

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA
CAMPUS DE RIO PARANAÍBA
MESTRADO EM AGRONOMIA (PRODUÇÃO VEGETAL)

MAKYSLANO REZENDE DA ROCHA

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DO
MARACUJAZEIRO AZEDO

RIO PARANAÍBA
MINAS GERAIS – BRASIL
2014

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca UFV - Campus de Rio Paranaíba**

R672e Rocha, Makyslano Rezende da, 1992-
Estratégias de seleção no melhoramento genético do mara-
cujazeiro azedo / Makyslano Rezende da Rocha. – Rio Parana-
íba, MG, 2014.
50 p.; 29cm.

Orientador: Dr. Carlos Eduardo Magalhães dos Santos.
Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade
Federal de Viçosa.

1. REML/BLUP. 2. Índices de seleção. 3. Melhoramento. I.
Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 634.425

MAKYSLANO REZENDE DA ROCHA

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DO
MARACUJAZEIRO AZEDO

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Produção Vegetal), para obtenção do título de Magister Scientiae.

RIO PARANAÍBA
MINAS GERAIS – BRASIL
2014

MAKYSLANO REZENDE DA ROCHA

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DO
MARACUJAZEIRO AZEDO

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Produção Vegetal), para obtenção do título de Magister Scientiae.

Aprovada: 29 de outubro de 2014.

Prof. Felipe Lopes da Silva

Prof. Vinícius Ribeiro Faria
(Coorientador)

Prof. Carlos Eduardo Magalhães dos Santos
(Orientador)

A minha mãe Ilza, pelo amor incondicional, exemplo de força e de superação.

O meu amado e saudoso pai Demóstenes, pelo apoio e incentivo a mim oferecido.

Aos meus irmãos Melícia e Marcelo que sempre torceram pelo meu sucesso.

Aos meus pequenos e amados sobrinhos Victor Hugo e Ana Lia, pela alegria de fazerem parte da minha vida.

A minha namorada Wanessa, por todo companheirismo, carinho, amor, dedicação, respeito e incentivo durante todo o tempo em que estive comigo.

A toda a minha amada família e amigos mais que irmãos.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus pelo dom da vida, por todo equilíbrio, proteção inteligência amor e sempre presente em todos os momentos da minha vida.

A Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós Graduação em Agronomia (Produção Vegetal) pela oportunidade de realizar o curso de mestrado

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior pelo apoio financeiro na concessão da bolsa de estudos

A todos os professores do programa de Pós Graduação em Agronomia da UFV/ Campus de Rio Paranaíba, em especial a Pedro Ivo, Vinícius Ribeiro, Cláudio Pagotto, Luciano Bueno, André Mundstock, Hernane, Leonardo Aquino e Fabrícia Queiroz.

Aos técnicos de laboratório da UFV/Campus de Rio Paranaíba pela colaboração na realização das análises em laboratório.

Aos professores André Mundstock e Fabrícia Queiroz pela disponibilidade do Laboratório de Análises de Solo e Alimentos para a realização das análises.

Agradeço aos meus companheiros Sylas Oliveira, Ronaldo e Thiago Oliveira pela ajuda na implantação e condução do experimento em campo.

Ao meu orientador Carlos Eduardo Magalhães dos Santos pela compreensão e todo apoio a mim prestado durante toda a minha vida acadêmica.

Aos coorientadores Vínicius Ribeiro Faria e Pedro Ivo Vieira Good God, pelo apoio e ajuda na elaboração da dissertação.

Ao Prof. Felipe Lopes da Silva, membro da banca, pelas suas contribuições.

Aos meus pais, Ilza e Demóstenes por todo carinho e incentivo em todos os momentos difíceis.

Aos amigos que fiz ao longo dessa jornada: Flavinha, Clebson, Thiago Picinatti, Urbano, Rafael Antunes e Rafael Pereira.

E a todos que não foram citados, mas que contribuíram direta e indiretamente para execução de trabalho.

BIOGRAFIA

MAKYSLANO REZENDE DA ROCHA, filho de Demóstenes Cunha da Rocha e de Ilza Maria Rezende da Rocha, nasceu em 03 de julho de 1989, na cidade de São Gotardo, estado de Minas Gerais.

Em março de 2008 ingressou na Universidade Federal de Viçosa/Campus de Rio Paranaíba, tendo o curso concluído em dezembro de 2012.

Em novembro de 2012, iniciou o curso de mestrado em Agronomia (Produção Vegetal), com ênfase em Produção, Fisiologia e Melhoramento de Plantas na UFV/Campus de Rio Paranaíba.

RESUMO

ROCHA, Makyslano Rezende da, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, Outubro de 2014. **Estratégias de seleção no melhoramento genético do maracujazeiro azedo.** Orientador: Carlos Eduardo Magalhães dos Santos. Coorientadores: Vinícius Ribeiro Faria e Pedro Ivo Vieira Good God.

