dos quadrados médios, realizadas conforme delineamentos genéticos. Segundo Cruz & Carneiro (2003), um delineamento genético é qualquer sistema de cruzamento planejado, estabelecido de forma que se conheça a relação de parentesco entre indivíduos ou grupos de indivíduos, sendo exemplos os delineamentos I, II e III de Comstock e Robinson, os dialelos e os ensaios de famílias.

No processo seletivo, o melhorista deve ter habilidade para tomar a decisão de estabelecer a superioridade relativa de indivíduos ou progênes, feita com base apenas na informação fenotípica. Desse modo, uma progênie pode apresentar média superior a de outra, sem que necessariamente essa superioridade seja devido a fatores genéticos. Assim, a situação é favorável

quando o valor fenotípico traduz o valor genotípico, de forma que as comparações realizadas com base em valores fenotípicos mensuráveis reflitam as verdadeiras diferenças genéticas. Como é a herdabilidade que quantifica essas relações, entende-se que ela seja um parâmetro indispensável no processo de melhoramento genético de qualquer caráter (CRUZ & CARNEIRO, 2003). Além disso, a herdabilidade participa de várias fórmulas relacionadas com a predição de ganho dos métodos de melhoramento e também de inúmeras decisões práticas que os melhoristas adotam (RAMALHO *et al.*, 1993).

Outro parâmetro de grande importância nos trabalhos de melhoramento é a associação entre as características. Esta relação, estimada por meio do coeficiente de correlação, é importante porque quantifica o grau de associação genético e não-genético entre duas ou mais características (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Paterniani & Campos (1999) registram que a eficiência da seleção de um caráter pode ser aumentada com a utilização de características agrônomicas correlacionadas. Cruz & Regazzi (2001) reafirmam a importância das estimativas das correlações, principalmente se a seleção em um dos caracteres apresenta dificuldade, em razão da baixa herdabilidade e/ou porque este tenha problemas de medição e identificação.

A correlação que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres, é a fenotípica, que tem causas genéticas e ambientais, porém somente a correlação genética envolve associações de natureza herdável e, por isso, é utilizada na orientação de programas de melhoramento. A ocorrência de correlação genética, entre caracteres é devida à pleiotropia ou à ligação entre os genes responsáveis por estas características. A correlação advinda do efeito pleiotrópico dos genes é permanente e expressa a quantidade pela qual duas características são influenciadas pelos mesmos genes (FALCONER, 1981). A correlação devida à ligação gênica é transitória, e vai sendo dissipada à medida que ocorre a permuta entre os genes que estão ligados (RAMALHO *et al.*, 1993).

Maluf *et al.* (1989), visando estimar alguns parâmetros genéticos em 110 clones de maracujazeiro, verificaram que, pela alta estimativa de herdabilidade, existe grande variabilidade genética para a produção total e precoce para peso de fruto, sendo moderadamente elevada para sólidos solúveis.

Viana *et al.* (2004), com a finalidade de iniciar um programa de melhoramento de maracujá amarelo para a região Norte e Noroeste Fluminense,

estimaram parâmetros genéticos para oito características de plantas coletadas ao acaso de populações provenientes de três municípios do Estado do Rio de Janeiro. Com base na análise conjunta, foram observadas diferenças genéticas significativas entre os materiais avaliados para espessura de casca, número de frutos por planta, comprimento e peso de frutos. Para estas características foram observadas herdabilidades variando de 67,35% a 92,10%, além de índices de variação próximos ou superiores a unidade, mostrando uma situação favorável ao melhoramento dessas características e indicando que métodos de melhoramento simples como a seleção massal podem ser aplicados nessa população.

Para determinar o potencial de uma população de maracujazeiro amarelo para o melhoramento genético, Moraes *et al.* (2005) estimaram parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres relacionados à produção e à qualidade de frutos. Os resultados indicaram que a população tem ampla variabilidade genética, o que pode ser comprovado pelas altas estimativas dos coeficientes de herdabilidade, que variaram de 52,6 a 83,2%, sugerindo a possibilidade de seleção de genótipos superiores. Oliveira *et al.* (2008) encontraram valores de herdabilidade a nível de média de progênies de 11 a 57%. Porém, as estimativas variaram de 3 a 38% para herdabilidade dentro de progênies, sugerindo que a seleção entre progênies seria a estratégia mais viável para o melhoramento.

Gonçalves *et al.* (2007) avaliaram a melhor alternativa de seleção para uma população de maracujazeiro amarelo estruturado no delineamento genético I proposto por Comstock & Robinson (1948). De acordo com os resultados, os coeficientes de herdabilidade mais elevados foram obtidos para famílias de machos, com valores variando de 59,97 a 90,49%. Vale ressaltar que a seleção baseada na média de machos é a seleção que foi praticada entre os valores médios obtidos para cada família de macho, com progênies provenientes de fêmeas polinizadas por um mesmo indivíduo.

Viana *et al.* (2003) estudaram as correlações simples e canônicas entre características de frutos de maracujazeiro amarelo, avaliando cinco caracteres relacionados à produção (número de frutos por planta, espessura da casca, peso, comprimento e largura de frutos) e três relacionados à qualidade (brix, acidez e percentagem de suco) em dois ambientes. Para Macaé foi observada correlação genotípica alta e significativa entre peso de fruto e largura de fruto. Já para Campos a maior correlação foi verificada entre peso e comprimento de fruto. Em

relação às correlações canônicas em Macaé, demonstrou-se que indivíduos com elevados teores de acidez e graus brix teriam a tendência de apresentar reduções nos números de frutos, comprimento e espessura de casca. Em Campos dos Goytacazes a redução na espessura de casca e comprimento de frutos levou ao aumento da percentagem de suco e dos teores de graus brix.

Gonçalves *et al.* (2008) estimaram os coeficientes de correlação fenotípica e genético-aditivas (fração herdável da correlação genética) de 113 progênies de maracujazeiro amarelo obtidas via Delineamento I. Verificaram como resultado que o número de frutos por planta está associado negativamente com peso, comprimento e largura de frutos, e positivamente com espessura de casca. As correlações fenotípicas e genético-aditivas foram positivas entre peso de frutos e todas as demais características, com exceção de número de frutos. Isso denota que métodos de seleção mais elaborados, como os índices de seleção, são necessários para que se atinja uma população com alta produtividade e boas características comerciais.

Outros trabalhos recentes também têm dado atenção na estimação de parâmetros genéticos em características de *Passiflora* (NEGREIROS *et al.*, 2007; ARAÚJO *et al.*, 2007; JUNG *et al.*, 2008; SILVA *et al.*, 2009).

2.6. Índices de seleção

A recomendação de cultivares ou genitores, baseando-se em apenas uma característica, pode não ser a melhor alternativa, pois o valor do genótipo é estreitamente relacionado com outras características. De fato, os métodos univariados são as primeiras alternativas para obtenção de ganhos genéticos, entretanto, como várias características são consideradas ao mesmo tempo, a própria resposta correlacionada à seleção dificulta o trabalho da seleção, o que na maioria das vezes não permite ganhos satisfatórios (MARTINS *et al.*, 2003).

Neste contexto, para se obterem genótipos superiores, há necessidade de que os mesmos reúnam simultaneamente vários atributos desejáveis que lhe confirmem rendimento comparativamente mais elevado e que satisfaça às exigências do consumidor. Assim, a seleção com base em uma característica, tem se mostrado inadequada, por conduzir a genótipos superiores em relação aos

caracteres selecionados, mas com desempenho não tão favorável em relação aos demais (CRUZ & REGAZZI, 2001).

Para tanto, uma alternativa viável é o uso dos índices de seleção, que constituem técnicas multivariadas que associam as informações relativas a vários caracteres de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada, possibilitando, assim, a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados.

Os índices de seleção permitem a utilização de um único valor para realizar a seleção dos genótipos, uma vez que a análise é realizada por meio de combinações lineares dos dados fenotípicos dos diversos caracteres em estudo, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e os valores genéticos verdadeiros dos candidatos à seleção (GARCIA & SOUZA JUNIOR, 1999; CRUZ *et al.*, 2004). Diferentes índices representam diferentes alternativas de seleção nos programas de melhoramento e, conseqüentemente, de ganhos percentuais. Estes identificam, de maneira rápida e eficiente, materiais genéticos que podem ser mais adequados para os propósitos do melhorista.

Smith (1936) propôs o uso de índice de seleção nos programas de melhoramento de plantas como critério de seleção simultânea de duas ou mais características correlacionadas. Este procedimento foi adaptado ao melhoramento genético animal por Hazel (1943). Segundo esses autores, para se estabelecer o índice de seleção são necessários o valor econômico relativo a cada característica, as variâncias genotípicas e fenotípicas de cada característica e as covariâncias genotípicas e fenotípicas entre cada par de características.

Devido às dificuldades de estabelecer pesos econômicos, Cruz (1990) propôs que os pesos econômicos poderiam ser estimados a partir de estatísticas dos próprios dados experimentais, sendo o coeficiente de variação genético um bom referencial, pelo fato de ser um caráter adimensional e diretamente proporcional à variância genética.

Pesek & Baker (1969) sugeriram o uso de 'ganhos genéticos desejados' de características individuais, num programa de seleção, para substituir os pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção. Para se usar a modificação proposta, necessitam-se da média dos genótipos e das matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica. Assim, é possível calcular os

coeficientes dos índices sem designar pesos econômicos, dessa forma, o índice obtido resultará em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na especificação do ganho desejado.

Mulamba & Mock (1978) propuseram o índice com base na soma de postos (*ranks*), que consiste em classificar os genótipos em relação a cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificadas, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção.

Para obtenção do índice da distância do genótipo ao ideótipo, Schwarzbach (1972), citado por Wricke & Weber (1986), calcularam a partir das médias fenotípicas ajustadas, as distâncias de cada indivíduo a um genótipo ideal. Dessa forma, os indivíduos foram classificados com base na distância que apresentaram do ideótipo, sendo considerados melhores aqueles cujas distâncias foram as menores.

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

Gonçalves *et al.* (2007), com o objetivo de obter maiores ganhos genéticos preditos, analisaram alternativas de seleção em uma população de maracujá-amarelo estruturada no Delineamento I. Foram avaliadas seis características em 113 progênies em dois locais de avaliação. Como resultado, as alternativas que apresentaram os maiores ganhos preditos foram a seleção combinada e a seleção entre famílias de machos e que os índices de Mulamba & Mock (1978) e Pesek & Baker (1969) apresentaram os maiores ganhos preditos. De acordo com os autores, estes índices, aliados às alternativas estudadas, têm potencial para a seleção das progênies superiores de maracujá-amarelo.

Oliveira *et al.* (2008) avaliaram os ganhos genéticos preditos por meio de quatro índices de seleção, em seis caracteres relacionados ao fruto, avaliando 16 progênies de meio-irmãos de maracujá-amarelo. Nesse trabalho, o índice da

distância genótipo-ideótipo com pesos econômicos maiores para peso e número de frutos por planta mostrou-se o mais promissor, pois proporcionou ganhos de forma equilibrada em todos os caracteres de frutos analisados.

O trabalho de Silva *et al.* (2009) apresentou uma estratégia para seleção recorrente em maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* Sims) que evidenciava a possibilidade de ganhos genéticos na fase de geração das progênies. Utilizando a seleção direta e o índice de Mulamba & Mock, foram simulados ganhos genéticos envolvendo as 26 progênies de meio-irmãos avaliadas. A seleção dos 18 indivíduos superiores fundamentadas no índice permitiu ganhos de 1,03%, 3,18%, 0,47%, 1,36% e 0,65% para número de frutos, peso, comprimento, largura de frutos e espessura de casca, respectivamente. A partir desse resultado, os indivíduos selecionados foram utilizados como genitores das progênies para a fase de teste na seleção recorrente num esquema de dialelo, onde foram obtidas 153 progênies.

3. SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL NO MARACUJAZEIRO AMARELO: ALTERNATIVA DE CAPITALIZAÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS¹

RESUMO

Objetivou-se, neste trabalho, estimar parâmetros genéticos e correlações associadas a características agronômicas do maracujazeiro amarelo, prever o progresso genético esperado com a seleção direta e baseado em índices de seleção, bem como sugerir uma estratégia de capitalização de ganhos genéticos nos ciclos de seleção recorrente. Foram avaliadas 26 progênies de meio-irmãos provenientes da recombinação de genótipos selecionados do primeiro ciclo de seleção via Delineamento I, as quais representam a população melhorada, UENF/MA₁. O delineamento estatístico utilizado foi blocos casualizados com duas repetições e parcelas constituídas de cinco plantas. Foram avaliadas cinco características relacionadas ao fruto no período de fevereiro a julho de 2007, utilizando dados de média de parcelas. As estimativas dos parâmetros genéticos e das correlações, bem como a seleção baseada no índice de seleção possibilitaram a identificação de progênies com desempenhos agronômicos superiores para vários caracteres, simultaneamente. Além disso, a presente estratégia pode constituir alternativa de capitalização de ganhos genéticos na seleção recorrente, aumentando a eficiência do processo seletivo e

¹ Artigo publicado na revista Ciência e Agrotecnologia, Lavras, v. 33, n. 1, p. 170-176, jan./fev., 2009.

potencializando a sua utilização em programas de melhoramento de fruteiras, uma vez que permite ganho genético em duas (geração e teste de progênies) das três etapas de seleção recorrente.

INTRAPOPULATION RECURRENT SELECTION IN YELLOW PASSION FRUIT: ALTERNATIVE TO ACCUMULATE GENETIC GAINS

ABSTRACT

The objective of this research was to estimate the genetic parameters and correlations associated to the agronomic traits of yellow passion fruit, to predict the expected genetic progress with the direct selection and based on selection index, as well as to suggest a strategy to accumulate genetic gains in the recurrent selection cycles. Twenty six half-sib progenies originated from the recombination of selected genotypes from first cycle of selection via design I were evaluated, which represent the improved population, UENF/MA₁. The randomized complete block design with two replications and five plants per plot was used. Evaluations were made from February to July 2007 for five agronomic traits. Data of plot means were considered for statistical analysis. The genetic parameters estimates and correlations, as well as the selection based on selection index made possible the identification of progenies with high performance for several traits, simultaneously. Besides, the strategy may constitute an alternative of accumulating genetic gains in yellow passion fruit recurrent selection, increasing the efficiency of the selective process and its use in fruit improvement programs, once it allows genetic gain in twice (generation and progeny tests) of the three recurrent selection steps.

INTRODUÇÃO

O Brasil ocupa a posição de maior produtor e consumidor mundial de maracujá amarelo, sendo cultivado, no país, de acordo com estimativas do IBGE (2005), aproximadamente 480 mil toneladas, aproximadamente 70% do total produzido no mundo.

Apesar desse destaque, a produtividade nacional ainda é baixa, cerca de 13 t/ha, devido, principalmente, ao baixo emprego de tecnologia de produção e carência de populações geneticamente melhoradas (MELETTI & MAIA, 1999).

Para corrigir os fatores limitantes da cultura, como a baixa produtividade, causada, dentre outros, pela grande variabilidade existente nos pomares e pela falta de genótipos adaptados a todas as regiões, o melhoramento genético se torna indispensável. Alguns trabalhos até então desenvolvidos têm dado atenção em alternativas de seleção (GONÇALVES *et al.*, 2007), parâmetros genéticos (VIANA *et al.*, 2003, 2004; MORAES *et al.*, 2005), estudos com as espécies relacionadas e suas características reprodutivas (MELETTI *et al.*, 2003; VIANA *et al.*, 2003; SOUZA *et al.*, 2004), além de estudos sobre diversidade genética em populações (GANGA *et al.*, 2004; VIANA *et al.*, 2006).

A seleção recorrente, como método de melhoramento intrapopulacional associado a ferramentas biométricas, pode auxiliar na seleção de materiais genéticos superiores (HALLAUER & 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.

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

Neste contexto, objetivou-se, nesse trabalho, apresentar uma estratégia para seleção recorrente em maracujazeiro amarelo, estimar parâmetros genéticos e correlações associadas a características agronômicas e prever o progresso genético esperado com a seleção, evidenciando a possibilidade de ganhos genéticos na fase de geração das progênies.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado em outubro de 2006, na área experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, localizada no município de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, com latitude sul de 21° 45', longitude 41° 20' W e 11 m de altitude.

Foram avaliadas 26 progênies de meio-irmãos provenientes da recombinação das progênies selecionadas por Gonçalves (2005), na condução do delineamento I de Comstock & Robinson (1948). Esta recombinação foi feita utilizando meio-irmãos maternos, onde a mãe foi a própria progênie selecionada e o pai foi a mistura de pólen de todas as progênies selecionadas. Dessa forma, as progênies avaliadas representam a população de trabalho para a condução do segundo ciclo de seleção. A Figura 3.1 contém o esquema de condução do programa de seleção recorrente do maracujazeiro amarelo.

O delineamento estatístico utilizado foi blocos ao acaso, com duas repetições e parcela experimental constituída de cinco plantas. O sistema de condução utilizado foi o de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 metros de altura, espaçados a 4 metros e com um fio de arame número 12 a 1,80 metros do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 metros. Os tratos culturais foram os recomendados para a cultura do maracujazeiro.

As avaliações das progênies foram realizadas de fevereiro a julho de 2007, mensurando as seguintes características: Número médio de frutos por planta (NF), avaliado pela contagem visual do número de frutos por parcela, provenientes da primeira florada, dividido pelo número de plantas da parcela; Peso médio de frutos em gramas (PF), obtido por meio de pesagem em balança digital, amostrando quinze frutos por parcela; Comprimento médio de frutos em milímetros (CF), obtido por meio de medidas das dimensões longitudinais dos frutos com paquímetro digital, amostrando quinze frutos por parcela; Largura média de frutos em milímetros (LF), obtida por meio de medidas das dimensões transversais dos frutos com paquímetro digital, amostrando quinze frutos por parcela; Espessura média de casca em milímetros (EC), obtida por meio de medidas de quatro pontos da casca externa na porção mediana dos frutos com paquímetro digital, amostrando quinze frutos por parcela. Foram utilizadas as

médias aritméticas das medidas (média por parcela) de frutos fisiologicamente maduros.

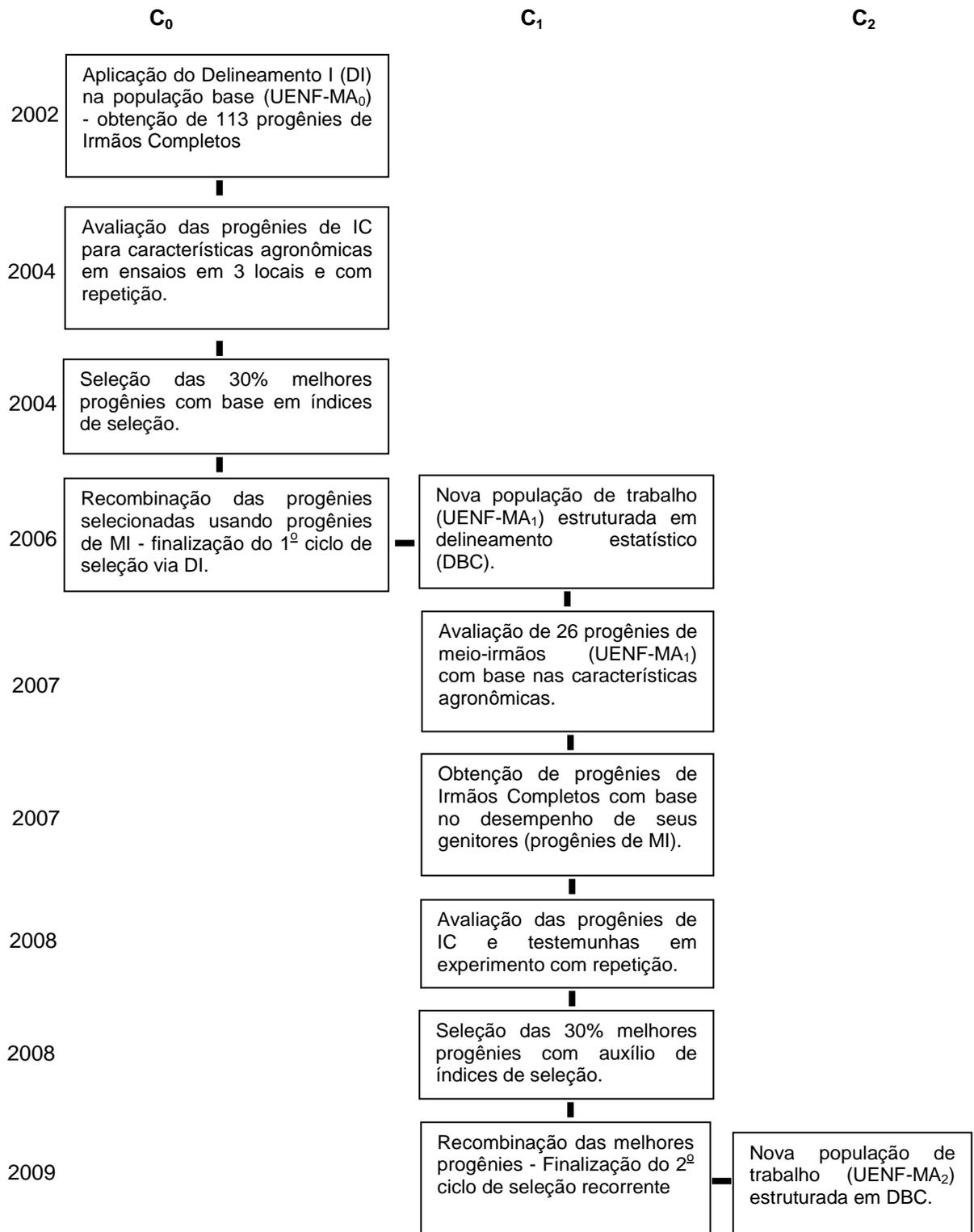


Figura 3.1 - Fluxograma do programa de seleção recorrente intrapopulacional do maracujazeiro amarelo.

Para verificar a existência de variabilidade genética entre as progênes estudadas, foi realizada análise de variância e estimados os parâmetros genéticos da população. Para tais procedimentos foi utilizado o programa computacional Genes (Cruz, 2006). O modelo estatístico adotado foi $Y_{ij} = m + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$, onde: Y_{ij} = observação referente à progênie i no bloco j , m = média geral, g_i = efeito da progênie i , b_j = efeito do bloco j , ε_{ij} = erro associado a observação ($\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$).

Para o cálculo dos coeficientes de correlação entre os pares de características foram utilizadas as expressões conforme Cruz & Regazzi (2001), sendo $r_F = \text{COV}_{F(X,Y)} / \sigma_{FX} \sigma_{FY}$ e $r_G = \text{COV}_{G(X,Y)} / \sigma_{GX} \sigma_{GY}$, onde: $\text{COV}_{F(X,Y)}$ e $\text{COV}_{G(X,Y)}$ correspondem, respectivamente, às covariâncias fenotípicas e genotípicas entre as características x e y ; σ_{FX} e σ_{GX} correspondem ao desvio padrão fenotípico e genotípico da característica x ; σ_{FY} e σ_{GY} correspondem ao desvio padrão fenotípico e genotípico da característica y .

Para a estimação dos ganhos genéticos preditos, foi empregado, além da seleção direta nas características avaliadas, o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978). Este índice consiste em classificar as progênes em relação a cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento, assim, as ordens referentes às características são somadas para cada progênie obtendo a soma de *ranks*. Dessa forma, quanto menor for o valor obtido, melhor é o desempenho de uma progênie em relação às várias características estudadas (CRUZ & REGAZZI, 2001).

Foram simulados dois tipos de ganhos genéticos envolvendo as 26 progênes. O primeiro, selecionando as oito progênes superiores, e o segundo, selecionando as 18 superiores.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Verificou-se pelos quadrados médios a existência de variabilidade genética significativa pelo teste F para as características PF e LF a 1% de probabilidade e para CF a 5% de probabilidade, indicando a possibilidade de seleção das progênes superiores (Tabela 3.1). Já para as características NF e

EC, as diferenças foram não significativas. Este comportamento similar das progênes para NF pode ser explicado pelo crescimento inicial desuniforme das plantas, atribuída a uma doença que atacou as plantas na fase de mudas. Além disso, apenas uma mensuração de NF foi feita durante todo o período de avaliação, não traduzindo o que de fato foi observado no experimento. Para EC, a ausência de significância pode ser devido à falta de variabilidade genética entre as progênes para essa característica.

Tabela 3.1 - Resumo da análise de variância individual para características agronômicas do maracujazeiro amarelo e alguns parâmetros genéticos importantes associados

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Quadrados médios ⁽¹⁾				
		NF	PF	CF	LF	EC
Blocos	1	466,176	54,223	34,020	1,877	0,328
Progênes	25	187,202 ^{ns}	551,704 ^{**}	25,885 [*]	16,387 ^{**}	2,655 ^{ns}
Resíduo	25	118,165	185,867	10,685	2,702	1,575
Média	-	15,11	160,36	78,42	73,85	7,94
CV (%)	-	71,91	8,50	4,16	2,22	15,78
DMS (5%)	-	34,61	56,05	13,43	6,75	5,16
h ² (%)	-	36,9	66,30	58,70	83,50	40,7

⁽¹⁾ NF - número de frutos por planta; PF - peso de frutos, em g; CF - comprimento de frutos, em mm; LF - largura de frutos, em mm; EC - espessura de casca, em mm. **, * e ^{ns} Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

A precisão experimental, avaliada por meio do coeficiente de variação (CV), apresentou valores de 2,22 % a 71,91% e estão em acordo com os valores obtidos por Viana *et al.* (2004), Moraes *et al.* (2005) e Gonçalves *et al.* (2007). O maior CV foi detectado pra NF e seu valor elevado pode ser resultado da desuniformidade ambiental da área experimental, das diferenças de vigor entre as progênes e também da presença de doenças na fase inicial.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade apresentaram valores de 36,9% a 83,5%. Nas características NF e EC os efeitos de progênes foram não significativos, sendo observados os menores valores de herdabilidade. Para as demais características, os valores encontrados estão em conformidade com os observados em outros trabalhos (VIANA *et al.*, 2004; MORAES *et al.*, 2005 e

GONÇALVES *et al.*, 2007) e indicam a possibilidade de seleção de progênes geneticamente superiores.

O conhecimento da correlação entre dois caracteres é de fundamental importância no melhoramento de qualquer cultura, pois facilita o processo de seleção em caracteres de difícil mensuração e identificação ou que apresentem baixa herdabilidade (CRUZ & REGAZZI, 2001).

Na Tabela 3.2 estão expostas as estimativas dos coeficientes de correlações genéticas e fenotípicas simples entre os pares de características estudados. A característica NF não se correlacionou com nenhuma característica, indicando a possibilidade de selecionar progênes superiores para NF em todos os caracteres avaliados. Viana *et al.* (2003) encontraram resultados similares para o ambiente de Macaé e Campos dos Goytacazes e uma correlação positiva entre NF e PF para o ambiente de Campos. Moraes *et al.* (2005) não observaram associações entre NF e as características PF, CF e LF, entretanto, a correlação genética entre NF e produção de frutos foi alta e positiva, possibilitando a sua utilização na seleção indireta da produção de frutos.

As características NF e produção parcial podem ser utilizadas como indicadores do potencial produtivo das progênes, já que a produção total é de difícil mensuração, pois o período de colheita é longo e várias avaliações são necessárias para se obter estimativas mais precisas. Moraes *et al.* (2005) observaram que a produção total, medida em sete meses, se correlacionou altamente com a produção medida nos três primeiros meses ($r = 0,95$). Por outro lado, Maluf *et al.* (1989) obtiveram baixa correlação entre produção total e produção das 10 primeiras semanas de colheita. Investigações posteriores são necessárias para verificação dessas associações, principalmente estudos que mensurem a produção ao longo de todo o ciclo produtivo da cultura.

Conforme Tabela 3.2, para as demais características (PF, CF, LF e EC) foram encontradas correlações positivas entre todos os pares, indicando que progênes com maior peso de frutos tendem a ter frutos maiores (longitudinalmente e transversalmente) e com maior espessura de casca.