A cultura do maracujazeiro azedo tem se expandido consideravelmente, tornando o Brasil maior produtor e consumidor mundial da fruta. Várias estratégias têm sido aplicadas ao melhoramento do maracujazeiro azedo, visando à obtenção de progênies superiores em produtividade e qualidades físico-químicas de frutos. Contudo, visando adotar métodos mais precisos de seleção, tem-se empregado valores genéticos, como uma forma de aumentar os ganhos genéticos devidos a seleção. O presente trabalho teve como objetivo a comparação de estratégias de seleção utilizando a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) e métodos baseados em valores fenotípicos em uma população de meio irmãos de maracujazeiro azedo. Foram avaliadas 24 progênies de meio irmãos de maracujazeiro azedo em delineamento em blocos ao acaso com três repetições e quatro plantas por parcela, instalado no campo experimental da Universidade Federal de Viçosa/Campus de Rio Paranaíba. Os caracteres avaliados foram: número de frutos, comprimento longitudinal de fruto, diâmetro equatorial de fruto, massa de fruto, massa do pericarpo, massa da polpa, espessura do pericarpo, sólidos solúveis totais e acidez total titulável. Os parâmetros genéticos e fenotípicos foram estimados através da Anova e pela metodologia REML/BLUP. Os ganhos genéticos foram estimados por seleção direta, entre e dentro, combinada e índices de seleção obtidos por valores fenotípicos e por valores genotípicos para a seleção individual e índices de seleção. Foram realizadas comparações entre as estratégias de seleção baseadas em valores fenotípicos e valores genotípicos por meio dos ganhos genéticos e coeficientes de coincidência. Os índices de seleção baseados em valores fenotípicos proporcionaram ganhos bem distribuídos em relação aos métodos univariados. O índice de soma ranks fenotípico proporcionou ganhos genéticos melhor distribuídos entre os caracteres. A seleção individual de progênies via BLUP equivale à seleção direta, entre e dentro e combinada obtida por valores fenotípicos. O índice de soma de ranks via valores fenotípicos é um bom índice comparado aos índices de seleção via BLUP.

Termos para indexação: REML/BLUP, índices de seleção, melhoramento.

ABSTRACT

ROCHA, Makyslano Rezende da, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, October of 2014. **Selection strategies in genetic improvement of yellow passion fruit.** Adviser: Carlos Eduardo Magalhães dos Santos. Co-advisers: Vinícius Ribeiro Faria and Pedro Ivo Vieira Good God.

The culture of yellow passion fruit has expanded considerably, making Brazil the world's largest producer and consumer of the fruit. Several strategies have been applied to improve in order to obtain superior progenies productivity and physicochemical qualities of fruits. However, seeking to adopt more precise selection methods, there is employed genetic values as a way of increasing genetic gain due to selection. This study aimed to compare the selection strategies using the mixed model methodology (REML / BLUP) and methods based on phenotypic values in a population of half brothers of passion fruit. We evaluated 24 half-sib progenies of yellow passion fruit in randomized blocks with three replications and four plants per plot, installed in the experimental field of Universidade Federal de Viçosa/Campus de Rio Paranaíba. The characters evaluated were: number of fruits, fruit longitudinal length, equatorial diameter of fruit, fruit mass, pericarp mass, pulp mass, pericarp thickness, total soluble solids and total titratable acidity. Genetic and phenotypic parameters were estimated by Anova and the methodology REML / BLUP. The genetic gains were estimated by direct selection, among and within, combined and selection indexes obtained by phenotypic values and genotypic values for individual selection and selection indexes. Comparisons were made between the selection strategies based in phenotypic values and genotypic values through genetics gains and coincidence coefficient. The selection indexes based on phenotypic values provided well distributed gains relative to univariate methods. The ranks phenotypic sum index provided genetic gain better distributed between characters. The individual selection of progeny via BLUP equivalent to direct selection, among and within and combined obtained by phenotypic values. The sum of ranks index via phenotypic values is a good index compared to the selection indexes via BLUP.

Index terms: REML/BLUP, selection indexes, improvement.

ÍNDICE

1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. A cultura do maracujazeiro	3
2.2. Seleção direta, entre e dentro e combinada.....	4
2.3. Índices de seleção.....	4
2.4. Metodologia REML/BLUP.....	6
3. MATERIAL E MÉTODOS	8
3.1. Caracterização do experimento	8
3.2. Avaliação do experimento.....	8
3.3. Análises estatísticas baseada em valores fenotípicos.....	9
3.4. Análises estatísticas via modelagem REML/BLUP.....	9
3.5. Comparação de estratégias de seleção	10
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	11
4.1. Estimativas de parâmetros via MQM (Método dos Quadrados Mínimos)	11
4.2. Estimativas de ganhos com seleção direta, entre e dentro e combinada.....	14
4.3. Estimativa de ganhos através de índices de seleção baseado em valores fenotípicos	17
4.4. Estimativa dos parâmetros genéticos via REML	18
4.5. Seleção individual e estimativas dos ganhos via BLUP	22
4.6. Seleção de progênies e estimativas dos ganhos via BLUP	29
4.7. Comparação de índices de seleção baseados em valores fenotípicos e genotípicos..	35
4.8. Coeficiente de coincidência entre diferentes estratégias de seleção	37
5. CONCLUSÕES	40
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	41

1. INTRODUÇÃO

O Brasil tem se destacado como maior produtor e consumidor mundial de maracujá. Os cultivos comerciais têm sido constituídos da espécie *Passiflora edulis* f. *flavicarpa*, conhecida como maracujá-azedo, representando 95% dos cultivos no país, (Meletti; Brückner, 2001).

Embora, o Brasil seja o maior produtor mundial de maracujá, a produtividade é considerada baixa quando analisado seu potencial produtivo. De acordo com o IBGE (2013), a produtividade das lavouras no ano de 2012 foi de 13.416 kg ha⁻¹ ano, enquanto que seu potencial, segundo Ruggiero (2000), pode chegar a 45.000 kg ha⁻¹ ano. A baixa produtividade tem sido atribuída a pouca quantidade de variedades melhoradas, o uso incipiente de tecnologias de produção e problemas fitossanitários.

Os programas de melhoramento do maracujazeiro têm contribuído para melhorar características morfológicas, fisiológicas e agronômicas que promovam maior incremento de produtividade, melhoria na qualidade de frutos e busca de genótipos tolerantes ou resistentes a doenças e pragas importantes para a cultura, assim como uma maior estabilidade produtiva das plantas (Gonçalves et al., 2007; Pimentel et al., 2008; Santos et al., 2010; Santos et al., 2011).

Várias estratégias têm sido empregadas no melhoramento do maracujazeiro azedo visando à obtenção de genótipos superiores. Na literatura tem sido relatado o uso da seleção direta, entre e dentro e seleção combinada no melhoramento do maracujazeiro azedo (Gonçalves et al., 2007; Oliveira et al., 2008; Santos et al., 2008). Cruz et al. (2004) relataram que a seleção com base em uma única característica mostrasse inadequada, pois conduz a um produto final superior com relação à característica em seleção, mas que pode levar a desempenhos não tão favoráveis nas demais.

Uma alternativa viável são os índices de seleção, os quais podem ser utilizados no melhoramento de plantas para a seleção de múltiplas características (Cruz et al., 2004). O uso de índices de seleção possibilita a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados, pela reunião de diversos atributos favoráveis (Silva, 1982; Cruz et al., 2004).

Segundo Resende e Dias (2000), além da variabilidade genética, o sucesso do programa de melhoramento genético depende quase que totalmente da adoção de métodos precisos de seleção. Os valores genéticos individuais têm sido empregados como uma forma de aumentar os ganhos de seleção. A predição do valor genético

aditivo levará a maximização da possibilidade de selecionar os melhores indivíduos e a maximização do ganho genético por ciclo de seleção (Resende, 2002b).

Esses valores genéticos individuais podem ser estimados por meio dos modelos mistos via BLUP (Best Linear Umbised Prediction). No entanto, para estimação dos valores genéticos e maximizar a acurácia da seleção são necessárias estimações mais precisas dos componentes de variância. Neste caso, a metodologia REML (Restricted Maximum Likelihood) tem sido empregada com sucesso em relação ao método de quadrados mínimos criado por Fisher (1925), por permitir a estimação de parâmetros fenotípicos e genotípicos mais precisos em condições de desbalanceamento de dados (Resende, 2007b).

Vários autores tem utilizado a metodologia REML/BLUP para realizar a seleção e aumento do ganho genético em espécies perenes como café (Rodrigues et al., 2013), em culturas semi perenes como cana-de-açúcar (Pedrozo et al., 2009) e anuais como sorgo (Almeida Filho et al., 2014)

Tendo em vista as considerações iniciais, desenvolveu-se o presente trabalho com o objetivo em dar continuidade ao programa de seleção recorrente do maracujazeiro azedo da Universidade Federal de Viçosa/Campus de Rio Paranaíba para região do Alto do Paranaíba e comparação de estratégias de seleção utilizando métodos baseados em valores fenotípicos e metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) em uma população de meio irmãos de maracujazeiro azedo. Sendo assim, alguns aspectos foram abordados de acordo com os seguintes objetivos específicos:

- Estimar os ganhos genéticos com base em valores fenotípicos na seleção direta entre e dentro, combinada e índices de seleção.
- Estimar os componentes de variância, valores genéticos e correlações genotípicas pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP).
- Estimar os ganhos genéticos via BLUP na seleção individual e de progênies de maracujazeiro azedo.
- Comparar as estratégias de seleção e selecionar a melhor estratégia de seleção.
- Promover a seleção dos genótipos com base na melhor estratégia de seleção.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A CULTURA DO MARACUJAZEIRO

O maracujazeiro é uma planta tropical com ampla variabilidade genética. Segundo Vanderplank (1996), a família Passifloraceae possui 18 gêneros e 630 espécies, sendo o gênero Passiflora, o mais importante economicamente, composto de 24 subgêneros e 465 espécies. Apesar do grande número de espécies, nem todas produzem frutos comestíveis aproveitáveis. Os cultivos comerciais baseiam-se no maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*), que representa mais de 95% dos cultivos do país. Isso se deve à maior qualidade dos frutos, vigor, produtividade e rendimento de suco (Meletti; Brückner, 2001).

A cultura do maracujá tem-se expandido consideravelmente desde a década de 90, tornando o Brasil o maior produtor e consumidor mundial da fruta (Gonçalves; Souza, 2006). Segundo Ferraz e Lot (2006), o consumo in natura corresponde a 60% da produção e o restante é destinado para o processamento da fruta em indústrias.

No Brasil, a produção de maracujá-azedo destaca-se nas regiões Nordeste, Sudeste e Norte. Na região Sudeste, o maracujazeiro é uma das oito espécies frutíferas mais cultivadas no sistema extensivo, sendo precedido apenas pelas culturas da laranja, banana, limão, manga, tangerina, abacaxi e uva (Souza et al., 2008). Os Estados do Ceará, Pará, Bahia e Minas Gerais são considerados os maiores produtores de maracujá do Brasil, segundo IBGE (2013).

Meletti (2011) ressaltou que a cultura do maracujá tem sido uma alternativa agrícola para pequenas propriedades cafejeiras pouco produtivas como uma forma de diversificar a renda, onde as plantas de café são utilizadas como espaldeira natural para a condução do maracujazeiro.

O melhoramento genético trouxe avanços significativos em relação à produtividade, qualidade de frutos e tolerância as pragas e doenças importantes para a cultura (Gonçalves et al., 2007; Santos et al., 2008). Atualmente, é encontrado cultivares comerciais desenvolvidas pela Embrapa obtidos por ciclos de melhoramento como os híbridos BRS Sol do Cerrado, BRS Gigante Amarelo e BRS Ouro Vermelho e os híbridos intervarietais da série 270, lançados pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) a partir de 1999.