Tabela 3.2 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F) e genotípica (r_G) entre características de maracujazeiro amarelo

Características ⁽¹⁾	Correlações				
		PF	CF	LF	EC
NF	r_F	-0,0575	-0,1796	0,0064	-0,3725
	r_G	-0,0384	-0,7343	-0,1112	-1,6339
PF	r_F	-	0,6485**	0,8156**	0,4931*
	r_G	-	0,6258	0,9144	0,8676
CF	r_F	-	-	0,5935**	0,5266**
	r_G	-	-	0,6013	0,7138
LF	r_F	-	-	-	0,4352*
	r_G	-	-	-	0,6575

⁽¹⁾ NF - número de frutos por planta; PF - peso de frutos, em gramas; CF - comprimento de frutos, em mm; LF - largura de frutos, em mm; EC - espessura de casca, em mm. ** Significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Na Tabela 3.3 há as estimativas dos ganhos genéticos preditos por meio da seleção truncada e do uso de índice de seleção considerando duas simulações de ganho. Uma, selecionando oito indivíduos superiores, e outra, selecionando 18 indivíduos superiores.

Pode-se observar que os ganhos diretos para cada característica individual foram maiores do que os obtidos pelo índice de seleção. Nota-se também que os ganhos genéticos preditos são diretamente proporcionais ao diferencial de seleção, ou seja, quanto menor o diferencial de seleção, menor o ganho genético, pois aumenta-se o número de selecionados, contribuindo com a diminuição do valor da média. Dessa forma, tanto os ganhos diretos quanto os fundamentados no índice são maiores quando se considera a seleção dos oito indivíduos superiores.

Ao selecionar progênies superiores para uma característica, mudanças indesejáveis podem ocorrer em outras, em razão da existência de correlações entre elas (CRUZ & REGAZZI, 2001). Os resultados mostram que a seleção com base em uma única característica é inadequada, pois conduz a um produto final superior com relação a esta característica, mas leva a desempenhos não tão favoráveis para as demais não consideradas.

Tabela 3.3 - Estimativas de ganhos genéticos preditos para 26 progênies de meio-irmãos em maracujazeiro amarelo, por meio de seleção truncada e índice de seleção

Características ⁽³⁾	Seleção direta		Índice de seleção	
	GS ¹	GS ²	GS ¹	GS ²
NF	2,97	1,19	2,47	1,03
PF	7,83	3,49	5,34	3,18
CF	2,79	1,27	1,46	0,47
LF	3,56	1,56	2,64	1,36
EC	-5,85	-3,07	0,64	0,65

⁽³⁾ NF - número de frutos por planta; PF - peso de frutos, em gramas; CF - comprimento de frutos, em mm; LF - largura de frutos, em mm; EC - espessura de casca, em mm. GS¹ e GS² – ganho de seleção em porcentagem, considerando a seleção de 8 e 18 progênies superiores, respectivamente.

Cruz (2006) comenta que na obtenção de materiais genéticos superiores, o melhorista necessita selecionar com base em vários caracteres, para melhor inferir sobre a superioridade relativa dos mesmos. Uma forma de se aumentar o êxito com a seleção é por meio da utilização dos índices de seleção, pois estes permitem a seleção simultânea de várias características de interesse. Gonçalves *et al.* (2007) obtiveram o melhor ganho genotípico predito utilizando o índice de Mulamba & Mock (1978) em uma população de maracujá-amarelo, estruturada no Delineamento I.

Na utilização do índice de seleção foi empregado peso econômico baseado no coeficiente de variação genético (CV_g). Cruz (1990) recomenda a utilização de estatísticas dos próprios dados experimentais. Para o autor, o CV_g é referencial, pois é diretamente proporcional à variância genética, mantendo, de certa forma, uma proporção entre os caracteres.

Verifica-se que para a seleção das oito progênies superiores os ganhos genéticos fundamentados no índice foram próximos da seleção direta, com exceção de comprimento do fruto, onde os ganhos foram menores, e da espessura de casca, onde os ganhos foram levemente positivos para o aumento da espessura de casca (Tabela 3.3).

Quando se considerou a seleção dos 18 materiais de melhor *performance*, o objetivo foi a continuidade do programa de seleção recorrente. Para isso, utilizou-se uma pressão de seleção menor, para não comprometer a

variabilidade dos ciclos subsequentes da seleção recorrente. Por conseguinte, os ganhos genéticos preditos, mesmo que menores, foram expressivos e contribuíram com o processo de seleção. Além disso, as 18 progênes selecionadas foram empregadas como genitoras das progênes para a fase de teste na seleção recorrente num esquema de dialelo, onde foram obtidas 153 progênes. Dessa maneira, a informação desse trabalho poderá auxiliar programas de melhoramento de fruteiras no sentido de aumentar a eficiência do processo seletivo, maximizando os ganhos em duas das três etapas da seleção recorrente.

CONCLUSÕES

A estratégia de seleção na fase de geração de progênes permitiu a obtenção de ganhos genéticos.

As estimativas dos parâmetros genéticos e correlações, bem como os ganhos genéticos observados, possibilitaram a seleção de progênes superiores de maracujazeiro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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*, v. 4, p. 254-266, 1948.

CRUZ, C. D. Programa Genes – Biometria. 1.ed. Viçosa: UFV, 2006. v.1. 382 p.

CRUZ, C. D. Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. 1990. 188 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1990.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

GANGA, R. M. D; RUGGIERO, C.; LEMOS, E. G. de M.; GRILI, G. V. G; GONÇALVES, M. M.; CHAGAS, E. A.; WICKERT, E. Diversidade Genética em maracujazeiro-amarelo utilizando marcadores moleculares fAFLP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal - SP, v. 26, n. 3, p. 494-498, Dez. 2004.

GONÇALVES, G. M. Estimativas de parâmetros genéticos em características produtivas de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*), baseado no Delineamento I. 2005. 87 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2005.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; NETO, F. V. B.; PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T.N.S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.2, p.235-240, fev. 2007.

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

IBGE (Rio de Janeiro, RJ). Lavouras permanentes. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em 03/05/2007.

MALUF, W. R.; SILVA, J. R.; GRATTAPAGLIA, D.; TOMA-BRAGHINI, M.; CORTE, R. D.; MACHADO, M. A.; CALDAS, L. S. Genetic gains via clonal selection in passion fruit *Passiflora edulis* Sims. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, n.4, p.833-841, 1989.

MELETTI, L. M. M.; BERNACCI, L. C.; SOARES-SCOTT, M. D.; AZEVEDO FILHO, J. A. Variabilidade genética em caracteres morfológicos, agronômicos e citogenéticos de populações de maracujazeiro-doce. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.25, p. 275-278, 2003.

MELETTI, L. M. M.; MAIA, M. L. **Maracujá: produção e comercialização**. Campinas: Instituto Agrônomo, 1999. 62 p. (Boletim Técnico, 181).

MORAES, M. C. de; GERALDI, I. O.; MATTA, F. de 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**, v.40, n.7, p.1978-1981, dez, 2005.

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**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

SOUSA, M. M. de; PEREIRA, T. N. S.; VIANA, A. P.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; MADUREIRA, H. C. Flower receptivity and fruit characteristics associate to time of pollination in yellow passion fruit *Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa*. **Scientia Horticulture**, v.1, p.1-13, 2004.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M. Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro amarelo. **Revista Ceres**, Viçosa, v.51, n.297, p.541-551, 2004.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Diversidade genética entre genótipos comerciais de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) e entre espécies nativas de *Passiflora* determinada por marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.25, p.489-493, 2003.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Simple and canonic correlation between agronomical and fruit quality traits in yellow passion fruit (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.3, n.2, p.133-140, 2003.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Genetic diversity in yellow passion fruit populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.6, p.87-94, 2006.

4. PARÂMETROS GENÉTICOS EM UMA POPULAÇÃO DE MARACUJAZEIRO AMARELO SOB SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL

RESUMO

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos tem fundamental importância, pois permitem 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. Dessa forma, objetivou-se neste trabalho, estimar parâmetros genéticos importantes associados a onze características de uma população de maracujazeiro amarelo. Os genótipos utilizados foram 140 progênies de irmãos completos do segundo ciclo de seleção recorrente e quatro testemunhas comerciais. O plantio foi realizado em outubro de 2007 na Escola Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, em delineamento látice quadrado simples e parcelas constituídas de três plantas. Foram avaliadas onze características agronômicas e do fruto e estimados parâmetros genéticos e fenotípicos. Os quadrados médios de quase todas as características apresentaram significância pelo teste F a 5% de probabilidade para o efeito de progênies, indicando que existe variabilidade genética a ser explorada nos próximos ciclos, possibilitando progressos com a seleção. A

precisão experimental, avaliada por meio do coeficiente de variação, apresentou valores de 4,13 % a 28,39%. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade variaram de 19,54% a 71,38%. A média geral da população foi maior para a maioria das características avaliadas em relação à média geral das testemunhas, ratificando o potencial da população em gerar indivíduos superiores pela seleção. A existência de variabilidade genética disponível na população e as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos revelaram a possibilidade de sucesso com a seleção de progênies superiores de maracujazeiro amarelo.

GENETICS PARAMETERS IN FULL SIB PROGENIES IN YELLOW PASSION FRUIT POPULATION UNDER INTRAPOPULATION RECURRENT SELECTION

ABSTRACT

The obtaining of estimates of genetic parameters has essential importance, because they allow identifying the genes action involved in the control of the quantitative characters. Besides, they permit to evaluate the efficiency of different breeding strategies by the obtaining of predicted genetic gains and preservation of an appropriate genetic base. The objective of this work was to estimate genetics parameters associated to eleven traits of a yellow passion fruit population. The genetic materials used were 140 full sibs progenies of the second recurrent selection cycle and four commercial cultivar. The planting was done in October of 2007 in the Agricultural School Antônio Sarlo, in Campos dos Goytacazes/RJ. The lattice design was used with two replications and three plants per plot. Eleven agronomic and fruits traits were evaluated and genetic and phenotypic parameters were estimated. The mean squares of almost all traits were significant for the test F to 5% of probability for progenies. This indicates that exist genetic variability to be explored in the next cycles, made possible progress with the selection. The experimental precision, evaluated through variation coefficient, presented values from 4,13% to 28,39%. The estimates of the herdabilidade coefficients presented values that varied from 19,54% to 71,38%. The population general average was

larger than cultivar general average, ratifying the potential of the population in generating superior individuals by the selection. The existence of genetic variability in the population and the estimates of the genetic and phenotypic parameters revealed the success possibility with the selection of superior yellow passion fruit progenies.

INTRODUÇÃO

O Brasil ocupa o posto de terceiro maior produtor mundial de frutas, atrás somente de China e Índia. Dentro desse cenário, estimativas do IBGE (2007) apontam o Brasil como o maior produtor e consumidor mundial de maracujá amarelo (*Passiflora edulis* Sims), sendo produzido no país em torno de 650 mil toneladas. Esta fruteira é cultivada em praticamente todos os Estados nacionais, destacando-se como principais produtores os Estados da Bahia, Ceará, Espírito Santo, Sergipe, Pará e Minas Gerais, que respondem juntos por mais de 80% da produção do Brasil.

Além disso, o maracujazeiro apresenta algumas características interessantes sob o ponto de vista sócio-econômico, pois oferece rápido retorno econômico relativo e sua receita é distribuída em vários meses do ano durante a safra, permitindo assim não só aumentar o lucro dos pequenos produtores, como também distribuí-lo melhor durante o ano.

Apesar dessas características e do destaque na produção, a produtividade nacional é baixa, 14.174 quilos por hectare, devido, principalmente, ao baixo emprego de tecnologia de produção e carência de populações geneticamente melhoradas (MELETTI, MAIA, 1999; IBGE, 2007).

Para corrigir os fatores limitantes da cultura, como a baixa produtividade, o melhoramento genético se torna necessário, visando principalmente a obtenção de populações, híbridos e/ou cultivares mais produtivas e resistentes a maioria das pragas e doenças. Segundo Suassuna *et al.* (2003), é possível obter populações melhoradas para diversos caracteres de interesse e, ainda, manter a variabilidade alélica para os locos de incompatibilidade.

Na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), o programa de melhoramento genético do maracujazeiro teve início em 1998, com a

coleta inicial de vários genótipos em três regiões produtoras e distintas do Estado do Rio de Janeiro (Viana *et al.*, 2003, 2004). Com base nestes estudos iniciais, procurou-se em uma segunda fase realizar uma amostragem mais ampla em áreas comerciais da região Norte Fluminense, onde, através de delineamentos genéticos apropriados como o delineamento I de Comstock e Robinson (1948), obteve-se um maior número de progênies. Assim, com base nestas análises iniciais, optou-se pela elaboração de um programa de seleção recorrente intrapopulacional (Gonçalves *et al.*, 2007, 2008 e 2009).

Ressalta-se, neste ponto, a importância do melhoramento intrapopulacional, visto que este tipo de método é uma das estratégias mais efetivas para a obtenção de genótipos superiores (BORÉM, 2001). Tal estratégia se torna ainda mais importante quando se considera o maracujazeiro amarelo, onde, devido principalmente às suas características de biologia floral e ciclo relativamente curto, proporciona obtenção de populações melhoradas em curto espaço de tempo no que se refere às fruteiras de um modo geral. Além disso, não se tem relatos na literatura da existência de programas em andamento com essa cultura com a utilização deste método, trata-se, portanto, de uma proposta pioneira em termos de pesquisa, possibilitando a geração de grande volume de conhecimento sobre as características genéticas dessa fruteira, além de ajustes em métodos de melhoramento que poderão ser aplicados ao maracujazeiro.

No tocante de geração de conhecidos biométricos para o programa de melhoramento genético do maracujazeiro, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos tem fundamental importância, pois permitem 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. Dentre os parâmetros genéticos de maior importância, destacam-se as variâncias genéticas, as correlações e as herdabilidades (CRUZ & CARNEIRO, 2003).

Diversos trabalhos têm sido desenvolvidos com o objetivo de estimar parâmetros genéticos e fenotípicos em populações de maracujazeiro amarelo e também de outras espécies vegetais (CAMARGO, 1998; SOUZA *et al.*, 2000; COELHO *et al.*, 2002; BEZERRA NETO *et al.*, 2006; FARIAS NETO *et al.*, 2008; OLIVEIRA *et al.*, 2008; SILVA *et al.*, 2009; GONÇALVES *et al.*, 2009).

Nesta conjuntura, objetivou-se, nesse trabalho, avaliar progênies de irmãos completos do segundo ciclo de seleção recorrente e estimar parâmetros genéticos importantes associados a onze características do maracujazeiro amarelo (*P. edulis* Sims).

MATERIAL E MÉTODOS

(i) Obtenção das progênies de Irmãos completos

Foram avaliadas, neste trabalho, 140 progênies de irmãos completos de maracujazeiro amarelo, além de quatro testemunhas cedidas pela Embrapa Mandioca e Fruticultura (CNPMPF). As progênies foram obtidas de cruzamentos dirigidos da população melhorada (MA₁), estruturada em delineamento estatístico, ou seja, das 26 progênies de meios irmãos avaliadas previamente, foram feitos cruzamentos apenas entre as 18 melhores (SILVA *et al.*, 2009).

Para a realização dos cruzamentos, inicialmente, pela manhã, os botões foram marcados e protegidos com sacos de papel para evitar a polinização indesejada de insetos polinizadores. Após a abertura das flores, por volta do meio dia, a proteção foi retirada e grãos de pólen de anteras de progênies doadoras foram transferidos para o estigma das plantas receptoras, com ajuda de um pincel, sendo em seguida novamente ensacadas para evitar contaminações por grãos de pólen estranho. Posteriormente, cada flor cruzada foi marcada com etiqueta de papel resistente constando os dados do cruzamento. No dia seguinte, os sacos de papel foram retirados. Vinte dias após estes procedimentos os frutos foram ensacados com sacos de nylon para evitar que no amadurecimento estes fossem perdidos ou misturados com outros ao cair no chão.

Cerca de 50 a 60 dias após o cruzamento, os frutos colhidos de cada cruzamento, foram levados para o Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV). No LMGV, cada fruto que equivale a uma progênie de irmão completo, foi cortado e suas sementes foram retiradas com auxílio de peneira de aço. Em seguida, estas foram identificadas, secadas por dois dias em temperatura ambiente e armazenadas em geladeira.

(ii) Descrição do experimento e delineamento estatístico

Foram avaliadas 140 progênies de irmãos completos conforme item anterior, além de quatro testemunhas. O plantio foi realizado em outubro de 2007 no delineamento em látice quadrado, com duas repetições e parcelas constituídas de três plantas. O tamanho total da parcela foi de seis metros, com espaçamento entre plantas de 2 metros.

O experimento foi instalado na área experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, com latitude sul de 21° 45', longitude 41° 20' W e 11 m de altitude, classificado como tropical chuvoso, clima de bosque com uma precipitação média anual de 1023 mm, evapotranspiração potencial de 1601 mm anuais e temperatura média anual de 23 °C .

O sistema de condução foi o de espaldeira vertical, com mourões de eucalipto tratado de 2,5 m de altura, espaçados de 4 metros e com um fio de arame número 12 a 1,80 m do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 m, a fim de possibilitar a mobilização de máquinas dentro do experimento. Todos os tratos culturais foram realizados quando necessários, conforme as recomendações para a cultura do maracujazeiro (MANICA, 1981).

(iii) Características avaliadas

- Número de dias para o florescimento (DF): a avaliação do número de dias para o florescimento (precocidade) das progênies foi feita por meio da contagem do número de dias transcorridos desde o plantio em campo até o aparecimento da primeira flor na parcela.
- Peso dos frutos em gramas (PF): foram pesados, por meio de balança digital, frutos maduros provenientes de amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo.
- Comprimento dos frutos em mm (CF): foram coletadas amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo. Em seguida, foi obtida a média aritmética das dimensões longitudinais dos frutos, com utilização de paquímetro digital.

- Largura dos frutos em mm (LF): Foram coletadas amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo. Em seguida, foi obtida a média aritmética das dimensões transversais dos frutos, com utilização de paquímetro digital.
- Espessura de casca em mm (EC): A espessura média de casca foi determinada por meio da média aritmética das medidas de quatro pontos da casca externa na porção mediana dos frutos (cortados transversalmente, no sentido de maior diâmetro), com utilização de paquímetro digital, utilizando amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo.
- Teor de sólidos solúveis totais (SS): obtido por refratometria, utilizando-se refratômetro digital portátil ATAGO N1, com leitura na faixa de 0 a 32º graus de brix. As leituras foram feitas em alíquotas de suco da polpa em amostras variando de 2 a quatro frutos por parcelas em três coletas ao longo do ciclo produtivo.
- Coloração da polpa (CP): obtida pela avaliação visual da coloração da polpa dos frutos, por meio de uma escala de notas para classificação de cores (Quadro 4.1).

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

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

Fonte: Adaptado de Linhales (2007)

- Porcentagem de polpa (PP): foram analisadas amostras de cinco frutos por parcela. Após a obtenção da pesagem da polpa (sementes com arilo), este valor foi dividido pelo peso total dos frutos e multiplicado por 100.

- Número total de frutos (NF): foram realizadas colheitas semanais e, ao final do período de avaliação (cerca de oito meses), o número de frutos por parcela foram somados.
- Produção total em ton/ha (PT): foram realizadas colheitas semanais e, ao final do período de avaliação (cerca de oito meses), os pesos dos frutos por parcela foram somados e transformados por toneladas por hectare.
- Peso médio de frutos em gramas (PMF): obtida pela relação entre o peso e o número total de frutos por parcela mensurados semanalmente ao longo do período de avaliação (cerca de oito meses).

(iv) Análise estatística

A análise de variância para cada uma das características avaliadas foi realizada adotando o seguinte modelo estatístico: $Y_{ijk} = \mu + r_j + b_{k(j)} + g_i + \varepsilon_{ijk}$, em que Y_{ijk} é a observação referente a i-ésima progênie no k-ésimo bloco, dentro da j-ésima repetição; μ é a média geral; r_j é o efeito da j-ésima repetição; $b_{k(j)}$ é o efeito do k-ésimo bloco, na j-ésima repetição; g_i é o efeito da i-ésima progênie e ε_{ijk} é o erro experimental \sim NID $(0, \sigma^2)$. Todas as fontes de variação foram consideradas aleatórias, exceto a média.

Para este modelo, o esquema de análise de variância, bem como as esperanças dos quadrados médios e o teste F para as fontes de variações são apresentadas no Quadro 4.2.

Quadro 4.2 - Esquema da análise de variância para avaliação das progênies de irmãos completos em látice

FV	GL	QM	E (QM)	F
Repetição	r-1	QMR	$\sigma^2 + g\sigma_r^2$	
Blocos/Repetições	r(b-1)	QMB/R	$\sigma^2 + g\sigma_{b/r}^2$	
Progênies	g-1	QMG	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$	QMG/QME
Erro Efetivo	diferença	QME	σ^2	
Total	rg-1			

(v) Estimadores dos parâmetros genéticos e fenotípicos

A partir dos valores de quadrados médios, obtidos pelas análises de variância, podem-se estimar os componentes de variância associados aos efeitos de natureza genética e ambiental dos modelos estatísticos.

- Variância genotípica entre médias de progênes (Equação 1).

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QME}{r} \quad (1)$$

em que:

QMG = quadrado médio de progênes;

QME = quadrado médio do erro efetivo;

r = número de repetições.

- Variância fenotípica entre médias de progênes (Equação 2).

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

- Variância ambiental entre parcelas (Equação 3).

$$\hat{\sigma}^2 = QME \quad (3)$$

- Variância ambiental entre médias de parcela (Equação 4).

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QME}{r} \quad (4)$$

- Coeficiente de herdabilidade (Equação 5).

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2} = \frac{QMG - QME}{QMG} \quad (5)$$

- Correlação intraclasse (Equação 6).

$$CI = \frac{\sigma_g^2}{\sigma^2 + \sigma_g^2} \quad (6)$$

- Coeficiente de variação genético (Equação 7).

$$CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{m} \times 100 \quad (7)$$

- Coeficiente de variação experimental (Equação 8).

$$CV_e = \frac{\sqrt{QME}}{m} \times 100 \quad (8)$$

- Índice de Variação (Equação 9).

$$\hat{I}_v = \frac{CV_g}{CV_e} \quad (9)$$

(vi) Análise das médias fenotípicas

As médias das progênies para as características estudadas, significativas pelo teste F, foram agrupadas pelo procedimento proposto por Scott & Knott (1974) ao nível de 5% de probabilidade, utilizando-se o programa computacional Genes (CRUZ, 2006). Segundo Ramalho *et al.* (2000), este procedimento contorna o problema da ambiguidade nos resultados e, ainda, apresenta alto poder de identificar todas as diferenças reais entre os tratamentos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

(i) Análise de variância

Verificou-se, pelos quadrados médios (Tabela 4.1), a existência de variabilidade genética significativa entre as progênies pelo teste F a 1% e 5% de probabilidade para todas as características avaliadas, exceto para cor da polpa (CP), onde as diferenças foram não significativas. A existência de variabilidade genética sugere a perspectiva de sucesso com a seleção das progênies superiores. O comportamento similar das progênies para CP pode ser explicado pela ausência de variabilidade genética entre as progênies para essa característica ou devido a problemas na escala de notas atribuídas. Linhales (2007) encontrou diferença significativa para esta característica ao nível de 10% de probabilidade pelo teste F.

A precisão ou qualidade experimental, avaliada estatisticamente por meio do coeficiente de variação (CV), apresentou valores de 4,13 % a 28,39% (Tabela 4.1), sendo estes limites correspondentes à largura de fruto (LF) e produção total (PT), respectivamente. Moraes *et al.* (2005) obtiveram CV de 23,8% para PT, o que corrobora com os resultados obtidos. O segundo maior valor obtido foi 28,36% para a característica número de frutos (NF). Para esta característica, Linhales (2007) e Silva *et al.* (2009) encontraram CV's de 36,64% e 71,91%, respectivamente, entretanto, a forma de obtenção dos dados foi distinta da obtida nesse trabalho. Moraes *et al.* (2005) encontraram CV de 11,8%, contudo, a análise foi feita com dados transformados, pois os dados fenotípicos não apresentaram distribuição normal.

Vale ressaltar que a alta magnitude dos valores de CV para PT e NF não indicam que houve descuido na condução do experimento e/ou na aferição dos dados, mas sim que as características em questão são controladas por vários genes e, por isso, sofrem uma grande influência ambiental.

Tabela 4.1 - Resumo da análise de variância para onze características agronômicas e do fruto de maracujazeiro amarelo

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios ⁽¹⁾										
		DF	PF	CF	LF	NF	PT	PMF	EC	SS	CP	PP
Repetições	1	1582,0	0,90	26,05	14,69	21372,7	204,57	6,66	3,62	1,20	0,31	142,66
Bloco/Rep.	22	506,25	265,84	16,16	5,93	2064,2	15,50	110,28	0,42	1,19	0,16	24,82
Progenies	143	293,75**	656,51**	40,66**	16,90**	3578,0**	29,93*	474,03**	1,01**	1,40**	0,34 ^{ns}	47,16**
Erro Efetivo	121	191,75	332,21	17,48	9,35	2175,7	21,54	135,65	0,51	0,76	0,27	21,65
Ef. Látice	-	117,47	96,92	98,83	94,37	99,21	95,68	97,12	97,36	103,78	93,61	100,38
CV		11,66	11,30	5,16	4,13	28,36	28,39	8,25	11,31	7,17	12,33	11,64
Média	-	118,66	161,18	80,91	73,86	164,4	16,34	141,15	6,30	12,18	4,25	39,97
LI	-	94,12	116,09	67,55	65,31	58,0	5,98	102,88	4,59	9,68	3,00	27,40
LS	-	149,92	218,2	91,23	80,65	266,0	29,2	182,91	8,06	14,55	5,25	53,88
Média test.	-	113,88	144,53	81,62	70,48	141,88	12,57	130,95	5,19	12,09	4,50	43,50

⁽¹⁾ DF = número de dias para o florescimento, PF = peso de fruto, CF = comprimento de fruto, LF = largura de fruto, NF = número total de frutos, PT = produção total em ton/ha, PMF = peso médio de fruto, EC = espessura de casca, SS = teor de sólidos solúveis totais, CP = cor da polpa, PP = peso da polpa. **, * e ^{ns} Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Para as demais características, os CV's encontrados foram de baixa magnitude e seguem uma tendência dos demais trabalhos realizados com a cultura do maracujazeiro (VIANA *et al.*, 2004; MORAES *et al.*, 2005; LINHALES, 2007; GONÇALVES *et al.*, 2007; OLIVEIRA *et al.*, 2008 e SILVA *et al.*, 2009). De acordo com a classificação proposta por Gomes (1990) em relação aos coeficientes de variação, mais de 80% das características avaliadas apresentaram precisão experimental média e alta (Tabela 4.1).

Assim sendo, pode-se considerar que os coeficientes de variação experimental obtidos neste trabalho estão dentro dos normalmente encontrados para o maracujazeiro. Além disso, em grande parte das características, os coeficientes de variação foram de baixa magnitude, indicando que houve eficácia na instalação e condução do experimento, na tomada dos dados e nos resultados alcançados.

Na Tabela 4.1 também se encontram as estimativas das médias da população original, do limite inferior (LI) e superior (LS) das médias das progênies e das médias das testemunhas utilizadas no ensaio. Daros *et al.* (2004) concluíram que o LS não é um teto, mas um valor a ser acrescido pelo ganho de seleção, devendo ser entendido como um valor máximo detectado em determinado ciclo, que poderá ser inferior ao máximo para o ciclo seguinte e, assim, sucessivamente, com o aumento na frequência de alelos favoráveis na população.

Pelos resultados contidos na Tabela 4.1, observa-se que, para as características consideradas principais, NF e PT, ocorreu grande amplitude entre os limites estabelecidos, representando, respectivamente, 358,6% e 388,3% de incremento do LI ao LS, o que é um indicativo da variabilidade genética presente na população de maracujazeiro amarelo avaliada e constituindo uma condição essencial para a obtenção de progênies superiores via seleção.

Foram observados incrementos da ordem de 62,7%, 87,9%, 35,1%, 23,4%, 77,8%, 56,9%, 50,3%, 75,0% e 96,6% para as características DF, PF, CF, LF, PMF, EC, SS, CP e PP, respectivamente, denotando novamente a presença de ampla variabilidade genética a ser explorada nas progênies avaliadas.

Outra observação pertinente refere-se ao potencial da população em gerar indivíduos superiores pela seleção. Quando se compara a média geral da população com a média geral das testemunhas, nota-se que esta foi maior para a

maioria das características avaliadas. Porém, é evidente que estes genótipos superiores apresentam uma adaptação regional (interação favorável) e as testemunhas, por outro lado, não apresentaram tal adaptação, sendo influenciadas pelo ambiente. Assim sendo, ganhos expressivos podem ser almejados nos próximos ciclos de seleção, já que estamos trabalhando com o binômio ideal, ou seja, média alta e variabilidade suficientemente disponível (Ramalho *et al.*, 2001).