Apesar da produtividade ser importante no melhoramento genético do maracujazeiro, as características referentes à qualidade do fruto são fundamentais, por determinar a aceitação do produto no mercado consumidor e influência direta no preço de comercialização (Albuquerque et al., 2002). Vários trabalhos têm contribuído no melhoramento do maracujazeiro azedo, visando à obtenção de genótipos superiores para a produtividade e qualidade de frutos como de Gonçalves et al. (2007), Negreiros et al. (2007) e Oliveira et al. (2008).

2.2. SELEÇÃO DIRETA, ENTRE E DENTRO E COMBINADA

Após a constatação da existência de variabilidade na população, devem-se utilizar diferentes estratégias para selecionar os melhores genótipos e obtenção de ganhos genéticos (Oliveira et al., 2008)

Segundo Paula et al. (2002), a maneira mais rápida e prática de obter ganhos em relação a uma única característica é praticar a seleção diretamente sobre ela. No entanto, a seleção praticada em apenas uma característica poderá ocorrer modificações em outras, ou seja, podendo ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária.

A seleção entre e dentro de progênies é uma metodologia que seleciona inicialmente as melhores progênies e posteriormente realizando a seleção dos indivíduos dentro das progênies (Freitas et al., 2009).

Uma das críticas que se faz à seleção entre e dentro é o fato de indivíduos superiores de progênies intermediárias ou indivíduos intermediários de progênies superiores, às vezes, não serem considerados na seleção. Assim, surge como alternativa a seleção combinada, na qual a escolha é feita com base no desempenho individual associado ao desempenho da família, em um único estágio. Pela natureza de obtenção, este tipo de seleção é mais informativo e, normalmente, leva a resultados mais satisfatórios que a seleção entre e dentro (Martins et al., 2005).

2.3. ÍNDICES DE SELEÇÃO

A seleção baseada em apenas uma ou em poucas características, não consiste em uma boa alternativa, visto que, pode levar a seleção de genótipos superiores para a característica selecionada quanto a genótipos inferiores em relação às demais características (Cruz, et al. 2004).

Desta forma, para obter-se um genótipo superior, deseja-se reunir todas as características favoráveis simultaneamente, que lhe confira um desempenho comparativamente mais elevado e que satisfaça as exigências do mercado. Assim, uma alternativa viável é o uso de índices de seleção, que segundo Granate (2002), é uma técnica multivariada que associa as informações relativas a vários caracteres de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada.

Na literatura são encontrados vários índices de seleção, os quais podem ser usados no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2012). Estes índices são obtidos como combinações lineares das medidas de diversos caracteres, podendo ser eficientes, uma vez que, permitem a avaliação de todas as informações disponíveis e valorizam atributos considerados de maior importância pelo melhorista (Falconer, 1987). Na cultura do maracujá, diversos autores têm sugerido a utilização de índices para a seleção de genótipos superiores (Negreiros et al., 2004, Gonçalves et al., 2007, Oliveira et al., 2008; Santos et al., 2008; Silva et al., 2009), sendo construídos a partir de parâmetros e médias fenotípicas obtida pelo método de quadrados mínimos.

O índice clássico proposto por Smith (1936) e adaptado por Hazel (1943) consiste em uma combinação linear dos vários caracteres de importância econômica, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e o agregado genotípico. Segundo Cruz et al. (2012), este agregado fenotípico é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados pelos respectivos valores econômicos.

O índice multiplicativo proposto pelos autores Subandi et al. (1973) é obtido pela multiplicação dos valores médios de cada caráter por genótipo, considerando a relação direta ou inversa do índice com a variável analisada, consistindo o seguinte índice: $I = Y_1^{k_1} Y_2^{k_2} \dots Y_n^{k_n}$, em que Y_j refere-se ao valor médio do caráter j ; onde $k_j = 1$, se for considerada a relação direta do índice com a variável e $k_j = -1$ se for considerada a relação inversa do índice com a variável.

Mulamba e Mock (1978) propuseram o índice com base na soma de postos (ou “ranks”), que consiste em classificar os materiais genotípicos 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.

Índice genótipo-ideótipo descrito por Cruz et al. (2006) são consideradas as distâncias estimadas entre os genótipos e os valores referências, definido pelos máximos e mínimos observados e ponderados pelos respectivos pesos econômicos

atribuídos a cada característica. Com base neste índice, são identificados os melhores genótipos e estimado o ganho de seleção.

De acordo com Cruz et al. (2012), a estimação de índices de seleção fidedignos é dependente da disponibilidade de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas bem estimadas e de pesos econômicos, relativos aos vários caracteres, bem estabelecidos.

Devido a dificuldades em estabelecer os pesos econômicos, Cruz (1990), sugere que os pesos econômicos poderiam ser estimados a partir de estatísticas dos próprios dados experimentais e que o coeficiente de variação genético poderia ser um bom referencial, uma vez que é diretamente proporcional à variância genética disponível, o que mantém, de certa forma a proporcionalidade entre os caracteres e é um valor adimensional.

2.4. METODOLOGIA REML/BLUP

O procedimento BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) foi desenvolvido por Henderson, em 1949, e apresentado, formalmente, em 1973, no contexto da avaliação de gado de leite (Resende, 2002b).

Segundo Resende (2002a), o procedimento BLUP ajusta os dados para os efeitos ambientais identificáveis (tais quais os efeitos de bloco, do ano de medição, do local de plantio, dentre outros) e simultaneamente prediz os valores genéticos dos indivíduos.