A eficiência de um delineamento é uma medida relativa e está associada à capacidade do delineamento em propiciar condições para a discriminação das médias dos tratamentos em teste (RAMALHO *et al.*, 2000). Conforme a Tabela 4.1, o delineamento látice foi eficiente em relação ao delineamento de blocos casualizados apenas para as características DF, SS e PP. As magnitudes destas eficiências foram de 17,5%, 3,8% e 0,38%. Moraes *et al.* (2005) utilizaram o delineamento em látice para avaliar oito características relacionadas ao fruto do maracujazeiro e este também mostrou-se eficiente em apenas duas situações, para PT (8,9)% e NF (11,8%).

Segundo Ramalho *et al.* (2000), quando a eficiência do látice é menor, muitos autores recomendam que a análise de variância do látice seja desprezada e que o experimento seja analisado como blocos casualizados completos. Segundo os autores, a estratégia mais adequada é planejar o experimento estruturado em látice e proceder à análise que venha proporcionar maior eficiência. Assim, como o melhorista não tem condições de prever se a área experimental é ou não heterogênea, a condução dos experimentos no delineamento de látice funciona como sendo um seguro para um problema que pode ou não ocorrer.

Isto posto, a despeito das indicações de vários autores, deve-se levar em consideração que houve a implantação do experimento utilizando-se delineamento em blocos incompletos, onde cada bloco não continha uma repetição de cada tratamento, desta maneira, apesar da menor eficiência em alguns casos, optou-se pela análise original em látice.

(ii) Parâmetros genéticos

A herdabilidade é a proporção da variância fenotípica que é de origem genética, ou seja, expressa o grau de correlação entre o fenótipo e o genótipo.

Dessa forma, ela mede a confiabilidade de valor fenotípico como indicador do verdadeiro valor genotípico (FALCONER, 1981). Dessa maneira, pode-se saber se as diferenças detectadas são de natureza genética e se a seleção proporcionará ganhos em programas de melhoramento genético.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade apresentaram valores que variaram de 19,54% a 71,38% (Tabela 4.2). A característica cor de polpa (CP) foi a única em que os efeitos de progênies foram não significativos, o que refletiu diretamente na sua estimativa, sendo o menor valor de herdabilidade. Por outro lado, a maior estimativa obtida foi para a característica peso médio de fruto (PMF). A seleção de progênies com maior PMF é muito interessante, pois um material genético com esta característica pode representar um ganho a mais para os produtores, já que normalmente o peso tem correlação direta e positiva com tamanho de fruto e, com isso, podem atingir preços muito mais atrativos se destinados ao mercado *in natura* (MELETTI *et al.*, 2000).

As duas características mais importantes avaliadas, número de frutos (NF) e produção total (PT), apresentaram baixas estimativas de herdabilidade, 39,19% e 28,04%, respectivamente. No entanto, não se pode concluir que os ganhos genéticos com a seleção serão menores, pois estimativas de valores de alta magnitude de herdabilidade podem ocorrer para caracteres de pequena variância genética, desde que a interferência ambiental na característica seja de pequena magnitude. De fato, estas características possivelmente foram as mais afetadas pelo ambiente, apresentando inclusive os maiores coeficientes de variação.

Moraes *et al.* (2005) encontraram valores mais altos de herdabilidade (82,2% e 83,0%) para estas características em uma população composta de amostras de 100 plantas F_1 , derivadas de um cruzamento divergente. Entretanto, sabe-se que a herdabilidade não é uma característica imutável, sendo uma propriedade não só da característica, mas também da população e das condições ambientais a que a população foi submetida.

Segundo Borém (2001), as estimativas de herdabilidade podem variar de acordo com a característica avaliada, o método de estimação, a diversidade na população, a unidade experimental considerada, o tamanho da amostra avaliada, o nível de endogamia da população, o número e tipos de ambientes considerados e a precisão na condução do experimento e na coleta de dados.

Consequentemente, estas estimativas não devem ser extrapoladas para outras populações.

Tabela 4.2 - Estimativas de parâmetros genéticos provenientes de 11 características avaliadas em 140 progênies de irmãos completos de maracujazeiro amarelo no município de Campos dos Goytacazes, RJ

Características ⁽¹⁾	Parâmetros Genéticos ⁽²⁾							
	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	h^2	CI	CV_e	CV_g	\hat{I}_v
DF	50,99	146,87	95,87	34,72	0,2100	11,66	6,02	0,52
PF	162,15	328,25	166,10	49,39	0,3280	11,30	7,90	0,69
CF	11,58	20,33	8,74	56,99	0,3985	5,16	4,20	0,81
LF	3,77	8,45	4,67	44,69	0,2877	4,13	2,63	0,63
NF	701,14	1789,0	1087,8	39,19	0,2437	28,36	16,10	0,56
PT	4,19	14,96	10,77	28,04	0,1631	28,39	12,53	0,44
PMF	169,19	237,0	67,82	71,38	0,5550	8,25	9,21	1,11
EC	0,24	0,50	0,30	49,55	0,3293	11,31	7,92	0,70
SS	0,31	0,70	0,38	45,93	0,2932	7,17	4,62	0,64
CP	0,03	0,17	0,13	19,54	0,1083	12,33	4,29	0,34
PP	12,75	23,58	10,82	54,09	0,3707	11,64	8,93	0,76

⁽¹⁾ DF = número de dias para o florescimento, PF = peso de fruto, CF = comprimento de fruto, LF = largura de fruto, NF = número total de frutos, PT = produção total em ton.ha⁻¹, PMF = peso médio de fruto, EC = espessura de casca, SS = teor de sólidos solúveis totais, CP = cor da polpa, PP = peso da polpa.

⁽²⁾ $\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica, $\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual, h^2 = herdabilidade, CI = correlação intraclasse, CV_e = coeficiente de variação experimental, CV_g = coeficiente de variação genético e \hat{I}_v = índice de variação.

Para NF, Linhales (2007), Oliveira *et al.* (2008) e Silva *et al.* (2009) encontraram estimativas de herdabilidade de 33,00%, 54,0% e 36,9%, respectivamente, mostrando certa concordância nessas estimativas com a obtida nesse trabalho. Já Viana *et al.* (2004) encontraram uma estimativa de 92,1%, entretanto, os autores trabalharam com seleção clonal. Vale ressaltar mais uma vez que, para esta característica, o processo de mensuração do número de frutos foi feito de forma diferente em cada trabalho.

Para a maioria das características as estimativas de herdabilidade estiveram um pouco abaixo de 50%. Para peso de fruto (PF), a estimativa foi 49,39%. Em outros trabalhos, a estimativa variou de 56,1% a 70,0% (VIANA *et al.*, 2004; MORAES *et al.*, 2005; LINHALES, 2007; GONCALVES *et al.*, 2007; OLIVEIRA *et al.*, 2008 e SILVA *et al.*, 2009).

Para comprimento de fruto (CF), largura de fruto (LF) e dias até o florescimento (DF), as estimativas foram de 56,99%, 44,69% e 34,72%, respectivamente, sendo, de maneira geral, um pouco menores do que as estimativas obtidas pelos trabalhos acima.

Para características de interesse ao processamento industrial como espessura de casca (EC), teor de sólidos solúveis (SS), cor da polpa (CP) e porcentagem da polpa (PP), as estimativas de herdabilidade foram de 49,55%, 45,93%, 19,54% e 54,09%, respectivamente. Para CP, Linhales (2007) obteve estimativa de 42,0%, sendo este o único trabalho encontrado na literatura que relata avaliação desta característica. Em relação a SS, Viana *et al.* (2004) encontraram estimativa de herdabilidade nula, enquanto Moraes *et al.* (2005) obtiveram estimativa de quase 80,0%, evidenciando uma maior discrepância nas estimativas para esta característica. Para PP, alguns trabalhos mostraram estimativas acima de 50,0% (MORAES *et al.*, 2005; LINHALES, 2007), já em outros, estas foram baixas 28,0% (OLIVEIRA *et al.*, 2008) e até nulas (VIANA *et al.*, 2004).

De uma maneira geral, as estimativas de herdabilidade aqui obtidas estão em consonância com os obtidos em outros trabalhos. Além disso, estes resultados sugerem a possibilidade de sucesso com a seleção de progênies superiores.

Estimativas do coeficiente de variação genético (CV_g) permitem ao melhorista ter uma noção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção, ao longo de um programa de melhoramento, já que ele é diretamente proporcional à variância genética. De acordo com a Tabela 4.2, as características que apresentaram os maiores valores de CV_g foram NF e PT, indicando boas chances de sucesso na seleção para essas características. Moraes *et al.* (2005), trabalhando com uma população F_1 de maracujazeiro amarelo, também obtiveram valores elevados de CV_g para as características em apreço. Viana *et al.* (2004) encontraram um valor ainda maior 62,18%. Para as

demais características, os valores de CV_g variaram de 2,63% a 9,21%. Portanto, espera-se que quanto maior o valor dessas estimativas, maior seja a liberação de variabilidade genética.

Outro parâmetro que usado concomitantemente com o CV_g pode auxiliar na tomada de decisão do processo seletivo é o índice de variação (I_v). Esse parâmetro é muito importante na definição da melhor estratégia de melhoramento para cada característica, pois ele representa a razão entre o CV_g e CV_e . Logo, ele não é influenciado pela média do caráter. Segundo Vencovsky (1987), esse índice é utilizado para determinar as chances de sucesso na seleção, o qual dependerá de sua magnitude, principalmente para as situações em que for igual ou superior a unidade. A característica PMF expressou um I_v maior do que a unidade, revelando uma alta proporção de variação genética e sugerindo que métodos simples de melhoramento seriam suficientes para a obtenção de ganhos satisfatórios (Tabela 4.2). Todavia, as características DF, PF, CF, LF, NF, EC, SS e PP também podem proporcionar ganhos genéticos aceitáveis, uma vez que a magnitude de I_v foi maior que 0,5. Por outro lado, CP e PT foram as únicas características com valores inferiores a 0,5. Nesse caso, fica evidenciado uma maior proporção de variação ambiental, que é uma situação menos favorável ao melhoramento, mas que pode ser contornado com a utilização de métodos de melhoramento mais elaborados.

A correlação intraclasse (CI) é uma medida de correlação derivada a partir da análise de variância para estimar fidedignidade. Em termos gerais, é dado pela razão da variância entre grupos e a variância total. Na realidade, a correlação intraclasse é a herdabilidade em nível de parcela, onde a variância ambiental, que por não estar ponderada pelo número de repetições, tem um valor de estimativa menor do que a herdabilidade em nível de médias de parcela. Foram observadas CI variando de 0,1083 a 0,5550, sendo que a menor estimativa foi obtida para CP e a maior para PMF, acompanhando o mesmo padrão de variação das estimativas de herdabilidade (Tabela 4.2).

(iii) Análise das médias fenotípicas

A análise das médias fenotípicas foi feita utilizando o procedimento de Scott e Knott (1974), ao nível de 5% de probabilidade para todas as características, exceto número de frutos por planta, para o qual foi utilizado um

nível de significância de 10% (Tabela 4.3). Segundo Ramalho *et al.* (2000), este procedimento de comparação de médias contorna o problema da ambiguidade nos resultados e apresenta alta capacidade de identificar todas as reais diferenças entre os materiais genéticos testados.

Como esperado, a única característica que não apresentou formação de grupos foi CP, já que diferenças significativas entre as progênies para este caráter não foi detectado pelo teste F. Para peso médio de frutos (PMF) houve formação de três grupos e para todas as outras características houve formação de dois grupos (Tabela 4.3). Gonçalves (2005), avaliando famílias de irmãos germanos de maracujazeiro em Campos dos Goytacazes, observou formação de grupos para todas as características avaliadas.

Para PMF, o grupo com média superior (152,6) superou o segundo (133,8) em 14,06% e o terceiro (116,9) em 30,43%, reforçando, assim, a alta variabilidade existente para esta característica. As características DF e EC, as quais se têm o interesse em diminuir sua média, apresentaram no grupo de menor média uma redução de 15,26% e 16,54% com relação ao grupo de maior média, respectivamente. Para PF, o grupo com média superior (182,6) superou o outro grupo (152,1) em 20,05%. Para CF, o grupo com média superior (84,4) superou o outro (77,32) em 9,19%. Para LF, o grupo com média superior (76,7) superou o outro (71,9) em 6,69%. Para SS e PP os grupos com médias superiores suplantaram os outros grupos em 11,60% e 21,65%, respectivamente. Porém, o maior destaque foi para as características NF e PT, onde os grupos com médias superiores foram, respectivamente, 49,08% e 46,80% maiores do que os grupos de médias inferiores, ratificando mais uma vez a ampla variabilidade genética disponível na população avaliada para estas características.

Tabela 4.3 - Médias fenotípicas das 140 progênies de irmãos completos e quatro testemunhas comerciais (T) de maracujazeiro amarelo avaliadas em 2008 em Campos dos Goytacazes/RJ

Progênies ⁽²⁾	Características ⁽¹⁾																					
	DF	PF	CF	LF	NF	PT	PMF	EC	SS	CP	PP											
1	131,0	a	158,4	b	84,9	a	76,2	a	133,0	b	13,7	b	141,4	a	5,68	b	12,3	a	4,50	a	39,4	b
2	117,8	b	133,9	b	78,7	b	73,0	b	196,5	a	15,3	b	112,7	c	4,59	b	11,4	b	4,25	a	37,7	b
T1 ⁽³⁾	128,0	a	139,4	b	77,7	b	71,8	b	143,0	b	12,6	b	127,5	b	4,81	b	11,9	b	4,25	a	42,1	a
T2	118,6	b	167,7	a	88,7	a	73,6	b	89,0	b	10,2	b	159,6	a	5,88	b	11,8	b	4,50	a	36,3	b
T3	107,3	b	117,8	b	74,7	b	65,3	b	215,5	a	16,2	b	105,6	c	4,80	b	12,8	a	4,25	a	48,7	a
T4	98,4	b	153,2	b	85,3	a	71,2	b	120,0	b	11,3	b	131,1	b	5,28	b	11,9	b	5,00	a	46,9	a
7	117,8	b	171,0	a	81,4	a	75,5	a	118,5	b	12,6	b	149,2	a	6,29	b	12,8	a	4,00	a	35,6	b
8	133,4	a	161,8	b	82,6	a	73,5	b	111,5	b	11,8	b	148,6	a	5,75	b	12,2	b	5,00	a	41,2	a
9	114,0	b	187,9	a	87,4	a	76,6	a	110,0	b	12,2	b	155,0	a	5,98	b	10,6	b	4,25	a	37,0	b
10	111,1	b	166,7	b	76,9	b	75,5	a	242,5	a	22,6	a	129,4	b	6,71	a	12,1	b	4,25	a	32,3	b
11	104,1	b	160,4	b	76,0	b	69,7	b	159,0	b	14,0	b	122,7	c	6,05	b	13,3	a	3,75	a	46,6	a
12	137,4	a	168,5	a	76,1	b	73,0	b	168,5	b	17,0	b	141,9	a	6,58	a	13,5	a	4,00	a	45,0	a
13	98,4	b	132,7	b	72,7	b	70,7	b	171,5	a	13,5	b	110,1	c	5,72	b	13,2	a	4,25	a	36,9	b
14	127,1	a	189,9	a	82,5	a	76,8	a	195,5	a	21,4	a	153,7	a	6,22	b	11,4	b	4,25	a	49,1	a
15	122,3	a	150,1	b	75,0	b	73,5	b	209,5	a	20,5	a	137,2	b	5,34	b	12,3	b	3,75	a	47,2	a
16	129,5	a	145,6	b	82,1	a	74,2	b	254,5	a	21,4	a	117,8	c	6,31	b	11,5	b	4,50	a	32,9	b
17	114,2	b	147,5	b	79,2	b	69,9	b	229,0	a	19,7	a	120,5	c	6,63	a	12,5	a	4,50	a	39,4	b
18	113,8	b	148,7	b	75,2	b	73,3	b	174,5	a	16,6	b	131,2	b	6,26	b	13,1	a	4,25	a	36,3	b
19	121,2	a	178,4	a	83,2	a	75,2	a	154,0	b	17,3	a	157,9	a	7,67	a	11,5	b	4,25	a	37,1	b
20	134,2	a	154,9	b	77,7	b	70,0	b	166,5	b	14,9	b	123,9	c	6,01	b	13,8	a	3,75	a	49,1	a
21	105,9	b	164,3	b	77,5	b	73,0	b	165,5	b	18,7	a	159,5	a	7,19	a	12,2	b	4,50	a	35,2	b
22	116,9	b	156,1	b	75,1	b	72,9	b	150,5	b	14,1	b	131,5	b	6,41	b	11,8	b	4,25	a	39,1	b

Tabela 4.3, Cont.

23	125,0	a	160,6	b	86,0	a	73,8	b	176,5	a	18,5	a	145,5	a	5,23	b	13,3	a	4,25	a	36,8	b
24	126,3	a	141,8	b	71,6	b	70,4	b	146,5	b	12,5	b	120,4	c	6,65	a	13,0	a	4,00	a	46,5	a
25	116,4	b	147,9	b	81,7	a	72,2	b	195,0	a	21,2	a	152,4	a	5,66	b	11,3	b	4,75	a	35,0	b
26	119,1	b	162,3	b	84,2	a	76,0	a	183,0	a	18,8	a	143,7	a	5,36	b	13,0	a	4,25	a	37,9	b
27	94,8	b	150,1	b	76,6	b	73,3	b	161,5	b	15,3	b	132,5	b	6,02	b	12,2	b	4,50	a	53,9	a
28	108,5	b	146,0	b	79,4	b	70,7	b	229,5	a	19,3	a	117,0	c	6,08	b	12,4	a	4,50	a	41,1	a
29	100,7	b	162,2	b	82,0	a	74,7	a	181,0	a	18,3	a	141,8	a	6,53	a	12,3	b	4,00	a	37,5	b
30	126,3	a	172,1	a	79,8	b	74,3	b	137,5	b	14,4	b	146,4	a	6,63	a	12,5	a	4,00	a	40,4	a
31	99,7	b	142,1	b	72,2	b	71,1	b	177,5	a	15,9	b	124,8	c	6,92	a	11,3	b	4,25	a	43,7	a
32	116,3	b	161,2	b	82,0	a	71,8	b	58,0	b	6,0	b	144,5	a	5,84	b	11,9	b	5,00	a	44,5	a
33	109,4	b	150,3	b	80,7	b	74,1	b	131,5	b	12,8	b	135,9	b	5,74	b	12,6	a	4,25	a	45,3	a
34	103,5	b	163,4	b	84,8	a	71,8	b	164,0	b	15,6	b	133,5	b	6,54	a	12,9	a	4,25	a	39,1	b
35	102,0	b	162,5	b	76,7	b	72,1	b	161,5	b	16,8	b	145,4	a	6,13	b	13,0	a	4,75	a	47,3	a
36	128,8	a	164,0	b	80,5	b	75,8	a	164,5	b	15,4	b	134,6	b	5,98	b	11,7	b	5,25	a	32,9	b
37	107,9	b	140,2	b	78,1	b	70,6	b	266,0	a	22,5	a	118,4	c	6,49	a	10,8	b	4,50	a	43,1	a
38	129,6	a	187,1	a	91,1	a	77,3	a	126,5	b	15,7	b	172,8	a	6,19	b	12,3	a	3,75	a	33,5	b
39	126,3	a	183,0	a	87,7	a	75,3	a	135,5	b	14,4	b	150,0	a	6,24	b	11,1	b	4,50	a	48,7	a
40	125,5	a	178,0	a	89,9	a	76,3	a	201,5	a	20,8	a	144,1	a	6,98	a	11,4	b	4,00	a	33,4	b
41	127,2	a	162,1	b	88,0	a	71,6	b	172,0	a	18,0	a	150,8	a	6,71	a	12,6	a	4,00	a	35,9	b
42	111,8	b	188,0	a	84,1	a	75,1	a	186,0	a	21,1	a	159,1	a	7,19	a	11,3	b	4,00	a	41,8	a
43	128,7	a	174,0	a	78,0	b	73,8	b	96,5	b	10,8	b	157,6	a	6,53	a	13,0	a	4,75	a	38,6	b
44	112,3	b	164,5	b	80,3	b	77,8	a	235,5	a	23,4	a	140,0	b	5,96	b	12,2	b	3,00	a	36,2	b
45	116,4	b	161,1	b	83,2	a	71,9	b	184,0	a	18,8	a	143,1	a	5,83	b	11,3	b	3,75	a	40,0	a

Tabela 4.3, Cont.

46	122,5	a	218,2	a	86,8	a	80,7	a	155,5	b	18,3	a	165,8	a	6,82	a	12,2	b	3,75	a	38,8	b
47	140,5	a	144,9	b	75,9	b	69,0	b	136,5	b	15,0	b	153,1	a	6,23	b	12,0	b	4,00	a	33,6	b
48	127,3	a	174,6	a	84,0	a	73,9	b	175,0	a	19,1	a	153,9	a	6,35	b	11,9	b	4,50	a	38,5	b
49	130,2	a	175,5	a	86,3	a	76,4	a	109,5	b	11,9	b	152,4	a	5,62	b	13,3	a	5,00	a	40,3	a
50	107,9	b	116,1	b	75,9	b	70,5	b	169,5	b	12,7	b	103,8	c	5,15	b	10,8	b	4,50	a	37,1	b
51	118,1	b	151,7	b	72,9	b	69,6	b	129,0	b	13,4	b	146,8	a	5,69	b	11,9	b	5,00	a	49,5	a
52	97,2	b	163,8	b	76,2	b	73,7	b	147,5	b	15,9	b	152,4	a	6,52	a	11,4	b	4,75	a	44,7	a
53	124,5	a	155,9	b	85,3	a	73,0	b	144,0	b	15,0	b	145,5	a	6,11	b	13,0	a	4,75	a	37,6	b
54	125,6	a	161,6	b	81,9	a	73,4	b	138,5	b	14,7	b	149,0	a	6,26	b	13,0	a	4,75	a	40,2	a
55	118,0	b	150,2	b	74,2	b	68,7	b	98,5	b	10,8	b	152,7	a	6,58	a	12,9	a	4,00	a	36,1	b
56	123,5	a	186,0	a	82,6	a	73,9	b	79,0	b	8,6	b	152,1	a	7,28	a	11,4	b	4,75	a	39,8	b
57	125,7	a	167,1	b	85,0	a	75,7	a	196,5	a	19,4	a	137,8	b	6,05	b	12,6	a	4,25	a	38,8	b
58	111,2	b	206,1	a	85,7	a	80,5	a	101,0	b	12,8	b	177,1	a	7,75	a	11,9	b	3,75	a	37,3	b
59	131,2	a	169,4	a	82,7	a	75,0	a	114,0	b	12,3	b	154,6	a	6,31	b	13,7	a	4,00	a	42,9	a
60	115,5	b	187,9	a	84,0	a	76,2	a	126,5	b	13,8	b	151,7	a	6,91	a	12,9	a	4,50	a	41,1	a
61	148,2	a	154,9	b	81,2	a	75,5	a	114,5	b	10,3	b	129,1	b	6,12	b	12,6	a	4,00	a	43,3	a
62	149,9	a	163,9	b	79,8	b	77,1	a	142,5	b	14,6	b	142,5	a	6,88	a	11,3	b	3,75	a	42,0	a
63	121,1	a	188,9	a	78,7	b	78,6	a	144,0	b	15,2	b	149,3	a	7,04	a	12,7	a	4,50	a	44,0	a
64	125,8	a	162,3	b	83,8	a	75,8	a	258,5	a	25,5	a	137,8	b	6,15	b	11,4	b	4,25	a	43,3	a
65	109,0	b	191,6	a	84,7	a	79,0	a	163,0	b	16,8	b	144,4	a	7,41	a	11,6	b	4,50	a	34,3	b
66	125,6	a	158,4	b	79,0	b	73,6	b	165,0	b	16,2	b	138,8	b	7,76	a	11,3	b	4,25	a	33,3	b
67	148,0	a	162,7	b	78,1	b	73,9	b	124,5	b	13,3	b	149,9	a	7,11	a	13,6	a	3,50	a	40,7	a
68	107,0	b	185,0	a	79,5	b	76,3	a	186,5	a	19,7	a	151,1	a	7,15	a	11,6	b	4,25	a	41,0	a

Tabela 4.3, Cont.

69	111,7	b	206,2	a	80,9	a	79,4	a	91,5	b	11,4	b	175,6	a	7,54	a	11,5	b	4,25	a	30,5	b
70	111,3	b	213,8	a	82,5	a	78,5	a	142,0	b	16,9	b	167,0	a	7,32	a	12,7	a	3,50	a	42,5	a
71	121,3	a	202,2	a	88,5	a	74,7	a	114,5	b	13,8	b	175,7	a	7,04	a	12,9	a	4,50	a	39,8	b
72	120,1	b	164,6	b	77,6	b	72,0	b	134,5	b	12,2	b	128,0	b	7,35	a	13,1	a	4,25	a	42,7	a
73	116,9	b	154,7	b	75,0	b	73,6	b	220,5	a	20,6	a	131,0	b	6,53	a	12,1	b	4,25	a	33,4	b
74	135,6	a	190,0	a	80,1	b	78,9	a	125,0	b	12,7	b	151,0	a	7,02	a	13,1	a	3,75	a	43,7	a
75	125,8	a	137,9	b	75,2	b	71,1	b	150,0	b	13,8	b	128,3	b	5,54	b	11,7	b	5,00	a	43,5	a
76	115,9	b	144,9	b	78,9	b	71,2	b	194,0	a	18,6	a	133,8	b	5,00	b	12,4	a	4,25	a	43,0	a
77	104,1	b	141,4	b	75,7	b	70,7	b	181,0	a	14,6	b	113,5	c	6,34	b	10,2	b	4,25	a	40,2	a
78	124,8	a	136,5	b	72,9	b	69,7	b	130,0	b	12,3	b	131,2	b	6,67	a	10,5	b	4,50	a	41,7	a
79	110,6	b	151,5	b	78,0	b	70,5	b	197,5	a	19,6	a	137,5	b	6,69	a	12,9	a	4,50	a	38,4	b
80	111,7	b	132,1	b	75,9	b	71,9	b	181,5	a	14,7	b	113,7	c	6,84	a	12,9	a	4,25	a	44,5	a
81	110,4	b	161,3	b	86,2	a	77,1	a	169,5	b	18,1	a	149,4	a	6,41	b	9,7	b	3,75	a	35,4	b
82	118,4	b	154,1	b	75,4	b	73,1	b	146,0	b	15,1	b	141,0	a	5,79	b	11,2	b	4,00	a	41,3	a
83	119,4	b	158,3	b	82,9	a	73,9	b	140,0	b	14,9	b	149,9	a	5,84	b	12,8	a	3,75	a	33,7	b
84	113,2	b	148,4	b	81,0	a	69,2	b	125,0	b	11,4	b	128,0	b	6,07	b	13,2	a	4,75	a	44,1	a
85	108,7	b	163,8	b	80,2	b	75,9	a	162,0	b	15,5	b	133,5	b	6,84	a	13,5	a	4,75	a	38,8	b
86	119,4	b	151,4	b	73,5	b	71,0	b	134,5	b	12,1	b	124,9	c	7,61	a	13,0	a	4,75	a	36,7	b
87	130,6	a	163,4	b	86,1	a	77,1	a	144,5	b	15,4	b	148,4	a	6,00	b	10,7	b	4,50	a	27,4	b
88	94,2	b	119,3	b	67,6	b	65,8	b	223,0	a	17,9	a	112,3	c	6,22	b	11,9	b	4,00	a	46,5	a
89	112,9	b	176,2	a	84,2	a	73,6	b	203,0	a	22,6	a	156,0	a	6,41	b	12,1	b	4,50	a	41,1	a
90	114,5	b	153,6	b	78,5	b	71,7	b	196,0	a	19,1	a	136,6	b	5,74	b	12,1	b	3,75	a	42,5	a
91	144,9	a	187,2	a	82,8	a	75,3	a	78,0	b	10,1	b	182,9	a	8,00	a	14,6	a	4,25	a	36,9	b

Tabela 4.3, Cont.

92	124,5	a	158,1	b	76,4	b	70,3	b	95,5	b	10,3	b	145,8	a	6,31	b	11,9	b	4,00	a	44,2	a
93	118,1	b	165,9	b	81,7	a	73,2	b	147,0	b	14,2	b	135,5	b	5,03	b	13,7	a	4,75	a	51,3	a
94	112,7	b	160,2	b	84,4	a	76,0	a	151,5	b	14,2	b	131,8	b	5,79	b	12,6	a	3,50	a	40,6	a
95	112,2	b	148,1	b	79,5	b	71,5	b	123,0	b	12,6	b	143,6	a	6,18	b	12,1	b	4,50	a	36,7	b
96	110,0	b	145,7	b	80,5	b	72,6	b	172,5	a	16,8	b	135,5	b	7,17	a	12,7	a	4,75	a	38,4	b
97	132,5	a	163,1	b	86,9	a	79,4	a	158,5	b	15,5	b	136,6	b	6,03	b	10,4	b	3,75	a	35,6	b
98	138,7	a	144,9	b	78,9	b	71,8	b	89,0	b	9,6	b	138,2	b	5,83	b	12,0	b	3,75	a	40,4	a
99	124,4	a	179,0	a	84,1	a	78,7	a	107,5	b	11,1	b	144,8	a	6,58	a	13,7	a	5,00	a	36,4	b
100	110,5	b	150,5	b	84,9	a	70,1	b	178,5	a	17,8	a	138,6	b	5,10	b	12,3	b	5,00	a	44,0	a
101	106,7	b	147,9	b	81,3	a	71,2	b	164,0	b	15,7	b	130,7	b	5,53	b	12,7	a	3,75	a	47,8	a
102	112,9	b	190,2	a	89,6	a	79,3	a	159,5	b	18,7	a	167,3	a	6,23	b	12,8	a	4,25	a	32,9	b
103	148,2	a	158,3	b	85,7	a	77,4	a	135,5	b	14,8	b	157,6	a	7,06	a	11,5	b	3,25	a	30,4	b
104	104,3	b	160,9	b	82,6	a	73,7	b	162,5	b	16,4	b	141,6	a	5,82	b	11,3	b	4,00	a	48,0	a
105	108,9	b	168,8	a	80,8	a	77,3	a	165,0	b	16,8	b	142,3	a	6,00	b	12,2	b	4,75	a	40,6	a
106	111,5	b	153,8	b	87,2	a	75,8	a	178,0	a	18,1	a	142,1	a	5,18	b	12,4	a	3,50	a	34,4	b
107	138,5	a	160,9	b	87,5	a	72,0	b	118,0	b	13,2	b	154,6	a	6,81	a	12,4	a	3,25	a	29,3	b
108	116,3	b	139,4	b	77,8	b	71,1	b	134,5	b	12,5	b	128,3	b	6,35	b	11,7	b	4,75	a	39,5	b
109	148,4	a	154,8	b	83,4	a	78,3	a	153,0	b	14,4	b	131,2	b	6,20	b	11,2	b	4,50	a	36,1	b
110	125,6	a	145,8	b	80,6	b	73,3	b	173,5	a	14,4	b	116,7	c	6,01	b	12,2	b	4,50	a	38,7	b
111	132,3	a	146,8	b	78,4	b	74,9	a	225,5	a	20,4	a	124,4	c	5,75	b	12,2	b	4,75	a	36,3	b
112	100,9	b	166,3	b	81,0	a	75,3	a	230,5	a	23,8	a	144,6	a	8,06	a	11,9	b	4,00	a	37,2	b
113	101,2	b	155,0	b	74,8	b	72,6	b	157,0	b	15,2	b	135,9	b	6,24	b	12,3	b	3,75	a	43,2	a
114	122,8	a	168,0	a	76,1	b	77,1	a	116,0	b	13,3	b	165,5	a	7,34	a	13,5	a	4,25	a	36,7	b

Tabela 4.3, Cont.

115	112,2	b	151,3	b	84,4	a	71,6	b	236,5	a	20,7	a	121,4	c	6,07	b	12,1	b	4,50	a	41,3	a
116	123,7	a	137,1	b	78,7	b	73,4	b	159,5	b	13,9	b	122,9	c	5,78	b	11,9	b	4,00	a	32,2	b
117	123,9	a	163,0	b	87,5	a	74,9	a	179,5	a	19,4	a	151,0	a	5,89	b	11,5	b	4,25	a	44,3	a
118	121,4	a	150,1	b	85,2	a	71,0	b	197,5	a	19,5	a	138,7	b	6,04	b	11,9	b	4,00	a	39,0	b
119	142,0	a	165,9	b	88,7	a	75,4	a	99,5	b	10,9	b	154,0	a	5,71	b	12,2	b	4,25	a	34,7	b
120	102,2	b	156,7	b	81,9	a	72,8	b	165,0	b	16,9	b	142,6	a	5,68	b	12,2	b	4,50	a	46,2	a
121	121,2	a	143,2	b	79,0	b	72,1	b	157,5	b	15,7	b	139,6	b	5,72	b	12,1	b	4,00	a	35,2	b
122	101,9	b	156,1	b	77,6	b	76,5	a	227,5	a	20,9	a	128,7	b	5,60	b	12,2	b	4,50	a	44,1	a
123	119,1	b	181,4	a	88,1	a	78,6	a	185,5	a	20,3	a	153,6	a	6,31	b	10,1	b	4,25	a	43,1	a
124	110,7	b	143,9	b	75,7	b	71,1	b	168,5	b	14,9	b	124,7	c	6,46	a	12,0	b	4,25	a	41,1	a
125	114,5	b	131,6	b	79,8	b	70,1	b	259,0	a	23,9	a	129,1	b	5,35	b	11,5	b	4,25	a	36,6	b
126	114,1	b	192,7	a	89,1	a	78,6	a	158,0	b	18,3	a	161,7	a	7,76	a	12,0	b	4,25	a	35,4	b
127	103,0	b	172,0	a	81,9	a	78,5	a	208,5	a	21,0	a	141,6	a	6,01	b	13,0	a	4,25	a	44,7	a
128	110,5	b	142,3	b	81,5	a	72,3	b	196,5	a	18,5	a	134,4	b	5,95	b	11,6	b	5,00	a	32,1	b
129	109,2	b	162,1	b	83,7	a	76,1	a	212,0	a	20,4	a	139,6	b	5,66	b	11,2	b	4,00	a	44,5	a
130	114,2	b	155,8	b	91,2	a	76,5	a	191,5	a	20,4	a	150,4	a	4,85	b	12,0	b	4,75	a	34,5	b
131	111,7	b	177,3	a	80,9	a	75,3	a	168,0	b	18,3	a	153,6	a	6,71	a	12,8	a	4,00	a	41,9	a
132	118,0	b	173,1	a	83,5	a	74,4	a	179,0	a	19,4	a	157,7	a	7,27	a	14,2	a	4,25	a	38,9	b
133	125,4	a	186,9	a	83,4	a	74,3	b	161,0	b	17,1	a	150,3	a	7,31	a	11,9	b	3,75	a	44,1	a
134	119,1	b	144,2	b	77,4	b	69,4	b	246,0	a	23,5	a	136,6	b	5,79	b	12,0	b	3,50	a	40,3	a
135	104,8	b	178,4	a	83,0	a	74,4	a	147,5	b	16,8	b	160,2	a	7,19	a	13,0	a	4,00	a	42,9	a
136	140,9	a	134,1	b	81,9	a	72,0	b	189,5	a	15,6	b	115,6	c	5,21	b	11,1	b	4,00	a	40,8	a
137	114,6	b	158,0	b	76,6	b	77,6	a	172,5	a	18,3	a	150,3	a	6,49	a	11,9	b	4,50	a	37,1	b

138	143,3	a	150,9	b	78,2	b	73,6	b	194,0	a	18,7	a	134,5	b	6,30	b	11,6	b	3,75	a	40,8	a
Tabela 4.3, Cont.																						
139	103,1	b	170,4	a	81,0	a	75,8	a	266,0	a	29,5	a	155,4	a	6,92	a	11,6	b	4,00	a	39,4	b
140	135,2	a	172,6	a	79,5	b	72,7	b	193,0	a	22,0	a	159,6	a	7,78	a	12,5	a	4,00	a	39,2	b
141	115,9	b	157,2	b	78,4	b	73,7	b	200,0	a	21,6	a	151,5	a	6,78	a	11,8	b	4,00	a	35,6	b
142	109,9	b	168,3	a	82,1	a	71,5	b	203,0	a	14,9	b	102,9	c	6,55	a	13,1	a	4,50	a	49,9	a
143	116,9	b	144,8	b	75,6	b	71,8	b	152,0	b	14,2	b	129,1	b	6,41	b	12,9	a	4,50	a	46,3	a
144	108,2	b	168,4	a	78,2	b	76,0	a	257,0	a	25,2	a	137,8	b	6,15	b	12,7	a	4,50	a	40,2	a
média	118,6		161,2		80,9		73,8		164,4		16,3		141,2		6,3		12,2		4,25		39,9	

⁽¹⁾ DF = número de dias para o florescimento, PF = peso de fruto, CF = comprimento de fruto, LF = largura de fruto, NF = número total de frutos, PT = produção total em ton/ha, PMF = peso médio de fruto, EC = espessura de casca, SS = teor de sólidos solúveis totais, CP = cor da polpa, PP = peso da polpa.

⁽²⁾ Médias seguidas por uma mesma letra não diferem estatisticamente, ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste de Scott e Knott. ⁽³⁾ Testemunhas utilizadas para comparação.

CONCLUSÕES

A existência de variabilidade genética disponível na população associada a uma alta média, bem como as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos revelaram a possibilidade de sucesso com a seleção de progênes superiores de maracujazeiro amarelo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BEZERRA NETO, F. V.; LEAL, N. R.; COSTA, F. R.; GONÇALVES, G. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; VASCONCELLOS, H. O.; MELLO, M. Análise biométrica de linhagens de abóbora. **Horticultura Brasileira**, v. 24, n. 3, p. 378-380, Set. 2006.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 2001. 500p.

CAMARGO, C. E. de O. Estimativas de herdabilidades e correlações entre produção de grãos e seus componentes para cruzamentos biparentais de trigo. **Scientia Agricola**, v. 55, n. 1, p. 111-118, Jan. 1998.

COELHO, A. D. F.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D.; ARAÚJO, G. A. de A.; FURTADO, M. R.; AMARAL, C. L. F. Herdabilidades e correlações da produção do feijão e dos seus componentes primários, nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. **Ciência Rural**, 2002, vol.32, n.2, p.211-216.

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**, Washington, v. 4, p. 254-266, 1948.

CRUZ, C. D. **Programa genes: biometria**. Viçosa: UFV, 2006. v. 1, 382 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v. 2, 585 p.

DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; SANTOS, F. S.; GABRIEL, A. P. C.; SCAPIM, C. A.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; SILVÉRIO, L. Recurrent selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 6, p. 609-614, 2004.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de M. A. SILVA e J. C. SILVA. Viçosa: UFV, Impr. Univ., 1981. 279 p.

FARIAS NETO, J. T. de; RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, M. do S. P. de; NOGUEIRA, O. L.; FALCÃO, P. N. B.; SANTOS, N. S. A. dos. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açaizeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Dez 2008, vol.30, n.4, p.1051-1056.

GONÇALVES, G. M. **Estimativas de parâmetros genéticos em características produtivas de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis f. flavicarpa*), baseado no delineamento I**. 2005. 87 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 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**, Brasília, v. 42, n. 2, p. 235-240, fev. 2007.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; REIS, L. S.; BEZERRA NETO, F. V.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; REIS, L. S. Correlações fenotípicas e genético-aditivas em maracujá-amarelo pelo delineamento I. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, p. 1413-1418, 2008.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; BEZERRA NETO, F. V.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Genetic parameter estimates in yellow passion fruit based on design I. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 52, p. 523-530, 2009.

IBGE (Rio de Janeiro, RJ). Quantidade produzida, valor da produção, área plantada e área colhida da lavoura permanente. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>> Acesso em 30/05/2009.

LINHALES, H. **Seleção em famílias de irmãos completos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis Sims f. flavicarpa Deg.*) no segundo ano de produção**. 2007. 72 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

MANICA, I. **Fruticultura: 1. Maracujá**. São Paulo: Editora Ceres, 1981. 151 p.

MELETTI, L. M. M.; MAIA, M. L. **Maracujá: produção e comercialização**. Campinas: Instituto Agrônômico, 1999. 62 p. (Boletim Técnico, 181).

MELETTI, L. M. M.; SANTOS, R. R. dos; MINAMI, K. Melhoramento do maracujazeiro-amarelo: obtenção do composto IAC-27. **Scientia Agricola**, v.56, p.491-498, 2000.

MORAES, M. C. de; GERALDI, I. O.; MATTA, F. de 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**, Dordrecht, v. 40, n. 7, p. 1978-1981, Dec. 2005.

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**, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, nov. 2008.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. B. F.; SANTOS, J. B. **Melhoramento de espécies autógamas**. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Org.). Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, v. 1, p. 201-230.

RAMALHO, M. A. P., FERREIRA, D. F., OLIVEIRA, A. C. de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326 p.

SCOTT, A. J., KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SILVA, M. G. M.; VIANA, A. P.; GONCALVES, G. M.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: Alternativa de capitalização de ganhos genéticos. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 33, p. 170-176, 2009.

SOUZA, E. A. de; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Set 2000, vol.35, no.9, p.1765-1771.

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

VENCOVSKY, R. **Heranca quantitativa**. In: PATERNIANI, E., VIÉGAS, G. P., (ed). Melhoramento e produção do milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987, p. 137-214.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M. Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro amarelo. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 51, n. 297, p. 541-551, 2004.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Simple and canonic correlation between agronomical and fruit quality traits in yellow passion fruit (*Passiflora edulis f. flavicarpa*) populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 3, n. 2, p. 133-140, 2003.

5. ASSOCIAÇÕES ENTRE CARACTERÍSTICAS E ALTERNATIVAS DE SELEÇÃO QUE PROMOVAM MAIORES GANHOS GENÉTICOS EM UMA POPULAÇÃO DE MARACUJAZEIRO AMARELO SOB SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL

RESUMO

Em programas de melhoramento, é comum a avaliação de muitas características com o objetivo de praticar a seleção em várias delas simultaneamente, o que pode ocasionar alterações indesejáveis, devido à presença de correlações genéticas negativas. Uma alternativa viável para contornar este problema é o uso dos índices de seleção, que constituem técnicas multivariadas que associam as informações relativas a vários caracteres de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada. Assim, o objetivo neste trabalho foi avaliar o grau de associação entre características do maracujazeiro amarelo e prever o progresso esperado com a seleção por meio de índices multivariados. Foram plantadas, em outubro de 2007, 140 progênies de irmãos completos de maracujazeiro amarelo, em delineamento látice quadrado, com duas repetições e parcelas constituídas de três plantas. Foram avaliadas onze características agrônomicas. Como resultado, as correlações genotípicas foram de maior magnitude do que fenotípicas. Correlações genéticas desejáveis foram

observadas entre produção total e número de frutos (0,82) e indesejáveis entre peso médio de fruto e número de frutos (-0,655). Os índices multivariados não paramétricos com pesos aleatórios atribuídos por tentativas permitiram ganhos superiores e melhores distribuídos entre as características do que os índices paramétricos. Foi possível selecionar progênies superiores de maracujazeiro amarelo para a maioria das características simultaneamente.

**ASSOCIATION BETWEEN TRAITS AND ALTERNATIVES OF SELECTION
THAT PROMOTE LARGER GENETIC GAIN IN A YELLOW PASSION FRUIT
POPULATION UNDER INTRAPOPULATION RECURRENT SELECTION**

ABSTRACT

In breeding programs is common the evaluation of a lot of characteristics with the objective of practicing selection in several of them simultaneously. This can cause undesirable alterations, due to presence of negative genetic correlations. A viable alternative to outline this problem is the use of the selection index. They are multivariate techniques that associate the information to several traits of agronomic interest with the genetic properties of the evaluated population. Thus, the aim of this work was to evaluate the association degree between yellow passion fruit traits and to predict the expected progress with the selection through multivariate indexes. In October of 2007, 140 full sibs progenies were planted in lattice design, with two replications and three plants per plot. Eleven agronomic and fruit traits were evaluated. As result, the genotypic correlations magnitudes were larger than phenotypic correlations. Desirable genetic correlations were observed between total production and number of fruits (0,82) and undesirable between medium weight of fruit and number of fruits (-0,655). The non parametric multivariate indexes with random weights attributed by attempts allowed superior gains and a best distributed among the characteristics than the parametric

indexes. It was possible to select superior yellow passion fruit progenies for the several traits simultaneously.

INTRODUÇÃO

O Brasil ocupa o posto de terceiro maior produtor mundial de frutas, superado somente pela China e Índia. Dentro desse cenário, estimativas do IBGE (2007) apontam o Brasil como o maior produtor de maracujá amarelo (*Passiflora edulis* Sims), com produção em torno de 650 mil toneladas.

A avaliação de componentes da produção como o número de frutos e a produtividade são essenciais no melhoramento genético de espécies perenes. Entretanto, no maracujazeiro, além dessas características, a qualidade dos frutos é também de suma importância, por determinar a aceitação do produto e ter influência direta no preço obtido. A qualidade do fruto é um termo amplo e engloba dimensões do fruto, peso, polpa e outras propriedades para os quais o consumidor e/ou indústria são sensíveis (ALBUQUERQUE *et al.*, 2002).

O conhecimento da associação entre as características é importante para a consecução de um programa de melhoramento bem planejado. As correlações são levadas em consideração na escolha dos métodos de melhoramento que estabelecem estratégias de seleção simultânea para as várias características estudadas. Dessa maneira, pode-se prever a alteração na média de um caráter quando se seleciona em outro, ou quando objetiva-se melhorar algum caráter específico que apresente baixa herdabilidade ou problemas em sua avaliação (CRUZ & REGAZZI, 2001; GONCALVES *et al.*, 2008).

A relação entre caracteres, estimada por meio do coeficiente de correlação, é importante porque quantifica o grau de associação genético e não-genético entre duas ou mais características (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Paterniani & Campos (1999) registram que a eficiência da seleção de um caráter pode ser aumentada com a utilização de características agrônomicas correlacionadas. Cruz & Regazzi (2001) reafirmam a importância das estimativas das correlações, principalmente se a seleção em um dos caracteres apresenta dificuldade, em razão da baixa herdabilidade e/ou porque este tenha problemas de medição e identificação.

Alguns estudos de correlações são essenciais quando o objetivo é diminuir o número de características a serem utilizadas em trabalhos posteriores, como por exemplo, na avaliação da diversidade genética em que as características mensuradas possam ser redundantes e descartadas, por estarem correlacionadas com outras de mais fácil mensuração ou que demandam menor custo e/ou tempo de avaliação (CRUZ *et al.*, 2004).

A correlação que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres é a fenotípica, que tem causas genéticas e ambientais, porém somente a genética envolve associações de natureza herdável e, por isso, deve ser utilizada na orientação de programas de melhoramento. A ocorrência de correlação genética entre características é devida à pleiotropia ou à ligação entre os genes responsáveis por estas características. A correlação advinda do efeito pleiotrópico dos genes é permanente e expressa a quantidade pela qual duas características são influenciadas pelos mesmos genes (FALCONER, 1981). A correlação devida à ligação gênica é transitória e vai sendo dissipada à medida que ocorre a permuta entre os genes que estão ligados (RAMALHO *et al.*, 1993).

O estudo das magnitudes e significâncias das correlações permite averiguar processos importantes, como a verificação da resposta das correlações em ambientes específicos (FERREIRA *et al.*, 2008). Outra interpretação referente às correlações é a comparação da magnitude relativa das correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. Segundo Pandey (1981), é possível que baixos valores de correlações fenotípicas em relação às genotípicas sejam resultantes dos efeitos modificadores do ambiente na associação dos caracteres a nível gênico. Diferenças de sinais entre a correlação genética e a ambiental indicam que as fontes de variação genética e ambiental afetam os caracteres por meio de mecanismos fisiológicos diferentes e, ainda, diferenças de sinais entre a correlação genética e fenotípica podem ser atribuídas a erros de amostragem (FALCONER & MACKAY, 1996; CRUZ *et al.*, 2004).

Estudos que abordam correlações entre características para algumas espécies vegetais podem ser consultados em vários trabalhos na literatura (BOVI *et al.*, 1990; SIQUEIRA *et al.*, 1993; AMARAL JÚNIOR *et al.*, 1994; FERREIRA *et al.*, 2007; SOARES *et al.*, 2008).

Na condução de um programa de melhoramento genético vegetal, é comum a avaliação de várias características com o objetivo de praticar a seleção

em algumas delas simultaneamente. Nesse aspecto, o genótipo selecionado deve reunir, ao mesmo tempo, uma série de atributos favoráveis capazes de satisfazer as exigências do produtor e/ou consumidor.

Nesse sentido, a seleção baseada em uma ou poucas características pode gerar alterações indesejáveis em outras, devido a presença de correlações genéticas negativas entre elas. Para amenizar este problema, uma alternativa viável é o uso dos índices de seleção, que constituem técnicas multivariadas que associam as informações relativas a vários caracteres de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada, possibilitando, assim, a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados.

Os índices de seleção têm sido utilizados como alternativas de seleção em várias espécies vegetais como milho comum (TARDEN *et al.*, 2007), milho pipoca (FREITAS JÚNIOR *et al.*, 2009), soja (VASCONCELOS *et al.*, 2008), cana de açúcar (PEDROZO *et al.*, 2009), eucalipto (MARTINS *et al.*, 2003), maracujá (SILVA *et al.*, 2009), dentre outras.

O índice de seleção é a combinação linear de valores fenotípicos, o qual resulta numa medida que concentra, num único valor, os méritos e deméritos de cada genótipo para várias características (GARCIA & SOUZA JÚNIOR, 1999).

Neste contexto, o objetivo neste trabalho foi avaliar o grau de associação entre as características de uma população de maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* Sims) composta por 140 progênies de irmãos completos por meio de estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental. Além disso, no presente trabalho visa-se prever o progresso esperado com a seleção através de índices multivariados.

MATERIAL E MÉTODOS

(i) Descrição do experimento, material genético e delineamento estatístico

Foram utilizadas, para o estudo, 140 progênies de irmãos completos de maracujazeiro amarelo. Estas progênies foram obtidas de cruzamentos dirigidos da população melhorada (MA₁), estruturada em delineamento estatístico, ou seja,

das 26 progênies de meios irmãos avaliadas previamente, foram feitos cruzamentos apenas entre as 18 melhores (SILVA *et al.*, 2009).

O plantio foi realizado em outubro de 2007 no delineamento em látice quadrado, com duas repetições e parcelas constituídas de três plantas. O experimento foi instalado na área experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, com latitude sul de 21° 45', longitude 41° 20' W e 11 m de altitude.

O sistema de condução foi o de espaldeira vertical, com mourões de eucalipto tratado de 2,5m de altura, espaçados de quatro metros e com um fio de arame número 12 a 1,80 m do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 m a fim de possibilitar a mobilização de máquinas dentro do experimento. Os tratos culturais foram os recomendados pela cultura do maracujazeiro (MANICA, 1981).

(ii) Características avaliadas

- Número de dias para o florescimento (DF): a avaliação do número de dias para o florescimento (precocidade) das progênies foi feita por meio da contagem do número de dias transcorridos desde o plantio em campo até o aparecimento da primeira flor na parcela.
- Peso dos frutos em gramas (PF): foram pesados, por meio de balança digital, frutos maduros provenientes de amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo.
- Comprimento dos frutos em mm (CF): foram coletadas amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo. Em seguida, foi obtida a média aritmética das dimensões longitudinais dos frutos, com utilização de paquímetro digital.
- Largura dos frutos em mm (LF): Foram coletadas amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo. Em seguida, foi obtida a média aritmética das dimensões transversais dos frutos, com utilização de paquímetro digital.
- Espessura de casca em mm (EC): A espessura média de casca foi determinada por meio da média aritmética das medidas de quatro pontos da

casca externa na porção mediana dos frutos (cortados transversalmente, no sentido de maior diâmetro), com utilização de paquímetro digital, utilizando amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo.

- Teor de sólidos solúveis totais (SS): obtido por refratometria, utilizando-se refratômetro digital portátil ATAGO N1, com leitura na faixa de 0 a 32° graus de brix. As leituras foram feitas em alíquotas de suco da polpa em amostras variando de dois a quatro frutos por parcela em três coletas ao longo do ciclo produtivo.
- Coloração da polpa (CP): obtida pela avaliação visual da coloração da polpa dos frutos, por meio de uma escala de notas para classificação de cores (Quadro 4.1).
- Porcentagem de polpa (PP): foram analisadas amostras de cinco frutos por parcela. Após a obtenção da pesagem da polpa (sementes com arilo), este valor foi dividido pelo peso total dos frutos e multiplicado por 100.
- Número total de frutos (NF): foram realizadas colheitas semanais e, ao final do período de avaliação (cerca de 8 meses), o número de frutos por parcela foram somados.
- Produção total em ton/ha (PT): foram realizadas colheitas semanais e, ao final do período de avaliação (cerca de 8 meses), os pesos dos frutos por parcela foram somados e transformados para toneladas por hectare.
- Peso médio de frutos em gramas (PMF): obtida pela relação entre o peso e o número total de frutos por parcela mensurados semanalmente ao longo do período de avaliação (cerca de oito meses).

(iii) Estimadores das correlações entre pares de características

As equações 1, 2 e 3 apresentam as expressões utilizadas, respectivamente, para o cálculo dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F),

genotípica (r_G) e de ambiente (r_A) entre os pares de características (CRUZ e REGAZZI, 2001):

$$r_F = \frac{COV_{F(X,Y)}}{\sqrt{(\sigma^2_{FX} \cdot \sigma^2_{FY})}} \quad (1)$$

$$r_G = \frac{COV_{G(X,Y)}}{\sqrt{(\sigma^2_{GX} \cdot \sigma^2_{GY})}} \quad (2)$$

$$r_A = \frac{COV_{A(X,Y)}}{\sqrt{(\sigma^2_{AX} \cdot \sigma^2_{AY})}} \quad (3)$$

em que:

- $COV_{F(X,Y)}$, $COV_{G(X,Y)}$ e $COV_{A(X,Y)}$ correspondem, respectivamente, às covariâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre as características x e y;
- σ^2_{FX} , σ^2_{GX} , σ^2_{AX} , correspondem às variâncias fenotípica, genotípica e de ambiente da característica x; e
- σ^2_{FY} , σ^2_{GY} , σ^2_{AY} , correspondem às variâncias fenotípica, genotípica e de ambiente da característica y.

A hipótese de que o coeficiente de correlação fenotípica é estatisticamente igual a zero ($H_0: \rho=0$) foi avaliada pela estatística “t”, segundo Cruz & Regazzi (2001), pela expressão apresentada na equação 4:

$$t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{n-2} \quad (4)$$

Em que “t” está associado a n-2 graus de liberdade e ao nível de 1% ou 5% de probabilidade, sendo n = número de pares de observações.

O teste de significância é muito importante em estudos, análises e interpretações de resultados. Além disso, ele permite discernimento mais preciso das estimativas de correlações. Entretanto, em situações em que os dados advêm de muitas observações, ele torna-se muito influenciado pelo número de graus de

liberdade dessas observações. Para contornar este problema, indica-se a classificação proposta por Carvalho *et al.* (2004), fundamentada na magnitude dos valores das correlações para auxiliar na discussão dos resultados, conforme Quadro 5.1.

Quadro 5.1 - Classificação dos coeficientes de correlação (r) de acordo com sua magnitude

Magnitude	Correlação
$r = 0$	nula
$0 < r \leq 0,30$	fraca
$0,30 < r \leq 0,60$	média
$0,60 < r \leq 0,90$	forte
$0,90 < r < 1$	fortíssima
$ r = 1$	perfeita

Fonte: Adaptado de Carvalho *et al.* (2004)

(iv) Estimativa dos Ganhos Por Meio de Índices de Seleção

A predição dos ganhos por índices de seleção foi fundamentada em ideótipo, ou genótipo ideal. Procurou-se obter a seleção de progênies mais produtivas (maior número de frutos e produção), com maior peso, comprimento e largura de frutos, mais precoces e com maior qualidade industrial (maior porcentagem de sólidos solúveis, porcentagem de polpa, coloração mais alaranjada e menor espessura de casca). As estimativas da predição dos ganhos por seleção, utilizando índices de seleção, foram realizadas com base nas médias obtidas no experimento. Para a realização das análises estatísticas utilizaram-se os recursos computacionais do Programa Genes (CRUZ, 2006).

(v) Índices utilizados nos critérios de seleção de progênies

- Índice de Smith (1936) e Hazel (1943)

Esse índice de seleção foi concebido como uma função linear dos valores fenotípicos observados nas várias características de importância econômica,

cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice de seleção e o agregado genotípico. O agregado genotípico é estabelecido por uma outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos (CRUZ & REGAZZI, 2001).