Para a aplicação do BLUP são necessárias estimativas fidedignas de componentes de variância (Harville; Carriquiry, 1992). Neste caso, tem-se empregado a metodologia REML (Restricted Maximum Likelihood), descrito por Patterson e Thompson (1971) para estimação de componentes de variância com dados desbalanceados ou não. O método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) tem vantagens superiores quando comparadas àquelas do método dos mínimos quadrados para a estimação dos componentes genéticos com dados desbalanceados (Searle et al., 1992). Segundo Schaeffer (1999), a estimativa de parâmetros genéticos pelo REML não gera estimativas tendenciosas dos parâmetros. Outra vantagem desse método é que eles levam em conta a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações (Resende, 2002b).

A predição de valores genéticos pelos modelos mistos tornou-se um instrumento eficaz em relação às estimativas pelo método dos mínimos quadrados (Kennedy;

Sorensen,1988). Devido as vantagens desse método, seu emprego tem crescido expressivamente na estimação de parâmetros genéticos e seleção de genótipos em espécies como cafeeiro (Resende et al., 2001), pupunheira (Farias Neto; Resende, 2001), cana-de-açúcar (Resende e Barbosa, 2006; Xavier et al., 2014) e algodão (Resende et al., 2014).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. CARACTERIZAÇÃO DO EXPERIMENTO

O experimento de seleção recorrente foi implantado no campo experimental da Universidade Federal de Viçosa/Campus de Rio Paranaíba em fevereiro de 2013, onde foram avaliadas 24 progênies de meio irmãos de maracujazeiro azedo, provenientes do primeiro ciclo de seleção recorrente do programa de melhoramento da Universidade Federal de Viçosa/Campus de Rio Paranaíba.

O delineamento experimental adotado foi em blocos ao acaso, com três repetições e quatro plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi de 3,5 m entre fileiras e 4,0 m entre plantas, com intuito de possibilitar a movimentação de máquinas no interior do experimento. A condução das plantas foi realizada em espaldeira vertical com fio de aço galvanizado a 1,8 m de altura do solo. Foram realizados todos os tratos culturais normalmente recomendados à cultura e conduzido em condições de campo sem irrigação.

3.2. AVALIAÇÃO DO EXPERIMENTO

A contagem do número de frutos por planta (NF) foi realizada em janeiro de 2014 para estimar a produtividades das progênies no primeiro pico de produção do primeiro ano.

Para realizar as demais avaliações das características de interesse foram colhidos dez frutos resultantes de polinização natural com mais de 30% de coloração amarela do pericarpo em cada planta das parcelas experimentais. Os dez frutos coletados foram utilizados para mensurar as características descritas a seguir:

- comprimento longitudinal de fruto (CF): mensurado na dimensão longitudinal do fruto com um paquímetro digital, expressa em milímetros;

- diâmetro equatorial de fruto (DF): mensurado na dimensão equatorial do fruto com um paquímetro digital, expressa em milímetros;

- massa fresca do fruto (MF): obtida pela pesagem do fruto em balança digital, expressa em gramas;

- massa fresca do pericarpo (MPE): obtida pela pesagem do pericarpo em balança digital, expressa em gramas;

- massa fresca da polpa com sementes (MP): obtida pela diferença entre a massa fresca do fruto e a massa fresca do pericarpo, expressa em gramas;
- espessura do pericarpo (EPE): medida na porção mediana dos frutos cortados, com o auxílio de um paquímetro digital, expressa em milímetros;
- teor de sólidos solúveis totais (SST): determinado por refratômetro digital portátil, com leitura na faixa de 0 a 32 °Brix, após a extração de uma alíquota de suco de cada fruto;
- acidez total titulável (ATT): determinada por titulometria com NaOH (0,5 mol L⁻¹) com o auxílio de bureta digital e os resultados expressos em grama de equivalente de ácido cítrico por 100 mL de suco.

3.3. ANÁLISES ESTATÍSTICAS BASEADA EM VALORES FENOTÍPICOS

Os dados foram submetidos à análise de variância sob condições de desbalanceamento de dados, utilizando o teste F ao nível de 1% e 5% de probabilidade para verificação de variabilidade genética entre as progênies.

Para a seleção e predição dos ganhos baseados em valores fenotípicos foram utilizadas as seguintes estratégias de seleção: seleção direta, entre e dentro, seleção combinada, índice clássico (Smith, 1936; Hazel 1943), multiplicativo (Subandi et al., 1973), com base na soma de ranks (Mulamba; Mock 1978) e o índice de distância do genótipo-ideótipo (Cruz, 2006).

O peso econômico empregado nos índices de seleção foi o coeficiente de variação genético, conforme proposto por Cruz (1990) e estabelecido a partir dos próprios dados experimentais. O sentido de seleção adotado para as características NF, CF, DF, MF, MP, SST, ATT foram ao sentido de acréscimo e para MPE e EPE em sentido de decréscimo.

A análise de variância e predição de ganhos de seleção foi realizada utilizando o programa computacional Genes (Cruz, 2013) e uma intensidade de seleção de 25 % foi empregada objetivando selecionar as seis melhores progênies de meio irmãos de maracujazeiro azedo.

3.4. ANÁLISES ESTATÍSTICAS VIA MODELAGEM REML/BLUP

As estimativas de parâmetros fenotípicos e genotípicos e valores genéticos individuais foram estimados pelo software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007a), empregando o Modelo 1 para a “Avaliação de Indivíduos em Progênies de Meio Irmãos

(ou Polinização Aberta em Espécimes Alógamas) – Várias Observações por Parcela” para todas as características avaliadas sob condições de desbalanceamento de dados e de acordo com os procedimentos propostos por Resende (2007a).

A análise de correlações genéticas foi obtida após a realização de todos os procedimentos no Selegen REML/BLUP (Resende, 2007a). Os ganhos genéticos foram estimados por meio de três abordagens, conforme descrito por Resende (2007a): índice clássico, em que são fornecidos os pesos econômicos; índice multiplicativo, em que o agregado genotípico refere-se ao produto dos caracteres; índice com base na soma de ranks, adaptado de Mulamba e Mock (1978), em que os genótipos são classificados para cada caráter a média.

No índice clássico foram atribuídos no programa os pesos 1.5 para a característica número de frutos com direção “maior” e 1.25 para as demais características na direção “maior”, exceto em MPE e EPE para a direção “menor”, visando à redução desses caracteres nos genótipos selecionados.

Para o índice de soma de postos, a direção atribuída foi “maior” para as características NF, CF, DF, MF, MP, SST e ATT e “menor” para MPE e EPE.

As direções “maior” e “menor” fornecido ao programa implica direcionar a seleção de progênies com base nas características de interesse, visando aumentar ou reduzir a expressão da característica.

3.5. COMPARAÇÃO DE ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO

Foram realizadas comparações entre as estratégias de seleção fenotípicas, através dos ganhos genéticos e análise de coincidência das progênies selecionadas, visando identificar qual a melhor estratégia de seleção.

Os índices de seleção fenotípicos foram comparados com os índices genotípicos para determinar qual estratégia é a mais adequada na seleção de progênies superiores.

A análise do coeficiente de coincidência foi realizada com base razão das progênies selecionadas entre as estratégias fenotípicas de seleção direta, entre e dentro e combinada para as características NF e MP e os índices clássico, multiplicativo, soma de ranks e distância do genótipo-ideótipo e entre as estratégias genotípicas de seleção individual via BLUP para as características NF e MP e índice clássico, multiplicativo e soma de ranks via BLUP.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS VIA MQM (MÉTODO DOS QUADRADOS MÍNIMOS)

A análise de variância (Tabela 1) demonstrou a existência de variabilidade genética pelo teste F ($p < 0,05$) para as características NF e ATT e diferenças significativas ($p < 0,01$) para as características CF, DF, MF, MPE e SST, sugerindo a possibilidade de ganhos com a seleção. As características MP e EPE não apresentaram variabilidade genética.

As médias de CF, DF, MF, MP e SST foram superiores aos encontrados por Sousa et al. (2012), com médias de CF (76,35 mm), DF (68,72 mm), MF (144,40 g), SST (13,2 °Brix) . Outros autores como Oliveira et al. (2008), e Krause et al. (2012) encontraram médias 74,35 e 77,40 mm para CF, 72,60 e 74,23 para DF e 149,22 e 160,20 para MF, respectivamente, indicando o potencial dos genótipos avaliados neste trabalho.

A estimativa de herdabilidade entre progênes no sentido amplo variou de 20,94% (EPE) a 82,93% (DF), sendo a maioria considerada de média a alta magnitude, o que favorece o processo de seleção, tendo em vista que a maior parte da variação é de origem genética.

Os menores valores de herdabilidade foram observados para as características MP e EPE. Entretanto, Freitas et al. (2011) encontraram valores de herdabilidade de 80,07 e 66,24 % para MP e EPE. A média observada para espessura de pericarpo foi de 4,35 mm, abaixo dos valores de 7,00 mm e 7,45 mm encontrados por Krause et al. (2012) e Neves et al. (2010), respectivamente. Demonstrando a superioridade das progênes avaliadas neste trabalho para essa característica, embora o potencial de ganhos genéticos com a seleção seja baixo, considerando a baixa herdabilidade observada.

Freitas et al. (2012) encontraram valores superiores de herdabilidade de 98%, 76%, 80%, 63% e 59%, para NF, MF, MP, SST e ATT, respectivamente. Oliveira et al. (2008) encontraram valores de herdabilidade em médias de progênes no sentido restrito variaram de 0,11 a 0,57 sendo que altos valores de herdabilidade foram encontrados para comprimento de frutos, número de frutos por planta e peso de fruto. Outros autores, como Gonçalves et al. (2007) encontraram valores de herdabilidades

semelhantes com os resultados obtidos neste trabalho, indicando que os valores de herdabilidade são intrínsecos a cada população.

Os valores de herdabilidade individuais situam-se entre 1,23% a 12%, sendo maiores para as características CF, DF, MPE e SST. Estes valores indicam que é mais viável realizar a seleção entre progênies, devido à baixa variabilidade observada dentro das progênies.

Segundo Resende (2002b), o coeficiente de variação genético é um parâmetro relevante, uma vez que pode inferir na magnitude da variabilidade nas populações e em diferentes caracteres. O coeficiente de herdabilidade per se não reflete a quantidade de variação genética existente na população. Assim, a análise conjunta do coeficiente de variação genético com a herdabilidade fornece informações importantes acerca da variabilidade e do ganho de seleção esperado.

A característica NF apresentou o maior coeficiente de variação genético, indicando que a magnitude da variabilidade existente é alta e com alto potencial para ser explorado no processo de melhoramento. Essa informação é importante, visto que a característica número de frutos é um dos componentes de produção, o que corrobora para a obtenção de genótipos mais produtivos.

As demais características apresentaram baixos valores para coeficiente de variação genético, indicando uma baixa variação genética existente na população, o que resultará em menor ganho de seleção entre as progênies selecionadas em relação a estas características.

Os coeficientes de variação experimental ($CV_{ex.}$) variaram entre 3,14% a 39,43% para as características avaliadas, indicando uma boa precisão experimental. Essas estimativas estão de acordo com as obtidas em outros experimentos com progênies de maracujazeiro azedo, em que foram observadas estimativas de 4,75 a 22,66% (Viana et al., 2004; Gonçalves et al., 2007; Negreiros et al., 2008; Oliveira et al., 2008). A característica número de frutos apresentou o maior valor de coeficiente de variação, devido à natureza poligênica e por maior influência ambiental, devido a diferenças de vigor entre as progênies e a ocorrência de doenças na fase inicial. Silva et al. (2009) observaram $CV_{ex.}$ acima de 70% para NF em progênies de maracujazeiro azedo com crescimento desuniforme.