A seguir, são descritos, respectivamente, o índice de seleção (I) e o agregado genotípico (H), (equações 5 e 6):

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n = \sum_{i=1}^n b_i x_i = b'x \quad (5)$$

$$H = a_1g_1 + a_2g_2 + \dots + a_ng_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = a'g \quad (6)$$

em que:

n = número de características avaliadas;

p = número de progênies avaliadas;

b' = vetor de dimensão 1 x n dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado;

x = matriz de dimensão n x p de valores (ou médias) fenotípicos das características;

a' = vetor de dimensão 1 x n de pesos econômicos previamente estabelecidos;

g = matriz de dimensão n x p de valores genéticos desconhecidos das n características consideradas.

Smith (1936), citado por Baker (1986), demonstrou que a solução do seguinte sistema de equações na forma matricial é a que maximiza o coeficiente de correlação:

$$Pb = Ga$$

em que:

b = estimador do vetor de dimensão n x 1 dos coeficientes de ponderação do índice de seleção;

P = matriz, de dimensão n x n, de variâncias e covariâncias fenotípicas entre caracteres;

G = matriz, de dimensão n x n, de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres.

Portanto, para a estimação do índice de seleção de cada progênie, é necessária a estimação do vetor b, o qual é obtido de forma que a correlação entre I e H seja maximizada. Assim, tem-se:

$$b = P^{-1}Ga$$

em que:

P^{-1} = inversa da matriz, de dimensão n x n, de variâncias e covariâncias fenotípicas entre características.

- Índice de Pesek e Baker (1969)

O estabelecimento com exatidão dos pesos econômicos constituem uma dificuldade. Para contornar esse problema, Pesek & Baker (1969) propuseram um índice de seleção baseado nos ganhos desejados, os quais são mais fáceis de definir. Os coeficientes b's são calculados de acordo com a importância estabelecida pelo melhorista em sua especificação dos ganhos desejados em cada característica. Cruz & Carneiro (2003) mostram que a construção desse índice envolve o conhecimento da expressão do ganho esperado das várias características, que é definido por:

$$\Delta g = \frac{G\hat{b}i}{\hat{\sigma}_I}$$

em que:

Δg = vetor de ganhos estimados;

G = matriz das variâncias e covariâncias genotípicas;

b = vetor n x 1 de coeficientes do índice;

i = intensidade de seleção;
 σI = desvio-padrão do índice.

Por substituição do vetor dos ganhos estimados por um vetor com os ganhos desejados (Δg_d) e pela eliminação do escalar $i/\sigma I$, que não afeta a proporcionalidade dos b 's, é possível estimar o vetor b dos coeficientes do índice:

$$\hat{b} = G^{-1} \Delta g_d$$

Os coeficientes b_i 's, assim estimados, proporcionarão a maximização dos ganhos em cada característica, de acordo com a importância estabelecida pelo melhorista em sua especificação dos ganhos desejados. Apesar de o método dispensar o estabelecimento prévio dos pesos econômicos das características, esses podem ser estimados “*a posteriori*” com o conhecimento do vetor b , por intermédio de:

$$\hat{a} = G^{-1} P \hat{b}$$

- Índice Clássico de Mulamba e Mock (1978)

O índice proposto por Mulamba & Mock (1978) hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meio da atribuição de valores absolutos àqueles de melhor desempenho. Por fim, os valores atribuídos a cada característica são somados, obtendo-se a soma dos “*ranks*”, que assinala a classificação dos genótipos, ou seja, quanto menor for a soma, melhor é o desempenho de um genótipo em relação as várias características, resultando numa medida adicional como descrito a seguir (CRUZ, 2006).

$$I = r_1 + r_2 + \dots + r_n$$

sendo:

I = valor do índice para determinado indivíduo ou progênie;

r_j = classificação (ou *rank*) de um indivíduo em relação a j -ésima variável;

n = número de variáveis consideradas no índice.

Adicionalmente, é permitido ajuste na ordem de classificação das variáveis, basta atribuir pesos distintos a cada variável. Desta forma tem-se:

$$I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n$$

sendo:

p_j = o peso econômico atribuído à j -ésima característica.

- Índice da Distância Genótipo – Ideótipo

Para obtenção desse índice, Schwarzbach (1972), citado por Wricke & Weber (1986), calcularam, a partir das médias fenotípicas ajustadas, as distâncias de cada indivíduo a um genótipo ideal. Segundo Cruz, (2006), considera-se que X_{ij} é o valor fenotípico médio do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima característica. Também se considera o valor Y_{ij} , que representa o valor fenotípico médio transformado e C_j uma constante relativa à depreciação da média do genótipo, por não estar dentro dos padrões desejados pelo melhorista.

Assim, têm-se:

- Ll_j e LS_j : limite inferior e superior, respectivamente, a ser apresentado pelo genótipo, relativo à característica j , conforme o padrão desejado pelo melhorista;
- VO_j : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo, sob seleção.

No procedimento é considerado $C_j = LS_j - Ll_j$. O valor C_j garante que qualquer valor de X_{ij} dentro do intervalo de variação em torno do ótimo resulta num valor de Y_{ij} com magnitude próxima do valor ótimo (VO_j), ao contrário dos valores de X_{ij} fora desse intervalo. Assim, a transformação de X_{ij} é realizada para garantir a depreciação dos valores fenotípicos fora do intervalo considerado ótimo do padrão a ser apresentado pelo genótipo a ser selecionado.

Os valores Y_{ij} obtidos por transformação são posteriormente padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada característica, obtendo-se os valores y_{ij} .

$$y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)}$$

onde:

$S(Y_j)$ = desvio padrão dos valores fenotípicos médios obtidos pela transformação apresentada;

a_j = peso ou valor econômico da característica.

Há também necessidade de padronização e ponderação de VO_j .

$$vo_j = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{S(Y_j)}$$

Calculam-se então os valores do índice expresso pela distância entre os genótipos e o ideótipo, conforme expressão abaixo:

$$I_{DGI} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (y_{ij} - vo_j)^2}$$

onde:

I_{DGI} = índice da distância genótipo ao ideótipo;

y_{ij} = valor fenotípico médio do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima característica;

vo_j = valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo, sob seleção.

Fundamentado neste índice, então, procedeu-se a classificação dos indivíduos com base na distância que apresentaram do ideótipo, sendo considerados melhores aqueles cujas distâncias foram as menores. baseado

(vi) Estimativas dos ganhos de seleção direto e indireto

Para avaliar o potencial dos índices na seleção das progênes, foram utilizadas as estimativas de ganhos com base na seleção direta e indireta. Assim, estes ganhos de seleção se tornaram apenas um parâmetro de comparação entre os índices e não um parâmetro de estimação de ganho populacional. Neste trabalho, foram selecionadas 40 progênes superiores.

O ganho esperado (GS_i) pela seleção direta no i -ésimo caráter pode ser assim estimado:

$$GS_i = (\bar{X}_{si} - \bar{X}_{oi})h_i^2 = DS_i h_i^2$$

em que:

\bar{X}_{si} = média dos indivíduos selecionados para o caráter i ;

\bar{X}_{oi} = média original da população;

DS_i = diferencial de seleção praticado na população;

h_i^2 = herdabilidade, em nível de média de progênies, para o caráter i .

O ganho percentual de seleção pode ser obtido da seguinte forma:

$$GS_i \% = \frac{(GS_i \times 100)}{\bar{X}_{oi}}$$

O ganho indireto no caráter j , pela seleção no caráter i , é dado por:

$$GS_{j(i)} = DS_{j(i)} h_j^2$$

em que:

$DS_{j(i)}$ = é o diferencial de seleção indireto, em que a média dos selecionados é obtida em relação às progênies que apresentaram superioridade para o caráter auxiliar i .

O ganho percentual de seleção indireta pode ser obtido da seguinte forma:

$$GS_{j(i)} \% = \frac{(GS_{j(i)} \times 100)}{\bar{X}_{oi}}$$

RESULTADOS E DISCUSSÃO

(i) Estimativas das correlações

Na Tabela 5.1 encontram-se as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_A) entre onze características avaliadas em 140 progênes de irmãos completos de maracujazeiro amarelo em Campos dos Goytacazes.

Pela Tabela 5.1, constata-se que dos 55 pares de características analisados, apenas dez expressaram correlações fenotípicas maiores que as genotípicas, o que representa 18% dos pares. Tais ocorrências indicam que os componentes genotípicos têm maior influência na determinação das correlações que os de ambiente. Baixos valores de correlações fenotípicas em relação às genotípicas devem ser resultantes dos efeitos modificadores do ambiente na associação dos caracteres a nível gênico (PANDEY, 1981).

Estimativas dos coeficientes de correlações de ambiente que apresentaram baixos valores é resultado da ação casual do meio sobre a característica (FREITAS JÚNIOR, 2008). Valores altos e negativos dessa correlação indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, por outro lado, valores altos e positivos indicam que os dois caracteres são favorecidos ou prejudicados pelas mesmas causas de variações ambientais (CRUZ & REGAZZI, 2001). De acordo com a classificação proposta por Carvalho *et al.* (2004), em oito situações ocorreram correlações ambientais $|r| > 0,30$. Em duas delas ocorreram correlações ambientais negativas, e, em seis, correlações ambientais positivas, sendo três delas classificadas como correlação forte, o que indica que os caracteres envolvidos podem ser favorecidos ou prejudicados pelas mesmas causas ambientais. Em todos os outros pares de correlações, os valores foram $|r| < 0,30$ (associação fraca ou nula).

Tabela 5.1 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_A) entre onze características avaliadas em 144 progênies de irmãos completos de maracujá em Campos dos Goytacazes

Características ⁽¹⁾		Correlações									
		PF	CF	LF	EC	SS	CP	PP	NF	PT	PMF
DF	r_F	0,096 ^{ns}	0,206*	0,181*	0,048 ^{ns}	0,084 ^{ns}	-0,129 ^{ns}	-0,215**	-0,359**	-0,301**	0,222**
	r_G	0,331	0,475	0,488	0,256	0,222	-0,178	-0,497	-0,296	-0,179	0,345
	r_A	-0,087	-0,025	-0,044	-0,114	-0,005	-0,110	0,013	-0,398	-0,366	0,104
PF	r_F	-	0,548**	0,738**	0,535**	0,120 ^{ns}	-0,112 ^{ns}	-0,093 ^{ns}	-0,300**	0,012 ^{ns}	0,783**
	r_G	-	0,415	0,668	0,738	0,075	-0,299	-0,220	-0,738	-0,257	0,967
	r_A	-	0,709	0,807	0,324	0,159	-0,010	0,046	0,057	0,198	0,531
CF	r_F	-	-	0,558**	-0,004 ^{ns}	-0,085 ^{ns}	-0,043 ^{ns}	-0,297**	-0,133 ^{ns}	0,081 ^{ns}	0,509**
	r_G	-	-	0,504	-0,073	-0,310	-0,082	-0,548	-0,478	-0,139	0,649
	r_A	-	-	0,623	0,077	0,135	-0,021	0,017	0,187	0,260	0,265
LF	r_F	-	-	-	0,294**	-0,077 ^{ns}	-0,130 ^{ns}	-0,308**	-0,122	0,120 ^{ns}	0,565**
	r_G	-	-	-	0,460	-0,246	-0,330	-0,485	-0,403	-0,028	0,668
	r_A	-	-	-	0,132	0,060	-0,026	-0,127	0,095	0,218	0,453
EC	r_F	-	-	-	-	0,108 ^{ns}	-0,144 ^{ns}	-0,212*	-0,164*	0,002 ^{ns}	0,437**
	r_G	-	-	-	-	0,365	-0,349	-0,228	-0,372	-0,087	0,572
	r_A	-	-	-	-	-0,114	-0,034	-0,194	0,005	0,064	0,243
SS	r_F	-	-	-	-	-	0,024 ^{ns}	0,164*	-0,196*	-0,188*	0,087 ^{ns}
	r_G	-	-	-	-	-	0,185	0,233	-0,457	-0,569	0,027
	r_A	-	-	-	-	-	-0,053	0,102	-0,015	0,028	0,180

Tabela 5.1, Cont.

CP	r_F	-	-	-	-	-	-	0,090 ^{ns}	-0,092 ^{ns}	-0,166*	-0,137 ^{ns}
	r_G	-	-	-	-	-	-	-0,127	-0,323	-0,672	-0,283
	r_A	-	-	-	-	-	-	0,232	0,012	0,028	-0,038
PP	r_F	-	-	-	-	-	-	-	0,032 ^{ns}	-0,068 ^{ns}	-0,267**
	r_G	-	-	-	-	-	-	-	0,169	-0,016	-0,386
	r_A	-	-	-	-	-	-	-	-0,086	-0,108	-0,074
NF	r_F	-	-	-	-	-	-	-	-	0,904**	-0,428**
	r_G	-	-	-	-	-	-	-	-	0,820	-0,655
	r_A	-	-	-	-	-	-	-	-	0,956	-0,190
PT	r_F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,023 ^{ns}
	r_G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,111
	r_A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,066

⁽¹⁾ DF = número de dias para o florescimento, PF = peso de fruto, CF = comprimento de fruto, LF = largura de fruto, EC = espessura de casca, SS = teor de sólidos solúveis totais, CP = cor da polpa, PP = peso da polpa, NF = número total de frutos, PT = produção total em ton/ha e PMF = peso médio de fruto.

** , * e ns Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste t.

De um modo geral, as correlações genótípicas e ambientais apresentam o mesmo sinal. Diferenças de sinais entre as correlações genótípicas e de ambiente indicam que as causas de variação genética e de ambiente influenciam as características por meio de mecanismos fisiológicos distintos (FALCONER, 1987). Em outras palavras, significa dizer que características correlacionadas, geneticamente, têm no ambiente um obstáculo, uma vez que, ao favorecer o incremento de uma, desfavorece aumentos na outra característica. É o que ocorreu com 27 pares de características. Como exemplo, as características espessura de casca (EC) e teor de sólidos solúveis (SS) que revelaram valores de correlação genotípica de 0,3654 e de ambiente de - 0,1140. Embora o aumento na EC tenda a aumentar SS, o ambiente, ao favorecer EC, desfavorecerá SS.

Segundo Cruz & Regazzi (2001), os sinais dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica podem, eventualmente, ser diferentes, sendo o fato atribuído a erros de amostragem. Assim, apenas cinco pares de características apresentaram tal situação, mas em todas elas as magnitudes das estimativas foram baixas.

Avaliando-se as significâncias das correlações fenotípicas, observou-se que 27 pares de características apresentaram correlações fenotípicas significativas, sendo que 14 foram positivas e 13 negativas (Tabela 5.1). Outra observação pertinente em relação às correlações fenotípicas é sobre a significância das estimativas. O teste de significância é importante em estudos, análises e interpretações de resultados. Ao mesmo tempo, ele permite um discernimento mais preciso das estimativas de correlações, principalmente, as de menores magnitudes. Nesse sentido observa-se que a estatística “t”, muito utilizada para testar a hipótese de nulidade de correlação, parece não ser um teste confiável, haja visto que ele é muito influenciado pelo número de graus de liberdade das observações. Em situações em que os dados advêm de muitas observações, ele detecta diferenças significativas, mesmo em correlações de baixa magnitude. Para contornar esta dificuldade, pode-se indicar a análise com base nas magnitudes dos coeficientes de correlação estimados (CARVALHO *et al.*, 2004).

A correlação fenotípica é calculada a partir das medições das características na população e tem causas genéticas e ambientais, porém apenas as genéticas envolvem uma associação de natureza herdável, podendo, conseqüentemente, ser

utilizada na orientação em programas de melhoramento. Portanto, em estudos genéticos, é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres (CRUZ *et al.*, 2004).

Avaliando-se as magnitudes das correlações genóticas conforme Carvalho *et al.* (2004), percebe-se que dos 55 pares de características estudadas, 25 pares apresentaram correlação fraca, 22 correlação média, seis apresentaram correlação forte e apenas 2 pares apresentaram correlação fortíssima (Tabela 5.1).

Verifica-se que a característica número de frutos (NF) apresentou correlação genotípica negativa com todas as características, exceto produção total (PT), onde a correlação foi de alta magnitude e positiva (0,82) e porcentagem de polpa (0,169). Isso indica que a seleção de progênies com maior NF pode gerar aumento em PT e PP e redução no peso de fruto (PF), comprimento de fruto (CF), largura de fruto (LF), espessura da casca (EC), teor de sólidos solúveis (SS), cor da casca (CP), peso médio do fruto (PMF) e dias até o florescimento (DF). Estes resultados são esperados já que as plantas gastam suas reservas para produzirem um maior NF, resultando em diminuição nas outras características avaliadas. Resultados similares na análise conjunta de dois ambientes foram obtidos por Gonçalves *et al.* (2008), entretanto, entre NF e EC, a correlação se mostrou positiva. Por outro lado, Viana *et al.* (2003) encontraram correlação genética positiva entre NF e PF no ambiente de Campos de Goytacazes. Vale ressaltar que a tomada de dados para NF desses autores foram diferentes das deste trabalho.

De modo semelhante, a característica PT correlacionou-se negativamente com todas as características, exceto NF, como mostrado anteriormente. Entretanto, as magnitudes das correlações negativas foram baixas, exceto para SS e CP, onde as correlações foram respectivamente -0,569 e -0,672, indicando que a seleção de progênies mais produtivas pode gerar diminuição no SS e CP, que particularmente para a indústria de sucos é uma situação indesejada. Moraes *et al.* (2005) encontraram resultados similares para a correlação entre PT x SS e PT x NF e resultados contraditórios para a correlação entre PT x PF, PT x CF, PT x LF e PT x PP.

Como mostrado anteriormente, a seleção para NF afeta positivamente o PT, devido à alta correlação genética entre eles. Estes caracteres podem e devem ser

utilizados como indicadores do potencial produtivo das progênies. A característica PT, utilizada neste trabalho, é uma produção parcial, haja visto que a mensuração da produção ao longo de todo o período de colheita (três anos) é muito trabalhosa, demandando muita mão de obra e tempo. A correlação entre a produção parcial, medida em dois e três meses com a produção total medida em sete meses já foi estimada por Moraes *et al.* (2005). Estes autores encontraram correlações de 0,76 e 0,95, respectivamente, mostrando que a produção parcial pode ser um indicador do potencial produtivo das progênies. Entretanto, estudos que mensurem a produção ao longo de todo o ciclo produtivo da cultura são necessários para ratificar estes resultados.

A característica peso médio de frutos (PMF), obtida pela relação entre o peso total e o número total de frutos por parcela se mostrou correlacionada negativamente com CP, PP, NF e PT, e positivamente com DF, PF, CF, LF e EC, sugerindo que a seleção para PMF tende a gerar ganhos nos sentido indesejável para coloração (mais amarelo), porcentagem de polpa, número de frutos, produção total, precocidade e espessura da casca. Por outro lado, pode gerar ganhos no sentido favorável no peso, comprimento e largura de frutos. A maior correlação genética obtida neste trabalho foi entre PMF e PF com estimativa de 0,967, mostrando que a amostragem do material foi feita adequadamente, já que, para se obter PF, foi retirada amostras de 15 frutos coletados em três épocas distintas.

Em relação à característica dias até o florescimento (DF), que mede a precocidade relativa das plantas, as correlações de maior magnitudes foram observadas entre DF e as características CF, LF e PP, cujas estimativas foram de 0,475, 0,488 e -0,497, denotando que a seleção para precocidade gera diminuição nas dimensões dos frutos das progênies (comprimento e largura) e aumento na porcentagem de polpa. Gonçalves *et al.* (2008) encontraram resultados parecidos avaliando 113 progênies de irmãos completos no ambiente de Viçosa. As estimativas de correlações genético-aditivas entre DF e as características CF, LF e PP obtidas pelos autores foram de 0,66, 0,70 e -0,27 respectivamente.

Características muito importantes para a indústria, a qual depende diretamente de alguns atributos de qualidade do fruto: porcentagem de polpa em relação ao fruto (PP), teor de sólidos solúveis (SS), espessura de casca (EC) e

coloração (CP). Tais características influenciam fortemente a lucratividade da indústria, principalmente as duas primeiras, pois proporcionam um menor custo de produção no processamento de sucos e/ou polpas. Nesse contexto, a característica PP mostrou uma associação negativa com PF, CF, LF, EC e CP, e positiva com SS, denotando que a seleção para PP tende a gerar ganhos indesejáveis em PF, CF, LF e CP, apesar disso, pode levar a ganhos desejáveis em SS (0,233) em EC (-0,233), uma vez que frutos com menor EC são almejados nesse caso. A característica (SS) apresentou correlação negativa com CF (-0,310) e LF (-0,246), e positiva com EC (0,365) e CP (0,185). Nesse caso a seleção em SS só não vai gerar ganhos indesejados na coloração. A característica EC apresentou correlação positiva com PF (0,738) e LF (0,460), e negativa com CP (-0,349), indicando que aumentos na EC podem gerar aumentos em PF e LF e diminuição na coloração, ou seja, a coloração tende a ser mais amarelada.

Outras características utilizadas foram PF, CF e LF, sendo encontradas correlações positivas entre todos os pares, indicando que progênies com maior peso de frutos tendem a ter frutos maiores (longitudinalmente e transversalmente), o que era esperado, pois frutos mais pesados tendem a ser maiores. Vários trabalhos ratificam estes resultados observados para estas características (VIANA *et al.*, 2003; MORAES *et al.*, 2005; GONÇALVES *et al.*, 2008; OLIVEIRA *et al.*, 2008 e SILVA *et al.*, 2009).

Observa-se, ainda, que as estimativas de correlações para algumas características foram de baixa magnitude e podem ser desconsideradas, sugerindo que a seleção para estas características pode ser feita de forma independente, pois não há resposta correlacionada. Por outro lado, foram observadas correlações positivas e negativas entre várias características, o que gera dificuldade na seleção de materiais superiores para várias características simultaneamente, devido à resposta correlacionada. Desse modo, métodos mais elaborados de seleção no melhoramento devem ser utilizados para que se atinja uma população com alta produtividade e boas características comerciais (mercado *in natura* e indústria). Essas considerações convergem para a necessidade da utilização de índices de seleção para obtenção de ganhos simultâneos em características de importância econômica no maracujá amarelo.

(ii) Estimativas dos ganhos diretos e indiretos

Na Tabela 5.2 estão apresentados os ganhos diretos e indiretos considerando a média das 40 progênies superiores em relação as onze características avaliadas. Como esperado, a seleção truncada foi superior à seleção indireta para todas as características analisadas. Assim, o ganho indireto poderia ser no máximo igual ao ganho truncado. A seleção truncada para cada uma das características gera ganhos indiretos nas outras. A magnitude deste ganho indireto é decorrente do grau de associação entre o par de características, dessa maneira, quanto maior a correlação, maior o ganho indireto. Este fato pode ser observado para a seleção direta em PT que resultou em um ganho de 11,25% em NF, representando 90% do ganho direto para NF. Esse fato é decorrente da correlação genética entre estas características, cujo valor é de 0,82. Ganhos indiretos iguais ou superiores a 50% dos ganhos diretos foram obtidos para os pares PMF x EC, LF x CF, PF x LF, PF x EC e PF x PMF, cujas correlações genéticas foram 0,57, 0,50, 0,66, 0,73 e 0,96, respectivamente.

Tabela 5.2 - Estimativas de ganhos diretos, na diagonal principal, e indiretos, fora da diagonal, considerando a seleção de 40 progênies superiores de maracujazeiro amarelo em Campos dos Goytacazes

Características ⁽¹⁾	Seleção em											
	DF	PF	CF	LF	EC	SS	CP	PP	NF	PT	PMF	
Ganhos (%) em	DF	-3,95	0,32	0,65	0,35	-0,24	0,08	-0,54	-1,21	-0,85	-0,83	0,72
	PF	-1,75	6,90	3,24	4,33	-3,42	0,77	-0,54	-1,10	-1,66	0,32	5,24
	CF	-1,17	1,80	3,89	2,01	-0,03	-0,52	0,14	-1,19	-0,38	0,57	1,65
	LF	-0,51	1,50	1,05	2,17	-0,62	-0,23	-0,24	-0,62	-0,34	0,23	0,95
	EC	-0,23	4,02	-0,49	0,83	-6,45	1,07	-1,04	-1,82	-1,27	-0,13	3,71
	SS	-0,29	0,61	-0,66	-0,66	-0,21	3,74	0,15	0,20	-0,84	-0,73	0,16
	CP	0,42	-0,09	-0,07	-0,27	0,16	0,25	2,20	0,28	-0,15	-0,15	-0,32
	PP	2,69	-0,22	-2,79	-2,43	1,47	1,55	0,71	8,10	0,11	-0,86	-2,09
	NF	5,07	-2,88	-1,69	-0,41	0,53	-3,81	-2,33	0,55	12,44	11,25	-4,59
	PT	2,20	0,64	0,51	1,20	-0,62	-2,79	-2,01	-0,71	7,53	8,28	-0,11
	PMF	-3,84	7,44	4,31	4,04	-2,93	0,30	-0,82	-3,06	-3,26	0,26	8,98

⁽¹⁾ DF = número de dias para o florescimento, PF = peso de fruto, CF = comprimento de fruto, LF = largura de fruto, EC = espessura de casca, SS = teor de sólidos solúveis totais, CP = cor da polpa, PP = peso da polpa, NF = número total de frutos, PT = produção total em ton/ha e PMF = peso médio de fruto.

(iii) Índices de seleção

A Tabela 5.3 e 5.4 contém as estimativas dos ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978), índice da distância do genótipo ao ideótipo (CRUZ, 2006), índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e índice proposto por Pesek & Baker (1969), utilizando como pesos econômicos: coeficiente de variação genético (CV_g), desvio-padrão genético (DP_g), índice de variação (I_v), herdabilidade (h^2) e pesos aleatórios atribuídos por tentativas (PA), sendo a seleção praticada nas características DF, PF, CF, LF, EC, SS, CP, PP, NF, PT e PMF

Os ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978), para todos os pesos econômicos, proporcionaram valores positivos para as três principais características, simultaneamente (Tabela 5.3). A saber, número de frutos (NF), produção total (PT) e peso médio de fruto (PMF).

Para os pesos econômicos I_v e h^2 , os ganhos foram pequenos, sobretudo para NF e PT (1,78% a 3,70%). Quando foi utilizado como peso econômico o CV_g , ocorreu ganho em PT na ordem de 6,11% e ganho em NF na ordem 7,77%, sendo este o segundo maior valor entre todos os índices utilizados, porém, o ganho para PMF, apesar de ser positivo, foi baixo, com magnitude de 0,90%. Cruz (1990) recomenda a utilização de estatísticas dos próprios dados experimentais. Para o autor, o CV_g é referencial, pois é diretamente proporcional à variância genética, mantendo, de certa forma, uma proporção entre os caracteres. Outro peso econômico bastante promissor na seleção de progênies superiores foi DP_g , onde os ganhos para NF, PT e PMF foram de 6,70%, 6,48% e 3,45%, respectivamente. A melhor alternativa de seleção, no entanto, foi quando se utilizou pesos aleatórios de várias grandezas. Nesse caso, após algumas simulações, conseguiu-se prever simultaneamente ganhos elevados e equilibrados nas três principais características, sendo as magnitudes destes ganhos de 7,02% para NF, 7,03% para PT e 4,16% para PMF (Tabela 5.3).

Tabela 5.3 - Estimativas dos ganhos percentuais por seleção simultânea, em onze características avaliadas em progênies de irmãos completos em maracujazeiro referentes ao segundo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional

Características (1)	Mulamba e Mock					Distância Genótipo-Ideótipo				
	CV _g ⁽²⁾	DP _g	lv	h ²	PA	CV _g	DP _g	lv	h ²	PA
DF	-1,48	-1,28	-0,88	-0,93	-0,83	-0,98	-0,79	-0,14	-0,10	-0,74
PF	1,33	3,66	4,61	4,26	3,06	2,43	3,89	5,10	5,05	3,09
CF	0,92	1,60	2,24	2,18	1,36	1,18	1,50	2,30	2,24	1,56
LF	0,34	1,08	1,30	1,20	0,95	0,76	1,09	1,26	1,25	0,86
EC	-1,41	2,02	-0,24	-0,62	1,29	1,44	1,99	1,74	1,54	1,34
SS	0,09	-0,64	0,42	0,36	-0,65	0,18	-0,25	0,56	0,66	-0,58
CP	0,08	-0,35	-0,01	0,02	-0,61	-0,12	-0,53	-0,01	-0,04	-0,67
PP	2,75	-0,51	1,42	1,79	0,62	1,23	-0,15	0,99	1,10	-0,66
NF	7,77	6,70	1,98	2,35	7,02	5,54	6,29	1,83	1,73	7,02
PT	6,11	6,48	3,54	3,70	7,03	5,82	6,47	3,53	3,41	7,02
PMF	0,90	3,45	5,17	4,72	4,16	3,91	4,19	5,21	5,06	4,16

(1) DF = número de dias para o florescimento, PF = peso de fruto, CF = comprimento de fruto, LF = largura de fruto, EC = espessura de casca, SST = teor de sólidos solúveis totais, CP = cor da polpa, PP = peso da polpa, NF = número total de frutos, PT = produção total em ton/ha, PMF = peso médio de fruto. (2) CV_g = coeficiente de variação genético; DP_g = desvio-padrão genético; lv = índice de variação; h² = herdabilidade e PA = Pesos aleatórios atribuídos por tentativas (1, 200, 200, 200, 1, 1, 1, 200, 1000, 1000, 1000).

Outra observação relevante apresentada na Tabela 5.3 é em relação à utilização do PA como alternativa de seleção de progênies superiores, que além de proporcionar ganhos elevados nas principais características, ganhos expressivos também foram observados para as outras características avaliadas. A característica DF, que expressa a precocidade da progênie em relação ao florescimento apresentou ganhos preditos negativos de -0,83%. Assim, espera-se um florescimento e, conseqüentemente, uma produção mais precoce. Para PF, CF, LF e PP os ganhos foram de 3,06%, 1,36%, 0,95% e 0,62%, respectivamente, o que é muito importante, principalmente se o objetivo do melhoramento contemplar o mercado *in natura*, cujos

preços pagos ao produtor são mais atrativos, podendo ser 150% maiores que os preços pagos a frutos de classes inferiores (MELETTI *et al.*, 2000). Para as características EC, SS e CP os ganhos foram no sentido indesejável de melhoramento, mas estes valores foram de baixa magnitude.

Gonçalves *et al.* (2007) avaliaram seis características produtivas de uma população de maracujazeiro amarelo, estruturada no Delineamento I em dois locais, Viçosa, MG e Miracema, RJ. Como resultado, os autores indicaram o índice de seleção de Mulamba & Mock, pois este possibilitou maior ganho genotípico predito, sendo considerado promissor no processo de seleção de progênies superiores.

Silva *et al.* (2009) estimaram, em uma população de maracujá-amarelo, os ganhos genéticos preditos por meio da seleção direta e pelo índice de seleção de Mulamba & Mock. Os resultados mostraram que em ambas as simulações de ganho (diferentes intensidades de seleção), os ganhos fundamentados no índice, mesmo que menores, foram expressivos e contribuíram com o processo de seleção das plantas que foram utilizadas como genitoras para a obtenção das progênies para a fase de teste da seleção recorrente.

Outro índice de seleção utilizado foi o baseado na distância do genótipo ao ideótipo (CRUZ, 2006). Os ganhos percentuais preditos para todos os pesos econômicos também proporcionaram valores positivos para NF, PT e PMF.

Assim como aconteceu para o índice de seleção proposto por Mulamba e Mock (1978), o índice IDGI para os pesos econômicos I_v e h^2 proporcionaram ganhos percentuais pequenos (Tabela 5.3). Para NF, os ganhos foram de 1,73% considerando h^2 como peso e 1,83% considerando I_v . Para PT, os ganhos percentuais variaram de 3,41% a 3,53%. Para PMF, o ganho percentual, considerando I_v como peso, foi de 5,21%, sendo esta estimava a maior entre todos os quatro índices utilizados.

Outras estimativas que merecem destaque foram os ganhos para PF (5,10% e 5,05%), CF (2,30% e 2,24%) e LF (1,26% e 1,25%) para os pesos I_v e h^2 , respectivamente, sendo estas também as maiores entre todos os índices testados. Entretanto, a utilização destes pesos econômicos não atende aos objetivos deste trabalho, pois, para duas características mais importantes (NF e PT), os ganhos foram inferiores que os obtidos em outras alternativas de seleção.

O peso econômico CV_g promoveu ganhos desejáveis em NF, PT, PMF, DF, PF, CF, LF, SS e PP, e ganhos indesejáveis em EC e CP. Porém, estas estimativas de ganhos foram superadas quando se utilizou o peso econômico DP_g , onde os ganhos foram maiores em praticamente todas as características. Dessa maneira, a segunda melhor alternativa dentro deste índice foi quando se utilizou o DP_g como peso econômico.

Por conseguinte, a melhor alternativa de seleção foi quando se utilizou pesos aleatórios de várias grandezas. Nesse caso, conseguiu-se prever de maneira simultânea ganhos elevados nas três principais características, sendo as magnitudes destes ganhos de 7,02% para NF, 7,02% para PT e 4,16% para PMF, valores estes idênticos aos obtidos na utilização do índice de Mulamba e Mock (1978) para o peso em questão.

A utilização do peso econômico aleatório, como alternativa de seleção de progênies superiores, também proporcionou ganhos no sentido desejável para as outras características avaliadas. Para a característica DF, os ganhos preditos foram de -0,74%. Para PF, CF e LF os ganhos foram de 3,09%, 1,56% e 0,86%, respectivamente. Por outro lado, ganhos indesejáveis de 1,34%, -0,58%, -0,67% e -0,66% foram obtidos para as características EC, SS, CP e PP, respectivamente, o que não inviabiliza a sua utilização como alternativa de seleção de progênies superiores para a recombinação, principalmente porque estas características são de menor importância.

Outro índice de seleção utilizado foi o proposto por Smith (1936) e Hazel (1943). Fundamentado nele, foi possível prever pequenos ganhos simultâneos nas principais características, para os pesos econômicos I_v e h^2 (Tabela 5.4). Para os pesos econômicos CV_g , DP_g e PA os ganhos para PMF se mostraram negativos, o que é uma situação não desejável. Quando o peso econômico foi o PA, os ganhos previstos para NF e PT foram as melhores alternativas de ganho dentro deste índice, embora quando comparados com outras alternativas, principalmente com os índices não paramétricos, estes podem ser descartados.

Tabela 5.4 - Estimativas dos ganhos percentuais por seleção simultânea, em onze características avaliadas em progênies de irmãos completos em maracujazeiro referentes ao segundo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional

Características (1)	Smith e Hazel					Pesek e Baker				
	CV _g ⁽²⁾	DP _g	I _v	h ²	PA	CV _g	DP _g	I _v	h ²	PA
DF	-2,23	-2,21	-1,60	-1,62	-2,01	0,97	-1,22	0,97	0,97	0,97
PF	-1,62	-2,29	2,49	2,51	-1,25	2,39	-2,42	2,39	2,39	2,39
CF	-0,63	-1,22	1,53	1,55	-0,48	1,29	-0,98	1,29	1,29	1,29
LF	-0,15	-0,34	0,62	0,66	-0,08	0,60	-0,25	0,60	0,60	0,60
EC	-0,66	-1,17	1,26	1,17	-0,57	2,10	-1,35	2,10	2,10	2,10
SS	-1,32	-1,24	-0,76	-0,71	-1,99	-1,69	-2,17	-1,69	-1,69	-1,69
CP	-0,67	-0,93	-0,93	-0,96	-0,87	-1,44	-0,96	-1,44	-1,44	-1,44
PP	-0,16	0,78	-1,56	-1,27	0,93	-1,41	-0,12	-1,41	-1,41	-1,41
NF	2,33	3,52	0,68	0,74	5,93	4,04	8,07	4,04	4,04	4,04
PT	1,74	2,26	2,63	2,64	4,53	4,93	5,11	4,93	4,93	4,93
PMF	-1,34	-1,95	4,23	4,13	-0,31	4,56	-2,33	4,56	4,56	4,56

(1) DF = número de dias para o florescimento, PF = peso de fruto, CF = comprimento de fruto, LF = largura de fruto, EC = espessura de casca, SST = teor de sólidos solúveis totais, CP = cor da polpa, PP = peso da polpa, NF = número total de frutos, PT = produção total em ton/ha, PMF = peso médio de fruto. (2) CV_g = coeficiente de variação genético; DP_g = desvio-padrão genético; I_v = índice de variação; h² = herdabilidade e PA = Pesos aleatórios atribuídos por tentativas (1, 200, 200, 200, 1, 1, 1, 200, 1000, 1000, 1000)

As piores alternativas de ganhos genéticos preditos foram obtidas com a utilização do índice de Smith & Hazel (Tabela 5.4). Em todas as alternativas de seleção baseada nesse índice, foram observados ganhos negativos para algumas características avaliadas. Além disso, nas situações em que os ganhos preditos foram em ordem favorável ao melhoramento, estes foram de baixa magnitude. Portanto, a utilização deste índice com os pesos econômicos associados a ele, não proporcionaram uma distribuição de ganhos desejáveis em relação às características, inviabilizando a sua utilização aos propósitos deste trabalho. Reforçando esta idéia, este índice apresentou o menor ganho predito nas diversas alternativas de seleção, gerando resultados insatisfatórios na comparação com outros índices utilizados por Gonçalves *et al.* (2007). Da mesma forma, este índice foi testado por Oliveira *et al.* (2008) e apresentou ganhos negativos em relação às

características rendimento de polpa e formato de fruto, embora tenha demonstrado a possibilidade de obtenção de maiores ganhos na característica número de frutos.

Os ganhos genéticos percentuais preditos para o índice de seleção de Pesek & Baker (1969), expostos na Tabela 5.4, demonstraram que para os pesos econômicos CV_g , I_v , h^2 e PA, os ganhos previstos foram análogos para todas as características, demonstrando que os valores não foram discrepantes o suficiente para causar mudanças nos ganhos. A utilização destes pesos econômicos permitiu ganhos equilibrados e positivos para as três principais características avaliadas (NF, PT e PMF). Entretanto, estes ganhos foram menores do que os obtidos quando se utilizou do procedimento de Mulamba & Mock e a distância do genótipo ao ideótipo. Além disso, a utilização destes pesos econômicos promoveu ganhos indesejáveis para DF, EC, SS, CP e PP, ou seja, a seleção fundamentada nestes pesos promoveu ganhos negativos para teor de sólidos solúveis, para coloração e porcentagem de polpa e ganhos positivos para espessura da casca e dias até o florescimento. Os ganhos para PF, CF e LF são aceitáveis, no entanto, outras alternativas foram mais interessantes por promoverem maiores ganhos.

Quando se utilizou o peso econômico do DP_g no procedimento de Pesek e Baker (1969), o ganho genético para NF foi de 8,07%, sendo a maior estimativa encontrada em todas as alternativas testadas. O ganho para PT também foi positivo e alto (5,11%), mas menor do que os obtidos quando se utilizou os procedimentos de Mulamba & Mock e da Distância Genótipo-ideótipo nos pesos econômicos CV_g , DP_g e PA. Contudo, este peso econômico gerou ganhos negativos em quase todas as características avaliadas (PF, CF, LF, SS, CP, PP), além de PMF, que é considerada muito importante (-2,33), o que praticamente inviabiliza a utilização deste peso dentro do procedimento de Pesek & Baker (1969) como estratégia de seleção.

Contrariamente, no trabalho de Gonçalves *et al.* (2007) este índice foi eficaz na escolha das melhores progênies para recombinação e apresentou ganhos de 15,92% para NF; 0,05% para PF; 0,17% para CF; 0,48% para LF; 0,92% para EC; e 2,75% para DF. Neste trabalho, os autores visaram obter ganhos em NF próximos ao patamar do ganho direto, que foi de 18,5%, sem que ocorresse queda nas outras características. Oliveira *et al.* (2008), utilizando o mesmo índice, obtiveram ganhos de -4,32% para PF; 9,54% para rendimento de polpa RP, -4,72% para CF; -2,01%

para LF; -3,7% para formato do fruto e -0,19% para número de frutos. Dessa maneira, ganhos no sentido desejado ocorreram apenas para RP, sendo este índice não recomendado por ter apresentado o pior desempenho quando comparado com outros utilizados.

Após analisar a possibilidade de utilização das várias alternativas de seleção, os índices baseados na soma de *ranks* de Mulamba & Mock (1978) e na distância entre o genótipo e o ideótipo (CRUZ, 2006), com pesos aleatórios atribuídos por tentativas, permitiram ganhos superiores e melhores distribuídos entre as principais características e também ganhos expressivos nas características PF, CF, LF e DF. Por conseguinte, a opção da seleção das 40 progênes superiores foi feita como base no índice de Mulamba & Mock (1978), já que apresentou ganhos ligeiramente superiores em cinco das oito características secundárias. Vale ressaltar que esta pequena vantagem deve-se provavelmente a uma única progênie, já que quando se compara as progênes selecionadas pelos dois índices, a coincidência foi de 97,5%, ou seja, apenas uma progênie foi selecionada por um método e não foi para o outro. Dessa forma, fundamentado na soma de *ranks*, foi possível selecionar simultaneamente progênes superiores para NF, PT, PMF, DF, PF, CF, LF e PP, conforme constatado na Tabela 5.3.

A Tabela 5.5 contém as médias das 40 progênes de irmãos completos selecionadas pelo índice de Mulamba & Mock (1978). Observa-se que estas progênes apresentam elevada média para NF, PT e PMF. Para ter uma idéia do potencial destas, para PT nenhuma progênie apresentou valor inferior ao da média da população. Para NF e PMF, apenas quatro e seis progênes, respectivamente, tiveram valores inferiores ao da média da população. Além do mais, entre os 144 genótipos avaliados, quatro eram testemunhas comerciais, com utilização em várias regiões do Brasil. Porém, nenhuma delas foi selecionada, confirmando a superioridade das progênes selecionadas para a formação da nova população de trabalho (população melhorada).

Tabela 5.5 - Médias das 40 progênes selecionadas e testemunhas pelo índice proposto por Mulamba e Mock (1978) em 11 características avaliadas, para compor o segundo ciclo de Seleção Recorrente em Campos dos Goytacazes/RJ

Progênes	Médias Características ⁽¹⁾										
	DF	PF	CF	LF	EC	SS	CP	PP	NF	PT	PMF
139	103,14	170,41	81,04	75,78	6,92	11,64	4,00	39,44	266,00	29,53	155,41
89	112,92	176,23	84,16	73,62	6,41	12,13	4,50	41,06	203,00	22,63	156,02
14	127,12	189,87	82,53	76,76	6,22	11,39	4,25	49,11	195,50	21,43	153,67
42	111,82	188,02	84,15	75,07	7,19	11,31	4,00	41,79	186,00	21,13	159,06
123	119,10	181,44	88,08	78,55	6,31	10,06	4,25	43,06	185,50	20,35	153,64
140	135,21	172,61	79,53	72,72	7,78	12,49	4,00	39,25	193,00	22,04	159,59
64	125,77	162,28	83,84	75,80	6,15	11,37	4,25	43,29	258,50	25,46	137,85
112	100,94	166,33	81,03	75,33	8,06	11,94	4,00	37,15	230,50	23,80	144,58
127	102,95	172,03	81,91	78,46	6,01	13,00	4,25	44,73	208,50	21,03	141,60
132	118,04	173,09	83,48	74,39	7,27	14,24	4,25	38,89	179,00	19,40	157,67
68	107,05	184,98	79,49	76,30	7,15	11,63	4,25	40,95	186,50	19,74	151,12
144	108,23	168,39	78,24	76,02	6,15	12,68	4,50	40,20	257,00	25,24	137,77
40	125,47	178,02	89,91	76,27	6,98	11,38	4,00	33,40	201,50	20,78	144,10
44	112,25	164,49	80,28	77,80	5,96	12,20	3,00	36,22	235,50	23,40	140,03
141	115,86	157,20	78,44	73,74	6,78	11,78	4,00	35,56	200,00	21,62	151,55
117	123,88	163,02	87,54	74,89	5,89	11,50	4,25	44,28	179,50	19,38	151,04

Tabela 5.5, Cont.

130	114,23	155,77	91,23	76,50	4,85	11,95	4,75	34,49	191,50	20,39	150,37
102	112,85	190,23	89,59	79,26	6,23	12,84	4,25	32,92	159,50	18,72	167,34
129	109,18	162,05	83,70	76,06	5,66	11,20	4,00	44,45	212,00	20,39	139,61
48	127,27	174,59	84,04	73,90	6,35	11,88	4,50	38,47	175,00	19,10	153,89
46	122,47	218,20	86,75	80,66	6,82	12,25	3,75	38,77	155,50	18,34	165,85
25	116,42	147,93	81,69	72,15	5,66	11,34	4,75	35,01	195,00	21,23	152,39
126	114,09	192,68	89,14	78,60	7,76	12,02	4,25	35,41	158,00	18,27	161,68
131	111,74	177,31	80,90	75,29	6,71	12,76	4,00	41,87	168,00	18,26	153,62
57	125,67	167,10	84,97	75,74	6,05	12,64	4,25	38,82	196,50	19,42	137,83
26	119,13	162,28	84,23	76,03	5,36	13,01	4,25	37,91	183,00	18,83	143,69
70	111,26	213,83	82,49	78,51	7,32	12,73	3,50	42,45	142,00	16,94	167,04
134	119,09	144,16	77,43	69,41	5,79	12,03	3,50	40,34	246,00	23,54	136,59
21	105,89	164,28	77,53	73,01	7,19	12,20	4,50	35,24	165,50	18,71	159,47
10	111,09	166,71	76,87	75,45	6,71	12,07	4,25	32,29	242,50	22,56	129,35
15	122,32	150,06	75,00	73,45	5,34	12,30	3,75	47,20	209,50	20,52	137,16
122	101,90	156,09	77,56	76,52	5,60	12,20	4,50	44,13	227,50	20,92	128,74
135	104,79	178,43	83,02	74,41	7,19	12,99	4,00	42,92	147,50	16,79	160,23
19	121,17	178,39	83,24	75,24	7,67	11,50	4,25	37,07	154,00	17,34	157,90

Tabela 5.5, Cont.

81	110,36	161,30	86,22	77,12	6,41	9,68	3,75	35,41	169,50	18,06	149,36
45	116,41	161,14	83,24	71,89	5,83	11,34	3,75	40,03	184,00	18,81	143,14
118	121,44	150,09	85,21	70,99	6,04	11,85	4,00	39,02	197,50	19,53	138,69
23	124,96	160,56	85,99	73,82	5,23	13,31	4,25	36,80	176,50	18,52	145,47
133	125,38	186,86	83,44	74,25	7,31	11,91	3,75	44,08	161,00	17,13	150,32
137	114,64	158,05	76,63	77,61	6,49	11,86	4,50	37,12	172,50	18,28	150,34
T 1 ⁽²⁾	127,96	139,37	77,65	71,82	4,81	11,92	4,25	42,11	143,00	12,56	127,49
T 2	118,59	167,75	88,74	73,64	5,88	11,76	4,50	36,33	89,00	10,24	159,59
T 3	107,31	117,80	74,74	65,31	4,80	12,79	4,25	48,67	215,50	16,23	105,62
T 4	98,44	153,22	85,34	71,17	5,28	11,88	5,00	46,91	120,00	11,26	131,11

⁽¹⁾ DF = número de dias para o florescimento, PF = peso de fruto, CF = comprimento de fruto, LF = largura de fruto, EC = espessura de casca, SST = teor de sólidos solúveis totais, CP = cor da polpa, PP = peso da polpa, NF = número total de frutos, PT = produção total em ton/ha, PMF = peso médio de fruto. ⁽²⁾ Testemunhas utilizadas para comparação.

CONCLUSÕES

As correlações genóticas apresentaram maior magnitude em relação às fenotípicas;

Correlações genéticas desejáveis e indesejáveis foram observadas em grande parte das características avaliadas;

Os índices multivariados não paramétricos com pesos aleatórios atribuídos por tentativas permitiram ganhos superiores e melhores distribuídos entre as características do que os índices paramétricos;

Foi possível selecionar 40 progênies superiores de maracujazeiro amarelo para a maioria das características, simultaneamente.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, A. S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; CASALI, V. W. D.; ARAÚJO, R. C.; SOUZA, J. A. **Possibilidade de seleção indireta para peso do fruto e rendimento em polpa em maracujá (*Passiflora edulis Sims.*)**. In: XVII Congresso Brasileiro de Fruticultura, 2002, Belém. Anais do XVII Congresso Brasileiro de Fruticultura, 2002.

AMARAL JÚNIOR, A. T. do; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D.; SILVA, D. J. H. da; SILVA, L. C. da. Estimativas de correlações fenotípicas, genóticas e de ambiente entre sete caracteres morfoagronômicos em oito acessos de moranga. **Bragantia**, v. 53, n. 2, p. 163-166, 1994.

BAKER, R. J. **Index Selection in plant breeding**. CRC Press, Boca Raton-Florida, 1986. 218p.

BOVI, M. L. A.; GODOY JÚNIOR, G.; SPIERING, S. H.; CAMARGO, S. B. de. Correlações fenotípicas entre caracteres avaliados nos estádios juvenil e adulto de açaizeiros. **Bragantia**, v. 49, n. 2, p. 321-334, 1990.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e Implicações da Correlação**. 1. ed. Pelotas: Editora e Gráfica UFPel, 2004, v. 1. 142 p.

- CRUZ, C. D. **Programa genes: biometria**. Viçosa: UFV, 2006. v. 1, 382 p. CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1990.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v. 2, 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. v.1. 480p.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de M. A. SILVA e J. C. SILVA. Viçosa: UFV, Impr. Univ., 1981. 279 p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. London: Longman, 1996. 464p.
- FERREIRA, F. M.; BARROS, W. S.; SILVA, F. L. da; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D.; BASTOS, I. T. Relações fenotípicas e genotípicas entre componentes de produção em cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 66, n. 4, p. 605-610, 2007.
- FERREIRA, A.; CRUZ, C. D.; VASCONCELOS, E. S. DE; NASCIMENTO, M.; RIBEIRO, M. F.; SILVA, M. F. Utilização de bootstrap não-paramétrico para avaliação de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. **Acta Sci. Agron.**, Maringá, v. 30, supl., p. 657-663, 2008.
- FREITAS JÚNIOR, S. de P.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; RANGEL, R. M.; VIANA, A. P. Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 1-7, 2009.
- FREITAS JÚNIOR, S. de P. **Seleção Recorrente Entre Famílias de Irmãos-Completos de Geração Avançada da População UNB-2U de Milho Pipoca**. 96 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.
- GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, v. 58, p. 253-267, 1999.

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**, Brasília, v. 42, n. 2, p. 235-240, fev. 2007.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; REIS, L. S.; BEZERRA NETO, F. V.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; REIS, L. S. Correlações fenotípicas e genético-aditivas em maracujá-amarelo pelo delineamento I. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, p. 1413-1418, 2008.

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

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-490, 1943.

IBGE (Rio de Janeiro, RJ). Quantidade produzida, valor da produção, área plantada e área colhida da lavoura permanente. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em 30/05/2009.

LINHALES, H. **Seleção em famílias de irmãos completos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.) no segundo ano de produção**. 2007. 72 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

MANICA, I. **Fruticultura: 1. Maracujá**. São Paulo: Editora Ceres, 1981. 151 p.
MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. **Revista Árvore**, v. 27, n. 3, p. 327-333, 2003.

MELETTI, L. M. M.; SANTOS, R. R. dos; MINAMI, K. Melhoramento do maracujazeiro-amarelo: obtenção do composto IAC-27. **Scientia Agricola**, v. 56, p. 491-498, 2000.

MORAES, M. C. de; GERALDI, I. O.; MATTA, F. de 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**, Dordrecht, v. 40, n. 7, p. 1978-1981, Dec. 2005.

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**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

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**, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, nov. 2008.

PANDEY, R. M. Genetic associations in *Amaranthus*. **Indian J. Genet. & Plant Breed.**, New Delhi, v. 41, n. 1, p. 78-83, 1981.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. **Melhoramento do milho**. In: Borém, A. (Organizador) Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: Editora UFV, 1999. 429-485.

PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia reml/blup no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agrária**, v. 10, p. 31-36, 2009.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 49, p. 803-804, 1969.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia : Editora da UFG, 1993. 271 p.

SIQUEIRA, W. J. V.; ILLG, R. D.; FORNASIER, J. B.; GRANJA, N. P.; LISBÃO, R. S.; SANTOS, R. R. dos. Correlações fenotípica, genética aditiva e ambiental em cenoura. **Bragantia**, v. 52, n. 1, p. 17-26, 1993.

SILVA, M. G. M.; VIANA, A. P.; GONCALVES, G. M.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: Alternativa de capitalização de ganhos genéticos. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 33, p. 170-176, 2009.

SMITH, H. F. **A discriminant function for plant selection**. *Annals of Eugenics*, v. 7, p. 240-250, 1936.

SOARES, E. B.; GOMES, R. L. F.; CAMPELO, J. E. G.; LOPES, A. C. de A.; MATOS FILHO, C. H. A. Repetibilidade e correlações entre caracteres morfo-

agronômicos de cajazeira. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, n. 6, p. 1851-1857, Dez. 2008.

TARDEN, F. D.; PEREIRA, M. G.; GABRIEL, A. P. C.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; SOUZA FILHO, G. A. de. Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 225-233, 2007.

VASCONCELOS, E. S.; REIS, M. S.; SEDYIAMA, T.; CRUZ, C. D. Análise não-paramétrica da sanidade de sementes e índices de eliminação e classificação de genótipos de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 3, p. 341-348, Mar. 2008.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Simple and canonic correlation between agronomical and fruit quality traits in yellow passion fruit (*Passiflora edulis f. flavicarpa*) populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 3, n. 2, p. 133-140, 2003.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: Walter de Gruyter, 1986. 406p.

6. NÚMERO MÍNIMO DE PROGÊNIES NECESSÁRIAS PARA REPRESENTAR UMA POPULAÇÃO DE MARACUJAZEIRO AMARELO NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS

RESUMO

Na avaliação de progênies é indispensável que estas sejam analisadas com a máxima precisão possível, para que forneçam estimativas confiáveis e representem adequadamente a população estudada. No entanto, os recursos são diretamente proporcionais ao número de progênies avaliadas e ao longo da consecução de um programa de melhoramento, estes quase sempre sofrem sérias restrições. Nesse contexto, o objetivo neste trabalho foi avaliar o número adequado de progênies de irmãos completos para representar uma população de maracujazeiro amarelo sob seleção para várias características, por meio de métodos de simulação de amostras. A primeira rodada das análises iniciou-se com amostras de 10 progênies, com incremento de uma progênie em cada rodada até atingir o total de 144 progênies. Em cada tamanho de amostras fizeram-se 20 rodadas de análises de forma aleatória e com reposição de dados. Para estabelecer o tamanho ótimo de progênies, considerou-se como sendo aquele em que as estimativas dos parâmetros (média, variância genética e coeficiente de variação experimental) de todas as réplicas das amostras, estivessem dentro de determinados limites, estabelecidos visualmente ou baseados em estatística apropriada. Em todas as situações a preferência na

escolha do número adequado de progênies se deu pela análise visual do gráfico. O limite mínimo não significativo também poderia ser utilizado, já que é um valor que não difere estatisticamente do valor obtido com todas as 144 progênies. Porém, na maioria das características avaliadas, este número esteve afastado do início da estabilização das estimativas dos parâmetros, sendo não indicada a sua utilização. Considerando número de frutos e produção total como sendo as características mais importantes avaliadas e que a variância genética e o coeficiente de variação são parâmetros indispensáveis ao processo de melhoramento, 137 foi o número considerado mínimo e adequado para representar a população em estudo.

MINIMUM NUMBER OF PROGENIES NECESSARY TO REPRESENT A YELLOW PASSION FRUIT POPULATION IN THE ESTIMATIONS OF GENETIC AND ENVIRONMENTAL PARAMETERS

ABSTRACT

In the evaluation of progenies is essential that these are analyzed with the maximum precision, for that they offer reliable estimates and represent the population studied appropriately. However, the resources are directly proportional to the progenies number evaluated and along of the conduction of a breeding program, these nearly always suffer serious restrictions. The objective of this work was to evaluate the appropriate number of full sibs progenies to represent a yellow passion fruit population under selection for several characteristics. The analyses were done through methods of simulation of samples. The first analyses round began with samples of 10 progenies, with increment of a progeny in each round until 144 progenies. In each size of samples were made 20 rounds of analyses of random way and with replacement of data. To found the great size of progenies, was considered as being that which the estimates of the parameters (average, genetic variance and coefficient of variation) of all the samples were inside certain

limits, established visually or based on appropriate statistics. In all the situations the preference in the choice of the appropriate number of progenies was given for the visual analysis of the graph. The not significant minimum limit could be also used, since it is a value that doesn't differ statistically of the value obtained with all the 144 progenies. However, in most of the traits evaluated, this number was moved away of the beginning of the estimates stabilization, being not indicated its use. Considering number of fruits and total production as the most important traits and that the genetic variance and the coefficient of variation are indispensable parameters to the improvement process, 137 were the number considered minimum and appropriate to represent the population in study.