Tabela 1. Resumo da análise de variância para as características de produção, física e química de frutos em 24 progênies de maracujazeiro azedo

F.V.	g.l	Quadrados médios								
		NF	CF	DF	MF	MPE	MP	EPE	SST	ATT
Blocos	2	2987,355	24,592	5,849	69,868	259,472	73,150	0,296	2,104	0,021
Genótipos	23	405,653*	266,756**	85,055**	3180,299**	1336,834**	736,051 ^{ns}	1,014 ^{ns}	5,204**	0,375*
Entre parcelas	46	184,757	45,524	25,632	1395,999	420,544	505,834	0,801	1,587	0,194
Dentro parcelas	170	107,927	38,198	20,983	1036,190	374,716	373,450	0,476	1,133	0,117
Média		19,27	89,62	76,30	190,10	90,40	99,10	4,36	14,92	3,32
σ_e^2		23,009	23,043	6,189	185,863	95,446	23,980	0,022	0,376	0,0188
σ_d^2		-15,339	-15,362	-4,126	-123,909	-63,631	-15,987	-0,0147	-0,251	-0,0125
$h^2_{\text{família}}$		0,5445	0,8293	0,6986	0,561	0,6854	0,3128	0,2094	0,6949	0,4815
$h^2_{\text{individual}}$		0,040	0,120	0,0721	0,0464	0,0707	0,0182	0,0123	0,0757	0,0391
C.V. _g (%)		24,894	5,356	3,260	7,171	10,806	4,941	3,412	4,113	4,132
C.V. _{ex} (%)		39,434	4,208	3,709	10,987	12,681	12,687	11,483	4,721	7,427

*: ^{ns}: Significativo e não significativo, respectivamente ao nível de 5% pelo teste F; **: Significativo ao nível de 1% pelo teste F; NF: número de frutos por planta; CF: comprimento longitudinal de fruto (mm); DF: diâmetro equatorial de fruto (mm); MF: massa fresca do fruto (g); MPE: massa fresca do pericarpo (g); MP: massa fresca de polpa com sementes (g); EPE: espessura do pericarpo (mm); SST: teor de sólidos solúveis totais (°Brix); ATT: acidez total titulável (% ácido cítrico – equivalente de ácido cítrico por 100 mL de suco); σ_e^2 : Variância genética entre progênies; σ_d^2 : variância genética dentro de progênies; $h^2_{\text{família}}$: herdabilidade ao nível de família no sentido amplo; $h^2_{\text{individual}}$: herdabilidade ao nível do indivíduo no sentido amplo; C.V._g(%): coeficiente de variação genético; C.V._{ex}(%): coeficiente de variação experimental.

4.2. ESTIMATIVAS DE GANHOS COM SELEÇÃO DIRETA, ENTRE E DENTRO E COMBINADA

Observa-se na Tabela 2, que a seleção direta não proporcionou resultados conjuntos satisfatórios para as nove características avaliadas, uma vez que o interesse é a obtenção de ganhos positivos em NF, CF, DF, MF, MP, SST e ATT, e ganhos negativos em MPE e EPE. Também foi observado, que os maiores ganhos genéticos são obtidos quando é praticado diretamente sobre a característica. Tal fato já era esperado e corrobora com a afirmação que a seleção direta é a melhor maneira de promover ganhos em determinado caráter, unicamente, quando comparado com os ganhos indiretos (Negreiros, 2006).

A característica número de frutos apresentou um ganho de seleção de 22,54 % quando a seleção foi praticada diretamente, enquanto que o ganho indireto proporcionou ganhos inferiores em relação às demais características. Observa-se também que houve ganhos positivos para as características MPE e EPE, cujo interesse é a redução desses caracteres quando a seleção foi praticada sobre NF, além de ganhos negativos para CF, DF, MF e SST.

A seleção direta para as características MPE, EPE, SST e ATT proporcionaram ganhos totais negativos e de baixa magnitude em todas as demais características, sugerindo que a seleção direta para essas características não é a melhor estratégia para a seleção de genótipos superiores.

A seleção direta para as demais características também resultaram em ganhos de baixa magnitude e negativos em relação à NF, indicando que a seleção direta para qualquer outra característica irá selecionar progênies menos produtivas. A seleção direta para MPE proporcionou um alto ganho negativo para esta característica, porém, pouco contribuiu na seleção de progênies, uma vez que observa ganhos negativos para as características MF e MP, cujas características são de alto interesse no melhoramento do maracujazeiro azedo.

Dessa forma, a seleção direta possibilita selecionar progênies que apresentam médias superiores à média geral para determinada característica, porém a seleção pode levar a redução do ganho genético para outras características. Cruz et al. (2004) relataram que a seleção com base em uma única característica mostra-se inadequada, pois conduz a um produto final superior com relação a essa característica, mas que pode levar a desempenhos não tão favoráveis nas demais.