INTRODUÇÃO

Em programas de melhoramento, é comum a utilização de testes de progênies para a avaliação de parâmetros genéticos e a identificação de indivíduos superiores para serem recombinados e, com isso, obter populações melhoradas. Vários são os tipos de progênies que podem ser utilizadas na seleção, sendo que o uso de um tipo ou outro vai depender de vários fatores, entre eles, a facilidade de obtenção. Um tipo bastante utilizado no melhoramento vegetal e aplicável no maracujazeiro amarelo são as progênies de irmãos completos.

Em qualquer situação, na avaliação das progênies envolvidas no melhoramento genético é indispensável que estas sejam analisadas com a máxima exatidão e precisão possível, para que forneçam estimativas confiáveis e representem adequadamente a população estudada, fornecendo inferências válidas, já que as progênies representam amostras da população. Granate *et al.* (2001) descreveram que a exatidão será maior quanto mais elevado for o número de famílias, sendo a precisão aumentada com o número de repetições utilizadas. No entanto, recursos financeiros e humanos são diretamente proporcionais ao aumento do número de famílias e que ao longo da consecução de um programa de melhoramento, estes recursos quase sempre sofrem sérias restrições. Assim, é de grande valia a determinação de um número mínimo de progênies a serem

avaliadas e que representem forma fidedigna as características genéticas da população sob seleção.

O tamanho mínimo de uma amostra foi definido por Wu *et al.* (1978) como sendo o número mínimo de indivíduos necessários para estimar com aceitável precisão a média e a variância de uma característica na população. Se um número menor de progênies ou indivíduos representarem adequadamente uma população, então será permitido avaliar maior quantidade de populações simultaneamente, ou apenas uma e com menores gastos (GONÇALVES, 2005, CRUZ, 2006). Evidentemente a chance de se encontrar um indivíduo que reúna vários atributos desejados pelo melhorista é muito maior quando se avalia um maior número de progênies.

Wu *et al.* (1978) concluíram que 40 indivíduos foram necessários para se estimar a média e a variância para as quatro características que são componentes da produção em cana-de-açúcar. Granate *et al.* (2001) estudaram o número mínimo de famílias de meio-irmãos que representavam a população de milho-pipoca CMS 43. Utilizando técnica de simulação, onde a determinação do número mínimo de famílias foi feita pela análise visual dos gráficos da estabilização da média e da variância genética de amostras, foi recomendado que 141 famílias eram suficientes para representar a população em estudo, por ser o valor a partir do qual os dois parâmetros genéticos se apresentam estabilizados, quanto à característica de maior importância, capacidade de expansão.

No trabalho de Gonçalves (2005) foram avaliadas 113 famílias de irmãos completos de maracujazeiro amarelo para seis características agrônômicas. Como resultado, o autor recomendou como sendo 98 o número mínimo de famílias necessárias para representar a população com adequada precisão. Este valor foi encontrado para a característica de maior expressão na produtividade, número médio de frutos, utilizando a média da variância genética como parâmetro.

Vieira *et al.* (2006) indicaram que o número mínimo de famílias varia com o caráter em avaliação e o parâmetro de interesse. Os autores avaliaram uma população de 69 famílias de meio-irmãos de cenoura e indicaram também, pela análise visual, como sendo 67 o número mínimo de famílias adequado para representar a população sob seleção.

Em vários trabalhos de melhoramento genético constata-se ausência de uma metodologia que define o número mínimo de famílias/progênes a serem utilizadas no melhoramento vegetal. Nesse contexto, o objetivo neste trabalho foi avaliar o número adequado de progênes de irmãos completos para representar uma população maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* Sims) submetida à seleção para múltiplas características, através de métodos de simulação.

MATERIAL E MÉTODOS

Para esta análise utilizou-se uma população de maracujazeiro amarelo, sendo composta por progênes de irmãos completos (PIC) e pertencentes ao segundo ciclo de seleção recorrente. Estas progênes foram obtidas de cruzamentos dirigidos da população melhorada UENF-MA₁ (SILVA *et al.*, 2009).

O experimento foi instalado em outubro de 2007, na Escola Agrícola Antônio Sarlo, localizada no município de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, com latitude sul de 21° 45', longitude 41° 20' W e 11 m de altitude.

O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com duas repetições e 144 tratamentos (progênes de irmãos completos). A parcela experimental foi constituída por três plantas. O sistema de condução utilizado foi o de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 metros de altura, espaçados a 4 metros e com um fio de arame número 12 a 1,80 metros do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 metros. Os tratos culturais foram os recomendados para a cultura do maracujazeiro (Manica, 1981).

As características avaliadas foram:

- Número de dias para o florescimento (DF): a avaliação do número de dias para o florescimento (precocidade) das progênes foi feita por meio da contagem do número de dias transcorridos desde o plantio em campo até o aparecimento da primeira flor na parcela.

- Peso dos frutos em gramas (PF): foram pesados, por meio de balança digital, frutos maduros provenientes de amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo.
- Comprimento dos frutos em mm (CF): foram coletadas amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo. Em seguida, foi obtida a média aritmética das dimensões longitudinais dos frutos, com utilização de paquímetro digital.
- Largura dos frutos em mm (LF): Foram coletadas amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo. Em seguida, foi obtida a média aritmética das dimensões transversais dos frutos, com utilização de paquímetro digital.
- Espessura de casca em mm (EC): A espessura média de casca foi determinada por meio da média aritmética das medidas de quatro pontos da casca externa na porção mediana dos frutos (cortados transversalmente, no sentido de maior diâmetro), com utilização de paquímetro digital, utilizando amostras de quinze frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo.
- Teor de sólidos solúveis totais (SS): obtido por refratometria, utilizando-se refratômetro digital portátil ATAGO N1, com leitura na faixa de 0 a 32º graus de brix. As leituras foram feitas em alíquotas de suco da polpa em amostras variando de dois a quatro frutos por parcelas em três coletas ao longo do ciclo produtivo.
- Coloração da polpa (CP): obtida pela avaliação visual da coloração da polpa dos frutos, por meio de uma escala de notas para classificação de cores (Quadro 4.1).
- Porcentagem de polpa (PP): foram analisadas amostras de cinco frutos por parcela. Após a obtenção da pesagem da polpa (sementes com arilo), este valor foi dividido pelo peso total dos frutos e multiplicado por 100.

- Número total de frutos (NF): foram realizadas colheitas semanais e, ao final do período de avaliação (cerca de 8 meses), o número de frutos por parcela foram somados.
- Produção total em ton/ha (PT): foram realizadas colheitas semanais e, ao final do período de avaliação (cerca de 8 meses), os pesos dos frutos por parcela foram somados e transformados por toneladas por hectare.
- Peso médio de frutos em gramas (PMF): obtida pela relação entre o peso e o número total de frutos por parcela mensurados semanalmente ao longo do período de avaliação (cerca de oito meses).

Na determinação do número mínimo de progênies de irmãos completos que representem a população em estudo, foi utilizado o método de simulação de amostras, conforme Cruz (2006). A análise foi feita com amostras de um tamanho inicial (n_i) até um tamanho final (n_f), com incremento (Δ). A primeira rodada iniciou-se com amostras de 10 progênies, sendo o incremento no tamanho das amostras, de uma rodada para a outra, foi o menor possível, ou seja, de uma progênie, sendo este número aumentado sucessivamente até atingir o total das 144 progênies. Em cada tamanho de amostras fizeram-se 20 rodadas ($r = 20$) de forma aleatória e com reposição de dados, então, amostras diferentes, de tamanho igual ou diferente, podem apresentar progênies em comum.

Assim, para a população em estudo, avaliou-se a possibilidade de se ter 20 ($r = 20$) rodadas de amostras de tamanho 10, 11, 12... 144 progênies ($n_i = 10$, $n_f = 143$ e $\Delta = 1$), de forma que foram realizadas 2680 análises de variância dos dados para cada característica avaliada. Para cada amostra foi feita a análise de variância seguindo o modelo em blocos ao acaso ($Y = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$) e estimados os parâmetros genéticos, obtendo-se, em seguida, a média para as amostras de mesmo tamanho.

Foram utilizados como parâmetros para a determinação do número mínimo de progênies, a média, a variância genética e o coeficiente de variação experimental, porque são estimativas que expressam bem as características genéticas e ambientais de uma população. Para isto, foram representados graficamente no eixo das ordenadas (Y), os valores originais de cada parâmetro estimado, e, no eixo das abscissas (X), o número de progênies avaliadas.

Para estabelecer o tamanho ótimo de progênies, considerou-se como sendo aquele em que as estimativas dos parâmetros, de todas as réplicas das amostras, estejam dentro de determinados limites. Esse limite foi estabelecido de forma subjetiva e também baseado em estatística apropriada. A forma subjetiva foi feita visualmente, tomando-se o ponto a partir do qual a estimativa dos parâmetros tornava-se estável. Estatisticamente, determinaram-se os limites inferiores e superiores da média mínima não significativa (LMNS), que não diferiram estatisticamente do valor referencial (média obtida com todas as progênies utilizadas no ensaio - $\hat{\mu}$), ao nível de 5% de probabilidade. Para isso, utiliza-se a estatística “t” (Cruz, 2006), com os limites definidos por:

$$\text{Limite inferior: } LI = \hat{\mu} - t_{\alpha, gl} \hat{\sigma}$$

$$\text{Limite superior: } LS = \hat{\mu} + t_{\alpha, gl} \hat{\sigma} \text{ , onde:}$$

- $\hat{\mu}$ = valor obtido do parâmetro estudado, com a utilização de todas as g progênies do experimento original;
- $\hat{\sigma}$ = desvio-padrão das estimativas médias do parâmetro considerando todos os tamanhos de amostras estudados;
- gl = graus de liberdade dado por k-1, sendo k o número de amostras estudadas;
- $t_{\alpha, gl}$ = valor da estatística t associado a gl graus de liberdade e ao nível de significância α .

Para realizar todas as simulações foi utilizado o aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2006).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Encontra-se na Figura 6.1 as médias das amostras referentes à característica número de frutos (NF) para os diversos tamanhos de progênies simulados. Pela análise dos limites mínimos não significativos (LMNS), observa-se que 11 pontos encontram-se fora desses limites.

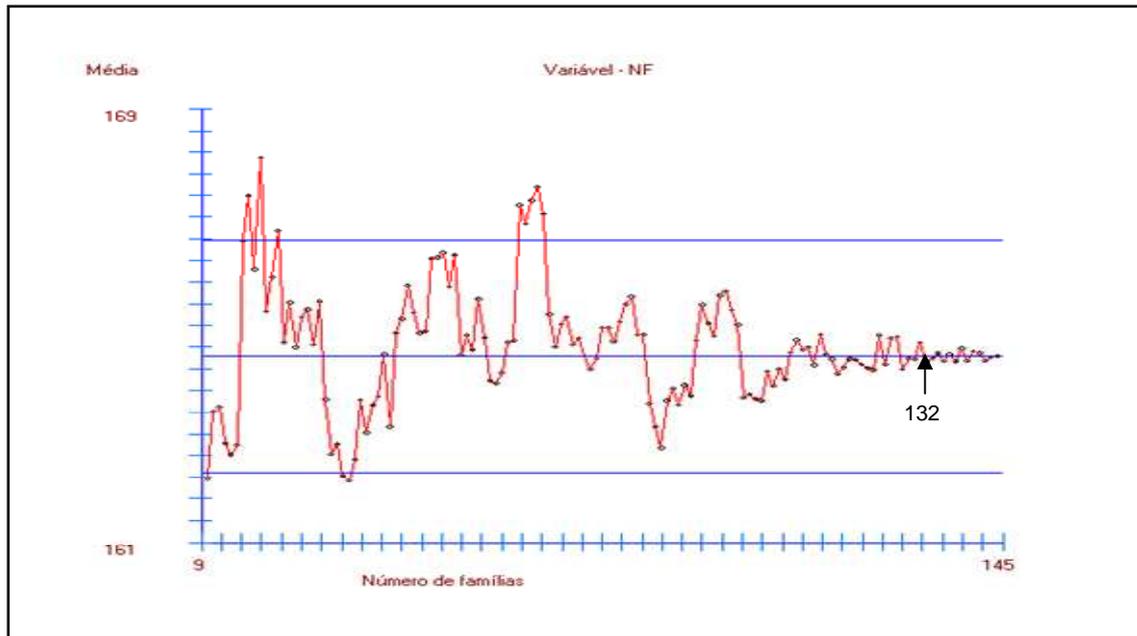


Figura 6.1 - Médias da característica número de frutos (NF) em amostras de tamanho variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos. Cada círculo representa a média de 20 amostras de tamanho igual, iniciando-se o processo de simulação com 10 progênies. A reta intermediária representa a média obtida em relação às 144 progênies simuladas ($\mu = 164,4271$); a reta superior representa o limite superior da média não significativa (LS = 166,573) e a reta inferior representa o limite inferior da média mínima não significativa (LI = 162,2812).

Após o último ponto fora desse limite, o primeiro tamanho de amostra que fica entre os dois LMNS tem 68 progênies. Considerando a análise gráfica, nota-se que a estabilização das estimativas parece iniciar a partir de amostras cujo tamanho é de 132 progênies.

Na Figura 6.2 encontram-se as médias das variâncias genéticas para NF para os diversos tamanhos de progênies simulados. Nota-se que 14 pontos estão fora dos LMNS, sendo que o primeiro ponto após esses 14 corresponde a amostra de tamanho de 85 progênies. Pela análise gráfica, nota-se que a estabilização das estimativas parece iniciar a partir de amostras cujo tamanho é de 137 progênies.

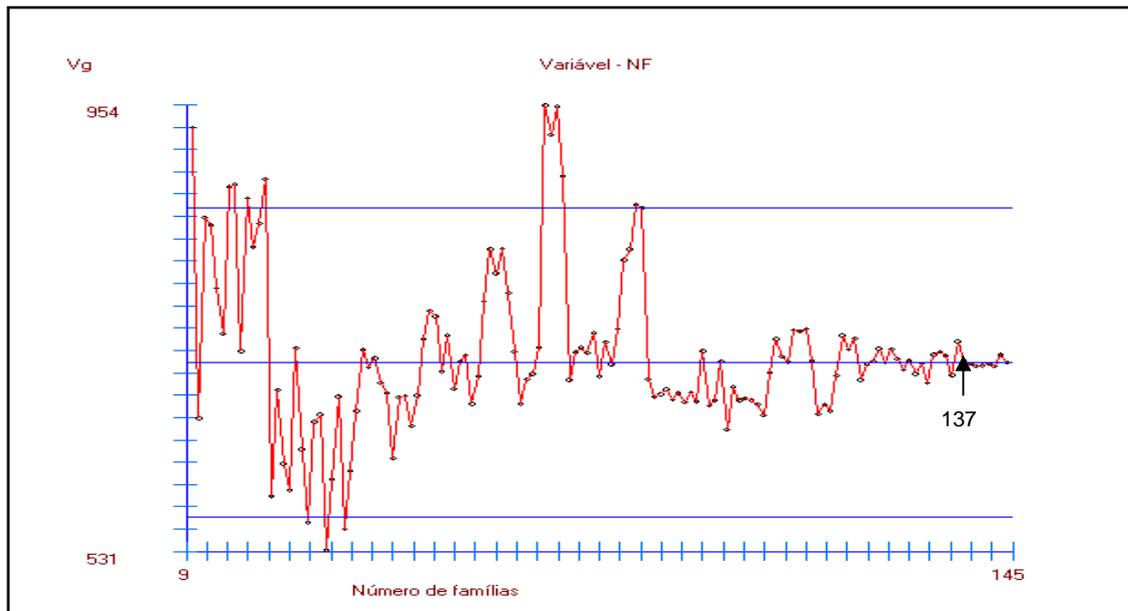


Figura 6.2 - Variância genética média da característica número de frutos (NF) em amostras de tamanho variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos. Cada círculo representa a média de 20 amostras de tamanho igual, iniciando-se o processo de simulação com 10 progênies. A reta intermediária representa a média obtida em relação às 144 progênies simuladas ($\mu = 709,7212$); a reta superior representa o limite superior da média não significativa (LS = 855,9313) e a reta inferior representa o limite inferior da média mínima não significativa (LI = 563,5111).

Considerando-se ainda a mesma característica, NF, a Figura 6.3 contém as médias dos coeficientes de variação experimental para os diversos tamanhos de progênies simulados. Pelo gráfico, percebe-se que 11 pontos estão fora dos LMNS. Após o último ponto fora desse limite, o primeiro tamanho de amostra que fica entre os dois LMNS tem 72 progênies. Considerando a análise gráfica, nota-se que a estabilização das estimativas parece iniciar a partir de amostras cujo tamanho é de 116 progênies.

Assim sendo, para a característica NF, este método de simulação de amostras permitiu a obtenção dos tamanhos de progênies 68, 85 e 72, utilizando o limite mínimo não significativo e 132, 137 e 116, utilizando a análise visual do gráfico. Considerando que um número maior de progênies confere estimativas mais confiáveis, optou-se por considerar o tamanho mínimo de 137 progênies de irmãos completos para a característica NF para representar a população. Gonçalves (2005) da mesma forma considerou como sendo o tamanho adequado o valor obtido considerando um maior de tamanho de progênie. No seu trabalho ele considerou como sendo 98 o número adequado para representar a população para a característica em apreço.

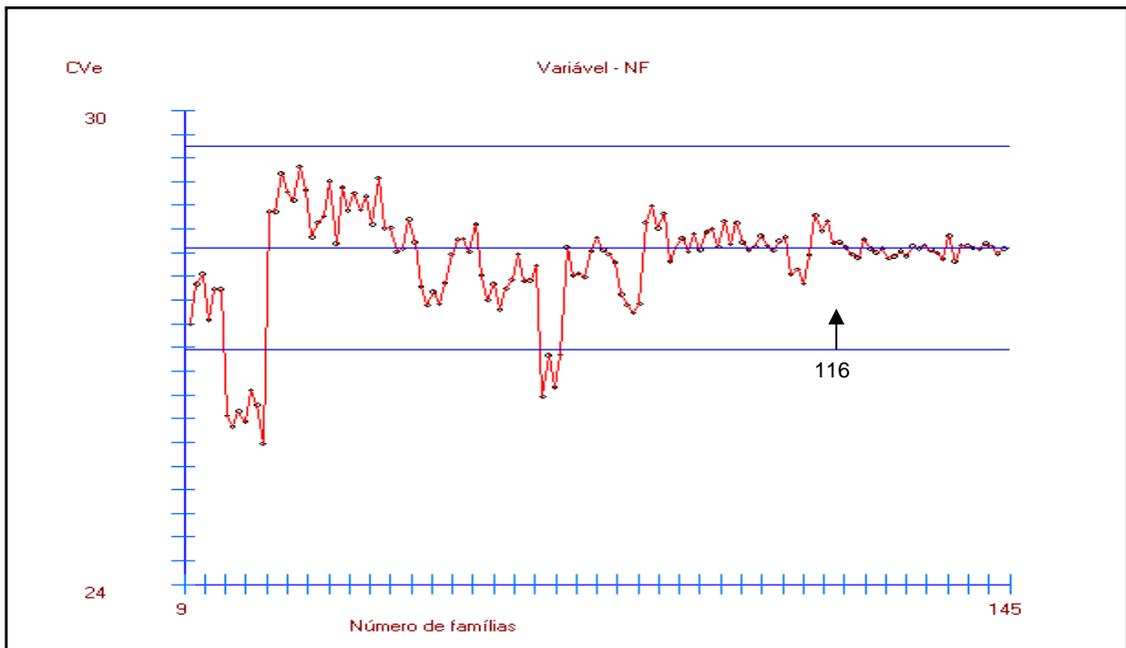


Figura 6.3 - Coeficiente de variação experimental médio da característica número de frutos (NF) em amostras variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos. Cada círculo representa a média de 20 amostras de tamanho igual, iniciando-se o processo de simulação com 10 progênies. A reta intermediária representa a média obtida em relação às 144 progênies simuladas ($\mu = 28,2561$); a reta superior representa o limite superior da média não significativa (LS = 29,5461) e a reta inferior representa o limite inferior da média mínima não significativa (LI = 26,9661).

A Figura 6.4 contém as médias das amostras referentes à característica produção total (PT) para os diversos tamanhos de progênies simulados. Pela análise dos limites mínimos não significativos (LMNS), observa-se que seis pontos encontram-se fora desses limites. Após o último ponto fora desse limite, o primeiro tamanho de amostra que fica entre os dois LMNS tem 87 progênies. Considerando a análise gráfica, nota-se que visualmente a estabilização das estimativas parece iniciar a partir de amostras cujo tamanho é de 127 progênies.

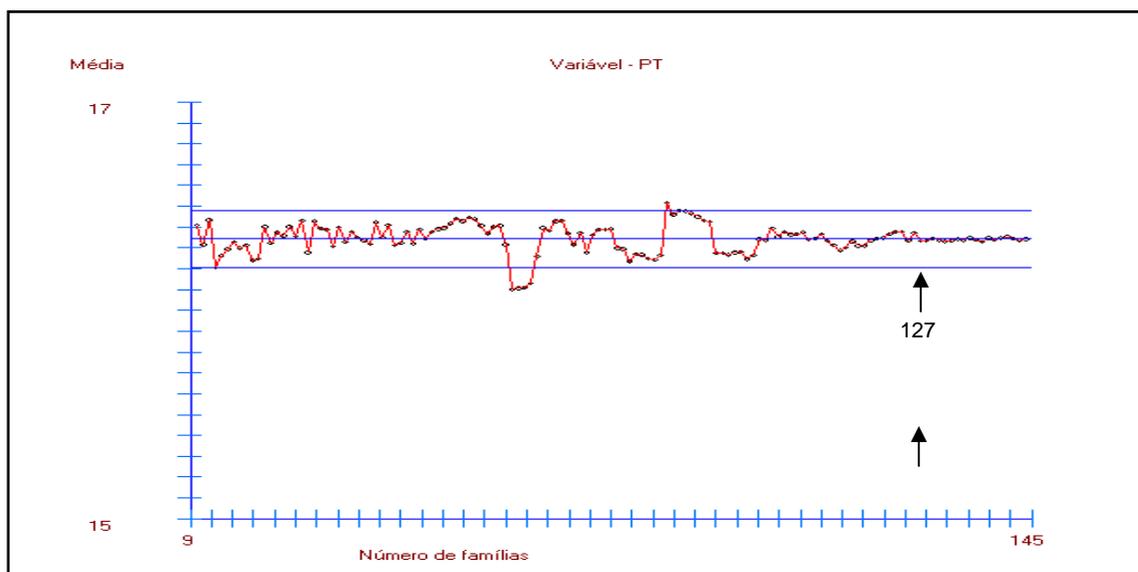


Figura 6.4 - Médias da característica produção total (PT) em amostras de tamanho variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos. Cada círculo representa a média de 20 amostras de tamanho igual, iniciando-se o processo de simulação com 10 progênies. A reta intermediária representa a média obtida em relação às 144 progênies simuladas ($\mu = 16,3429$); a reta superior representa o limite superior da média não significativa (LS = 16,4808) e a reta inferior representa o limite inferior da média mínima não significativa (LI = 16,205).

A Figura 6.5 contém as médias das variâncias genéticas para PT para os diversos tamanhos de progênies simulados. Nota-se que 11 pontos estão fora dos LMNS, sendo que o primeiro ponto após esses 11 corresponde a amostra de tamanho de 59 progênies. Visualmente, pela análise gráfica, percebe-se grande oscilação entre os pontos apresentados após a amostra de tamanho 59, com isso, a estabilização das estimativas parece começar somente a partir de amostras de tamanho 137.

Ainda considerando-se a característica PT, a Figura 6.6 mostra as médias dos coeficientes de variação experimental para os diversos tamanhos de progênies simulados. Pelo gráfico, percebe-se que 12 pontos estão fora dos LMNS. Após o último ponto fora desse limite, o primeiro tamanho de amostra que fica entre os dois LMNS tem 65 progênies. Considerando a análise gráfica, nota-se que a estabilização das estimativas parece iniciar a partir de amostras cujo tamanho é de 137 progênies.

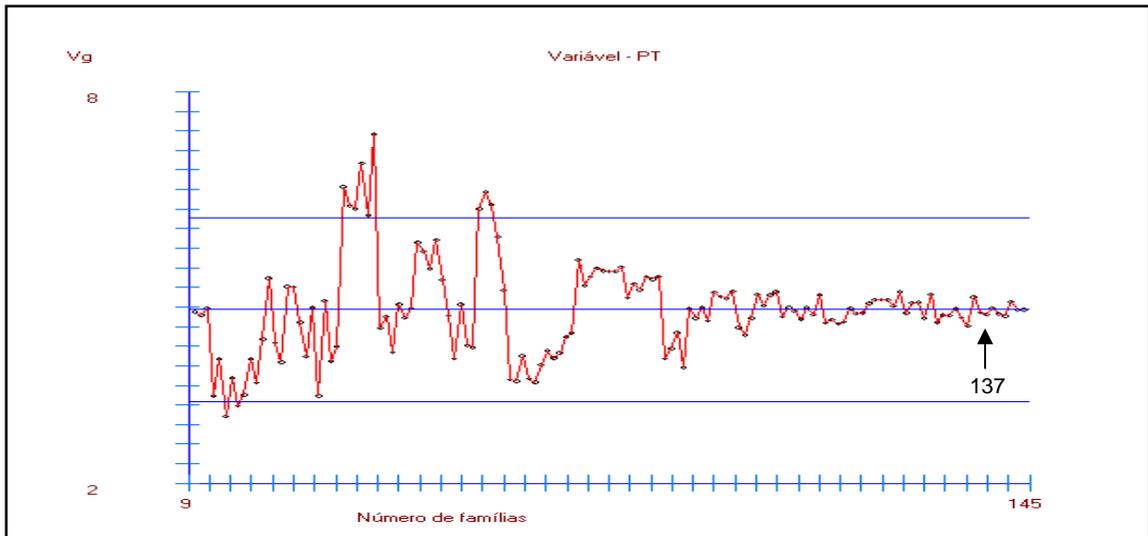


Figura 6.5 - Variância genética média da característica produção total (PT) em amostras de tamanho variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos. Cada círculo representa a média de 20 amostras de tamanho igual, iniciando-se o processo de simulação com 10 progênies. A reta intermediária representa a média obtida em relação às 144 progênies simuladas ($\mu = 4,663$); a reta superior representa o limite superior da média não significativa ($LS = 6,0694$) e a reta inferior representa o limite inferior da média mínima não significativa ($LI = 3,2566$).

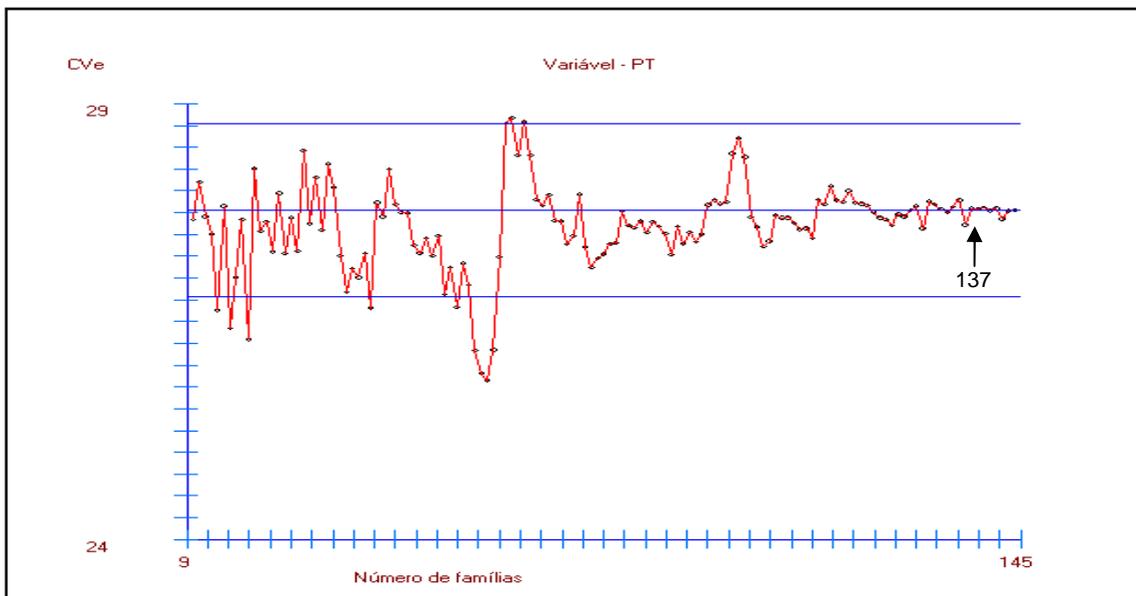


Figura 6.6 - Coeficiente de variação experimental médio da característica produção total (PT) em amostras variando de 10 a 144 progênies de irmãos completos. Cada círculo representa a média de 20 amostras de tamanho igual, iniciando-se o processo de simulação com 10 progênies. A reta intermediária representa a média obtida em relação às 144 progênies simuladas ($\mu = 27,7798$); a reta superior representa o limite superior da média não significativa ($LS = 28,7723$) e a reta inferior representa o limite inferior da média mínima não significativa ($LI = 26,7873$).

Assim sendo, para a característica PT, foram obtidos 87, 59, 65, 127, 137 e 137 progênies para representar a população. Assim como para NF, consideraram-se como tamanho mínimo para representar a população em estudo, 137 progênies.

Estes procedimentos foram repetidos para todas as outras características, exceto CP, onde a fonte de variação relativa a progênies foi não significativa pelo teste F. Em todas as situações, a preferência na escolha do número adequado se deu pela análise visual do gráfico. Vale destacar que a determinação visual do ponto de estabilização das médias dos parâmetros é uma avaliação subjetiva e, como tal, pode estar sujeita a erros de determinação pelo avaliador (GRANATE *et al.*, 2001).

Verifica-se que os números mínimos de progênies obtidas pelo método dos limites mínimos não significativos, considerando os três parâmetros genéticos e ambientais utilizados (\bar{X} , σ_G^2 e CV), variaram de 36 a 95, com média de 69,33. Já pelo método da análise visual da estabilização, essa variação foi de 72 a 137, com média de 109,23 (Quadro 6.1).

Quadro 6.1 - Valores estimados do número mínimo de progênies de irmãos completos adequados para representar a população em estudo, baseado nas análises gráficas (AG) e nos limites mínimos não significativos (LMNS)

Características ⁽¹⁾	\bar{X} ⁽²⁾		σ_G^2		CV	
	LMNS	AG	LMNS	AG	LMNS	AG
DF	72	126	67	131	67	83
PF	73	99	73	125	36	91
CF	95	97	74	114	55	88
LF	74	91	94	121	65	85
EC	61	89	50	75	47	113
SS	86	86	72	72	73	109
PP	77	101	62	130	47	126
NF	68	132	85	137	72	116
PT	87	127	59	137	65	137
PMF	70	98	72	119	82	122

⁽¹⁾ DF = número de dias para o florescimento, PF = peso de fruto, CF = comprimento de fruto, LF = largura de fruto, NF = número total de frutos, PT = produção total em ton/ha, PMF = peso médio de fruto, EC = espessura de casca, SS = teor de sólidos solúveis totais, PP = peso da polpa. ⁽²⁾ \bar{X} = média, σ_G^2 = variância genética, CV = coeficiente de variação experimental.

A característica SS foi a única onde os valores de progênies para representar a população pelo método dos LMNS e pela análise gráfica foram iguais. Isto pode ter ocorrido pela baixa amplitude de seus valores de limite (LI = 12,1568 e 0,2452; LS = 12,221 e 0,3320, para a média e variância genética, respectivamente), fazendo com que o diagnóstico da estabilização gráfica ocorresse a um valor mais baixo. Uma mesma tendência ocorreu para CF, onde os valores baseados no LMNS e na análise visual foram bem próximos, sendo considerado 95 e 97 o número de progênies para representar a população considerando como parâmetro a média (Quadro 6.1).

Em todos os gráficos apresentados, o primeiro círculo que fica entre os LMNS, imediatamente após o último, que fica além desses limites, poderia ter sido utilizado para indicar o número mínimo de progênies para representar a população, já que é um valor que não difere estatisticamente do valor obtido com todas as 144 progênies. Porém, não se considerou indicada a sua utilização, pois na maioria das características avaliadas este número esteve relativamente afastado do início da estabilização das estimativas dos parâmetros. A estabilização indica que as estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais não se alteram com o aumento do número de progênies nas amostras. Assim, a utilização dos valores obtidos pelos LMNS constitui um critério auxiliar que o melhorista poderá utilizar.

Desse modo, considerando que as características mais importantes para o melhoramento são NF e PT e que a variância genética e o coeficiente de variação são parâmetros indispensáveis ao processo de melhoramento, 137 foi o número considerado mínimo e adequado para representar a população em estudo, pois permitiu a estimação destes parâmetros de forma estável e com precisão adequada.

CONCLUSÕES

O número mínimo de progênies para representar a população variou de acordo com as características avaliadas e o parâmetro utilizado;

Em todas as situações a preferência na escolha do número adequado de progênies se deu pela análise visual do gráfico;

O número mínimo de progênies baseado nos limites mínimos não significativos estiveram afastados do início da estabilização das estimativas dos parâmetros;

Considerando número de frutos e produção total, 137 foi o número considerado mínimo e adequado para representar a população em estudo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CRUZ, C. D. **Programa genes: Análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, 2006. v. 1, 175 p.

GONÇALVES, G. M. **Estimativas de parâmetros genéticos em características produtivas de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*), baseado no delineamento I**. 2005. 87 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2005.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D., PACHECO, C. A. P. Número mínimo de famílias de meios-irmãos para representar uma população de milho-pipoca. **Revista Ceres**, 48 (276): 209-221, 2001.

LINHALES, H. **Seleção em famílias de irmãos completos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.) no segundo ano de produção**. 2007. 72 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

MANICA, I. **Fruticultura: 1. Maracujá**. São Paulo: Editora Ceres, 1981. 151 p.

SILVA, M. G. M.; VIANA, A. P.; GONCALVES, G. M.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: Alternativa de capitalização de ganhos genéticos. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 33, p. 170-176, 2009.

WU, K. W.; HEINZ, D. J.; MEYER, H. K.; LADD, S. L. Minimum sample size for estimating progeny mean and variance. **Crop Science**, v. 18, p. 57-62, 1978.

VIEIRA, J. V.; NASCIMENTO, W. M.; SILVA, J. B. C. Número mínimo de famílias de meios-irmãos para avaliação de uma população de cenoura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.2, p.365-367, fev. 2006.

7. RESUMO E CONCLUSÕES

Com o objetivo principal de dar prosseguimento ao programa de melhoramento genético de maracujazeiro amarelo da UENF, foi implementado o segundo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional. Para tanto, duas das três fases da seleção recorrente foram avaliadas. Num primeiro momento, avaliou-se a população melhorada composta por 26 progênies de meio-irmãos em delineamento em blocos casualizados com duas repetições e parcelas compostas por cinco plantas. Com base na avaliação prévia destas 26 progênies de meio-irmãos, foram obtidas 140 progênies de irmãos completos por cruzamentos dirigidos entre as 18 progênies de meio-irmãos superiores. Estas progênies obtidas para a fase de teste foram avaliadas em delineamento látice quadrado simples e parcela experimental composta por três plantas. A análise de variância permitiu verificar que dez das onze características avaliadas apresentaram efeito significativo da fonte de variação progênies a nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, denotando existência de variabilidade genética a ser explorada nos próximos ciclos, possibilitando progressos com a seleção. As estimativas de herdabilidade com base na média das progênies variaram de 19,54% a 71,38%. Constatou-se que dos 55 pares de características avaliadas, 45 expressaram correlações genotípicas maiores que as fenotípicas, indicando que os componentes genéticos têm maior influência na determinação das correlações que os de ambiente. Além disso, a média geral da população foi maior para a maioria das características avaliadas em relação à média geral das testemunhas. As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, bem como as altas médias

expressadas, mostraram que a população sob questão possui grande potencial em gerar indivíduos superiores via seleção. Para selecionar as 40 progênes superiores a serem recombinadas para formação da nova população melhorada, foram analisadas várias alternativas de seleção, dentro delas, a opção que permitiu os maiores e mais bem distribuídos ganhos genéticos foi a seleção baseada no índice da soma de *ranks*. Além disso, foi estimado o número mínimo de progênes de irmãos completos para representar a população em questão. Assim, por meio de simulação, ficou estabelecido que 137 fosse o número mínimo e adequado.

De forma sucinta, as conclusões deste trabalho foram:

- a) A estratégia de seleção na fase de geração de progênes permitiu a obtenção de ganhos genéticos;
- b) As estimativas dos parâmetros genéticos e correlações, bem como os ganhos genéticos observados, possibilitaram a seleção de progênes superiores de maracujazeiro na fase de obtenção das progênes;
- c) Houve variabilidade genética disponível para ser explorada nos próximos ciclos de seleção;
- d) As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos na fase de teste revelaram a possibilidade de sucesso com a seleção de progênes superiores de maracujazeiro amarelo;
- e) As correlações genotípicas apresentaram valores de maior magnitude em relação às fenotípicas;
- f) Correlações genéticas desejáveis e indesejáveis foram observadas entre pares de características avaliadas;
- g) Os índices multivariados não paramétricos com pesos aleatórios atribuídos por tentativas permitiram ganhos superiores e melhores distribuídos entre as características do que os índices paramétricos;
- h) Foi possível selecionar 40 progênes superiores de maracujazeiro amarelo para a maioria das características, simultaneamente;
- i) O número mínimo de progênes para representar a população variou de acordo com as características avaliadas e o parâmetro utilizado;

- j) Em todas as situações a preferência na escolha do número adequado de progênies se deu pela análise visual do gráfico;
- k) Considerando número de frutos e produção total, 137 foi o número considerado mínimo e adequado para representar a população de maracujazeiro amarelo em estudo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, A. S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; CASALI, V. W. D.; ARAÚJO, R. C.; SOUZA, J. A. **Possibilidade de seleção indireta para peso do fruto e rendimento em polpa em maracujá (*Passiflora edulis* Sims.)**. In: XVII Congresso Brasileiro de Fruticultura, 2002, Belém. Anais do XVII Congresso Brasileiro de Fruticultura, 2002.
- ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 2. ed. New York: John Wiley & Sons, 1999. 254p.
- AMARAL JÚNIOR, A. T. do; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D.; SILVA, D. J. H. da; SILVA, L. C. da. Estimativas de correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre sete caracteres morfoagronômicos em oito acessos de moranga. **Bragantia**, v. 53, n.2, p.163-166, 1994.
- ARAÚJO, E. C. de; DAHER, R. F.; SILVA, R. F. da; VIANA, A. P. Path analysis for physiological traits that influence seed germination of *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 148-154, 2007.
- BAKER, R. J. **Index Selection in plant breeding**. CRC Press, Boca Raton-Florida, 1986. 218p.
- BERNACCI, L. C.; SOARES-SCOTT, M. D.; JUNQUEIRA, N. T. V.; PASSOS, I. R. da S.; MELETTI, L. M. M. M. *Passiflora edulis* Sims: The correct taxonomic way to cite the yellow passion fruit (and of others colors). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 30, n. 2, p. 566-576, Junho 2008.

BEZERRA NETO, F. V.; LEAL, N. R.; COSTA, F. R.; GONÇALVES, G. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; VASCONCELLOS, H. O.; MELLO, M. Análise biométrica de linhagens de abóbora. **Horticultura Brasileira**, v. 24, n.3, p.378-380, set. 2006.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 2001. 500p

BOVI, M. L. A.; GODOY JÚNIOR, G.; SPIERING, S. H.; CAMARGO, S. B. de. Correlações fenotípicas entre caracteres avaliados nos estádios juvenil e adulto de açaizeiros. **Bragantia**, v. 49, n. 2, p. 321-334, 1990.

BRUCKNER, C. H.; OTONI, W. C. **Hibridação em maracujá**. In: Borém, A. (Ed.) Hibridação artificial de plantas. Viçosa: UFV, 1999. p. 379-399.

BRUCKNER, C. H. **Perspectivas do melhoramento genético do maracujazeiro**. In: Manica, I. (ed) Maracujá: melhoramento, morte prematura, polinização, taxonomia. Porto Alegre: Cinco Continentes, 1997. p. 25-46.

BRUCKNER, C. H., CASALI, V. W. D., MORAES, C. F. de, REGAZZI, A.J., SILVA, E. A. M. da. Self-incompatibility in passion fruit (*Passiflora edulis* Sims). **Acta Horticulturae**, v. 370, p. 45-57, 1995.

BRUCKNER, C. H.; MELETTI, L. M. M.; OTONI, W. C.; ZERBINI JUNIOR, F. M. **Maracujazeiro**. In: BRUCKNER, C. H. Melhoramento de fruteiras tropicais. Viçosa: UFV, 2002. p.373-409.

CAMARGO, C. E. de O. Estimativas de herdabilidades e correlações entre produção de grãos e seus componentes para cruzamentos biparentais de trigo. **Scientia Agricola**, v. 55, n.1, p.111-118, janeiro 1998.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e Implicações da Correlação**. 1. ed. Pelotas: Editora e Gráfica UFPel, 2004, v. 1. 142 p.

CAVICHIOLO, J. C.; RUGGIERO, C.; VOLPE, C. A.; PAULO, E. M.; FAGUNDES, J. L.; KASAI, F. S. Florescimento e frutificação do maracujazeiro-amarelo submetido à iluminação artificial, irrigação e sombreamento. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 28 (1): 92-96, 2006.

CEPEDA, M. C., SOUZA JR., C. L.; PANDEY, S.; LEON, L. N. Efeitos gênicos e oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho SA3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1585-1593, 2000.

COELHO, A. D. F.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D.; ARAÚJO, G. A. de A.; FURTADO, M. R.; AMARAL, C. L. F. Herdabilidades e correlações da produção do feijão e dos seus componentes primários, nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. **Ciência Rural**, v. 32, n.2, p. 211-216, 2002.

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**, Washington, v. 4, p. 254-266, 1948.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1990.

CRUZ, C. D. **Programa genes: Análise multivariada e simulação**. 1.ed. Viçosa: UFV, 2006. v. 1, 175 p.

CRUZ, C. D. **Programa genes: biometria**. 1.ed. Viçosa: UFV, 2006. v. 1, 382 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. v.1. 480p.

CUNHA, M. A. P. **Criação e seleção de variedades de maracujazeiro**. In: **Reunião técnica de pesquisa em maracujazeiro**. Londrina: IAPAR-SBF, 2000. 97p.

CUNHA, M. A. P. Recursos genéticos e modificações em métodos de seleção para produtividade em maracujá. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 18, n. 3, p. 423-423, 1996.

- DANTAS, J. L. L.; SOARES FILHO, W. S.; OLIVEIRA, J. R. P.; CABRAL, J. R. S.; BARBOSA, L. V.; CUNHA, M. A. P.; RITZINGER, R.; SILVA, S. de O. **Melhoramento de fruteiras de clima tropical**. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Org.). Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, v.1, p. 479-547.
- DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; SANTOS, F. S.; GABRIEL, A. P. C.; SCAPIM, C. A.; FREITAS JÚNIOR, S. P; SILVÉRIO, L. Recurrent selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola.**, Piracicaba, v. 61, n. 6, p. 609-614, 2004.
- EBERHART, S. A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. **African soils**, v. 15, p. 669-680, 1970.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de M. A. SILVA e J. C. SILVA. Viçosa: UFV, Impr. Univ., 1981. 279 p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. London: Longman, 1996. 464p.
- FARIAS NETO, J. T. de; RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, M. do S. P. de; NOGUEIRA, O. L.; FALCÃO, P. N. B.; SANTOS, N. S. A. dos. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açaizeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 4, p.1051-1056, Dez 2008.
- FERREIRA, A.; CRUZ, C. D.; VASCONCELOS, E. S. de; NASCIMENTO, M.; RIBEIRO, M. F.; SILVA, M. F. Utilização de bootstrap não-paramétrico para avaliação de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. **Acta Sci. Agron.**, Maringá, v. 30, supl., p. 657-663, 2008.
- FERREIRA, F. M.; BARROS, W. S.; SILVA, F. L. da; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D.; BASTOS, I. T. Relações fenotípicas e genotípicas entre componentes de produção em cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 66, n. 4, p. 605-610, 2007.
- FERREIRA, F. R. **Germoplasma de maracujá**. In: Cunha, M. P. (ed.) Reunião Técnica: Pesquisa em Maracujazeiro no Brasil. Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMF, 1998. p. 48-53.

FREITAS JÚNIOR, S. de P. **Seleção Recorrente Entre Famílias de Irmãos-Completos de Geração Avançada da População UNB-2U de Milho Pipoca**. 2008. 96 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.

FREITAS JÚNIOR, S. de P.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; RANGEL, R. M.; VIANA, A. P. Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 1-7, 2009.

GANGA, R. M. D; RUGGIERO, C.; LEMOS, E. G. de M.; GRILI, G. V. G; GONÇALVES, M. M.; CHAGAS, E. A.; WICKERT, E. Diversidade Genética em maracujazeiro-amarelo utilizando marcadores moleculares fAFLP. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 26, n. 3, p. 494-498, Dez. 2004.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, v.58, p.253-267, 1999.

GONÇALVES, G. M. **Estimativas de parâmetros genéticos em características produtivas de maracujazeiro amarelo (Passiflora edulis f. flavicarpa), baseado no delineamento I**. 2005. 87 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2005.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; BARROS NETO, F. V.; PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T. N. S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 2, p. 235-240, fev. 2007.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; BEZERRA NETO, F. V.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Genetic parameter estimates in yellow passion fruit based on design I. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 52, p. 523-530, 2009.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; REIS, L. S.; BEZERRA NETO, F. V.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; REIS, L. S. Correlações fenotípicas e genético-aditivas em maracujá-amarelo pelo delineamento I. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, p. 1413-1418, 2008.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D., PACHECO, C. A. P. Número mínimo de famílias de meios-irmãos para representar uma população de milho-pipoca. **Revista Ceres**, 48(276):209-221, 2001.

HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A.; LAMKEY, K. R. **Corn Breeding**. In: Corn and Corn Improvement (Eds. G.F. Sprague e J.W. Dudley). ASA, CSSA e SSSA. 1988. 986 p.

HALLAUER, A. R. Compendium of recurrent selection methods and their application. **Review in Plant Science**, v. 3, p. 1-34, 1985.

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

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, p. 476-490, 1943.

HULL, F. H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. **Journal Am. Agron.**, Madison, 37:134–145, 1945.

IBGE (Rio de Janeiro, RJ). Lavouras permanentes. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em 03/05/2007.

IBGE (Rio de Janeiro, RJ). Quantidade produzida, valor da produção, área plantada e área colhida da lavoura permanente. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em 30/05/2009.

INSTITUTO CENTRO DE ENSINO TECNOLÓGICO (CENTEC). **Produtor de maracujá**. 2 ed. Fortaleza: Edições Demócrito Rocha. Ministério da Ciência e Tecnologia, 2004, 48 p. (Cadernos tecnológicos).

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**, Jaboticabal, v. 30, n. 1, p. 209-214, Março 2008.

LIMA NETO, F. P. **Efeito de uma geração adicional de recombinação sobre a resposta à seleção recorrente em milho**. 1998. 50 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1998.

LINHALES, H. **Seleção em famílias de irmãos completos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis Sims f. flavicarpa Deg.*) no segundo ano de produção**. 2007. 72 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

MALUF, W. R.; SILVA, J. R.; GRATTAPAGLIA, D.; TOMA-BRAGHINI, M.; CORTE, R. D.; MACHADO, M. A.; CALDAS, L. S. Genetic gains via clonal selection in passion fruit *Passiflora edulis* Sims. **Revista Brasileira de Genética**, São Paulo, v. 12, n. 4, p. 833-841, 1989.

MANICA, I. **Fruticultura: 1. Maracujá**. São Paulo: Editora Ceres, 1981. 151 p.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. **Revista Árvore**, v. 27, n. 3, p. 327-333, 2003.

MARTINS, M. R.; OLIVEIRA, J. C. de; DI MAURO, A. O.; SILVA, P. C. da. Avaliação de populações de maracujazeiro-doce (*Passiflora alata* Curtis) obtidas de polinização aberta. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.25, p.111-114, 2003.

MELETTI, L. M. M.; BRUCKNER, C. H. **Melhoramento genético**. In: BRUCKNER, C. H.; PIKANÇO, M. C. (Ed.). 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.; PASSOS, I. R. **Melhoramento Genético do Maracujá: passado e futuro**. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Org.) Maracujá: Germoplasma e Melhoramento Genético. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, v.1, p. 55-78, 2005a

MELETTI, L. M. M. **Comportamento de híbridos e seleções de maracujazeiro (Passifloraceae)** (compact disc). In: Simpósio brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro. Campos dos Goytacazes, 2003. Palestras. Campos dos Goytacazes: Cluster Informática, 2003.

MELETTI, L. M. M.; BERNACCI, L. C.; SOARES-SCOTT, M. D.; AZEVEDO FILHO, J. A. Variabilidade genética em caracteres morfológicos, agronômicos e citogenéticos de populações de maracujazeiro-doce. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, p. 275-278, 2003.

- MELETTI, L. M. M.; MAIA, M. L. **Maracujá: produção e comercialização**. Campinas: Instituto Agrônômico, 1999. 62 p. (Boletim Técnico, 181).
- MELETTI, L. M. M.; SANTOS, R. R. dos; MINAMI, K. Melhoramento do maracujazeiro-amarelo: obtenção do composto IAC-27. **Scientia Agricola**, v.56, p. 491-498, 2000.
- MELETTI, L. M. M.; SOARES-SCOTT, M. D.; BERNACCI, L. C. Caracterização de seleções de maracujazeiro-roxo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 27 (2): 268-272, 2005b.
- MORAES, M. C. de; GERALDI, I. O.; MATTA, F. de 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**, Dordrecht, v. 40, n. 7, p. 1978-1981, Dec. 2005.
- 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**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.
- NEGREIROS, J. R. da S.; ÁLVARES, V. de S.; BRUCKNER, C. H.; MORGADO, M. A. D.; CRUZ, C. D. Relação entre características físicas e o rendimento de polpa de maracujá-amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 29, n. 3, p. 540-545, 2007.
- NEGREIROS, J. R. S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SIQUEIRA, D. L.; PIMENTEL, L. D. Seleção de progênies de maracujazeiro amarelo vigorosas e resistentes a verrugose. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.26, n. 2, p. 272-275, 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**, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, nov. 2008.
- OLIVEIRA, J. C. de, FERREIRA, F. R. **Melhoramento genético do maracujazeiro**. In: SÃO JOSÉ, A. R., FERREIRA, F. R., VAZ, R. L. (eds.) A cultura do maracujá no Brasil. Jaboticabal: FUNEP, 1991. p. 211-239.
- PANDEY, R. M. Genetic associations in *Amaranthus*. **Indian J. Genet. & Plant Breed.**, New Delhi, v. 41, n. 1, p. 78-83, 1981.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. **Melhoramento de populações**. In: PATERNIANI, E. (Ed.) Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba, Esalq, 1978. 202-246.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. **Melhoramento do milho**. In: Borém, A. (Organizador) Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: Editora UFV, 1999. p. 429-485.

PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia reml/blup no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agrária**, v. 10, p. 31-36, 2009.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 49, p. 803-804, 1969.

PINTO, R. M. C. **Tamanho da amostra para seleção recorrente com progênies S₁ em milho**. 1996. 92 f. dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1996.

PIZA JÚNIOR, C. T. **Cultura do maracujá**. Campinas: Secretaria da Agricultura e Abastecimento, 1993. 71p.

PIZA JUNIOR, C. T. **Situação da cultura do maracujazeiro na região sudeste do Brasil**. In: Simpósio brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro, 5, 1998. Jaboticabal. Anais.... Jaboticabal: FUNEP, 1998. p. 20-48.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. B. F.; SANTOS, J. B. **Melhoramento de espécies autógamas**. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Org.). Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, v. 1, p. 201-230.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326 p.

REGO, M. M.; BRUCKNER, C. H.; SILVA, E. A. M.; FINGER, F. L.; PEREIRA, K. J. C. Pollen tube behavior in yellow passion fruit following compatible and incompatible crosses. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlim, v. 101, p. 685-689, 2000.

RUGGIERO, C. **Estudos da floração e polinização do maracujá amarelo (*Passiflora edulis f. flavicarpa Deg.*)**. 1973. 92p. Tese (Doutorado) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 1973.

SANTOS, C. E. M. dos. **Controle genético de caracteres e estratégias de seleção no maracujazeiro-azedo**. 2008. 86 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2008.

SCHIFINO-WITTMANN, M. T.; AGNOL, M. D. Auto-Incompatibilidade em Plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 6, p. 1083-1090, 2002.

SCOTT, A. J., KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SILVA, M. G. M.; VIANA, A. P.; GONCALVES, G. M.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: Alternativa de capitalização de ganhos genéticos. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 33, p. 170-176, 2009.

SIQUEIRA, W. J. V.; ILLG, R. D.; FORNASIER, J. B.; GRANJA, N. P.; LISBÃO, R. S.; SANTOS, R. R. dos. Correlações fenotípica, genética aditiva e ambiental em cenoura. **Bragantia**, v. 52, n.1, p.17-26, 1993.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.

SMITH, O. S. Evaluation of recurrent selection in BSSS, BSCB1, and BS13 maize populations. **Crop Science**, v. 23, p. 35-40, 1983.

SOARES, E. B.; GOMES, R. L. F.; CAMPELO, J. E. G.; LOPES, A. C. de A.; MATOS FILHO, C. H. A. Repetibilidade e correlações entre caracteres morfo-agronômicos de cajazeira. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, n. 6, p.1851-1857, Dez, 2008.

SOUSA, M. M. de; PEREIRA, T. N. S.; VIANA, A. P.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; MADUREIRA, H. C. Flower receptivity and fruit characteristics associate to time of pollination in yellow passion fruit *Passiflora edulis* Sims f. *falvicarpa*. **Scientia Horticulture**, v.1, p.1-13, 2004.

SOUZA JÚNIOR, C. L. de. **Melhoramento de espécies alógamas**. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de, VALADARES-INGLIS, M. C. (Org.) Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, v. 1, p. 159-199.

SOUZA JUNIOR, C. L. **Resposta Esperada de Linhagens S₁ e da Depressão Por Endogamia à Seleção Intrapopulacional Em Milho**. In: III Reunión Latinoamericana de Investigadores de Maiz, 1995, Santa Cruz. Memorias da III Reunión Latinoamericana de Investigadores de Maiz. Santa Cruz : CIMMYT, 1995. p. 929-947.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparisons of intra-interpopulation and modified recurrent selection methods. **Revista Brasileira de Genética**, v. 16, p. 91-105, 1993.

SOUZA, E. A. de; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 9, p. 1765-1771, Set. 2000.

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

TARDEN, F. D.; PEREIRA, M. G.; GABRIEL, A. P. C.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; SOUZA FILHO, G. A. de Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 225-233, 2007.

VASCONCELOS, E. S.; REIS, M. S.; SEDYIAMA, T.; CRUZ, C. D. Análise não-paramétrica da sanidade de sementes e índices de eliminação e classificação de genótipos de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n.3, p. 341-348, Mar. 2008.

VENCOVSKY, R. **Herança quantitativa**. In: PATERNIANI, E., VIÉGAS, G. P., (ed). Melhoramento e produção do milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987, p. 137-214.

VIANA, A. P.; DETMANN, E.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M. de; PEREIRA, T. N. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do.; GONÇALVES, G. M. Polinização seletiva em maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis f. flavicarpa*) monitorada por vetores canônicos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 6, p. 1627-1633, nov-dez, 2007.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do.; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M. Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro amarelo. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 51, n. 297, p. 541-551, 2004.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Simple and canonic correlation between agronomical and fruit quality traits in yellow passion fruit (*Passiflora edulis f. flavicarpa*) populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 3, n. 2, p. 133-140, 2003.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Genetic diversity in yellow passion fruit populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v. 6, p. 87-94, 2006.

VIEIRA, J. V.; NASCIMENTO, W. M.; SILVA, J. B. C. Número mínimo de famílias de meios-irmãos para avaliação de uma população de cenoura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 2, p. 365-367, fev. 2006.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: Walter de Gruyter, 1986. 406p.

WU, K. W.; HEINZ, D. J.; MEYER, H. K.; LADD, S. L. Minimum sample size for estimating progeny mean and variance. **Crop Science**, v. 18, p. 57-62, 1978.