Tabela 2. Ganhos de seleção preditos para seleção direta e ganhos indiretos em 24 progênies de maracujazeiro azedo

Variável	Seleção direta e ganhos indiretos									GS% total	Progênies selecionadas
	NF	CF	DF	MF	MPE	MP	EPE	SST	ATT		
NF	22,54	-1,59	-0,58	-0,93	-1,90	-0,06	-0,10	0,70	0,12	18,2	1,5, 16, 17, 9 e 7
CF	-4,96	5,92	2,34	5,96	11,64	1,46	0,88	-2,89	-1,27	19,08	11, 24, 5, 13, 18 e 23
DF	-4,35	2,67	3,85	5,51	8,82	2,26	0,24	-0,60	1,00	19,4	24,9, 13, 12,10 e 18
MF	-1,67	4,83	3,44	7,00	10,87	2,89	0,55	-1,09	0,59	27,41	13, 11, 24, 9, 12 e 5
MPE	4,67	-4,42	-2,44	-6,05	-10,04	-2,36	-1,35	1,59	-0,63	-21,03	16, 8, 21, 2,1 e 20
MP	4,67	3,09	2,34	6,14	5,87	4,09	-0,18	-0,41	0,48	26,09	13, 11, 10, 6, 9 e 5
EPE	11,12	-2,63	0,33	-1,65	-5,72	0,81	-1,97	0,53	1,28	2,1	8, 10, 20, 3, 9 e 1
SST	-3,36	-0,81	0,30	-0,21	0,38	-0,19	0,67	3,84	0,67	1,29	22, 20, 12, 16, 13 e 14
ATT	6,05	-0,85	0,53	-0,52	-0,99	0,04	0,05	1,31	3,67	9,29	9, 3, 15, 2, 14 e 12

NF: número de frutos por planta; CF: comprimento longitudinal de fruto (mm); DF: diâmetro equatorial de fruto (mm); MF: massa fresca de fruto (g); MPE: massa fresca do pericarpo; MP: massa fresca da polpa com sementes (g); EPE: espessura do pericarpo (mm); SST: teor de sólidos solúveis totais (°Brix); ATT: acidez total titulável (% ácido cítrico – equivalente de ácido cítrico por 100 mL de suco).

Verifica-se na Tabela 3 que os ganhos genéticos com a seleção combinada foram superiores em todas as características analisadas, exceto para MPE e EPE em que não houve ganhos. A seleção baseada na informação de progênies e indivíduos indica que a seleção em único estágio (seleção combinada) é mais eficiente em termos percentuais que a seleção praticada em dois estágios (seleção entre e dentro).

Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a maior eficiência da seleção combinada é devida ao índice no qual ela se baseia em medidas genéticas (valores genéticos líquidos) do comportamento dos indivíduos e de suas progênies, e não medidas fenotípicas, as quais estão sujeitas a maior influência dos efeitos ambientais, como na seleção entre e dentro.

Tabela 3. Ganhos de seleção preditos para seleção entre e dentro e combinada em 24 progênies de maracujazeiro azedo

Variável	Seleção Entre e Dentro		Seleção Combinada	
	GS%	Progênies Seleccionadas	GS%	Progênie Seleccionada
NF	56,8	1, 5, 16, 17, 9 e 7	72,18	1, 3, 5, 7, 8, 9, 14, 15, 16, 17 e 18
CF	12,09	11, 24, 5, 13, 18 e 23	21,77	1, 4, 5, 6, 11, 12, 13, 18, 19, 23 e 24
DF	6,08	24, 9, 13, 12, 10 e 18	9,97	1, 2, 9, 12, 13, 18 e 24
MF	31,4	13, 11, 24, 9, 12 e 5	20,06	1, 5, 6, 11, 12, 13, 17, 23 e 24
MPE	19,68	16, 8, 21, 2, 20 e 7	0	Nenhuma progênie selecionada
MP	10,74	13, 11, 10, 6, 9 e 17	12,62	6, 9, 10, 11, 12 e 13
EPE	5,39	8, 10, 20, 9, 24 e 3	0	Nenhuma progênie selecionada
SST	9,3	22, 20, 12, 16, 13 e 14	12,37	9, 12, 14, 15, 16, 20, 21 e 22
ATT	5,85	9, 15, 2, 14, 12 e 10	7,721	2, 3, 9, 10, 14, 15 e 19

NF: número de frutos por planta; CF: comprimento longitudinal de fruto (mm); DF: diâmetro equatorial de fruto (mm); MF: massa fresca de fruto (g); MPE: massa fresca do pericarpo; MP: massa fresca da polpa com sementes (g); EPE: espessura do pericarpo (mm); SST: teor de sólidos solúveis totais (°Brix); ATT: acidez total titulável (% ácido cítrico – equivalente de ácido cítrico por 100 mL de suco).

O número de progênies selecionadas empregando a seleção combinada foram superiores para a maioria das características avaliadas em relação à seleção entre e dentro, menos para MPE e EPE em que nenhuma progênie foi selecionada. A característica massa fresca de polpa apresentou o mesmo número de progênies selecionadas entre as metodologias testadas, sendo que houve coincidência das progênies selecionadas diferindo em apenas uma.

As características em que não houve ganhos genéticos na seleção combinada se devem em consequência do critério de seleção empregado para essas características, que foi no sentido de decréscimo, portanto, a seleção combinada não realizou a seleção de nenhuma progênie, sendo consideradas iguais para estas características. Segundo

Negreiros (2006), a seleção combinada difere da seleção entre e dentro, por considerar o valor individual e as médias das progênes de forma ponderadas, resultando em um número diferenciado de progênes e de indivíduos selecionados por família, enquanto, na seleção entre e dentro, esse número é constante.

O maior ganho foi obtido para NF, com 72,18% e 56,80% para seleção combinada e seleção entre e dentro, respectivamente. Gonçalves et al. (2007) observaram que a utilização da seleção combinada foi a alternativa que proporcionou maiores ganhos nos diversos índices de seleção empregados. Segundo Falconer (1987), a seleção baseada nos índices combinados é superior a outros métodos de seleção.

Desta forma, observou que a seleção combinada apresenta valor para ganho de seleção 30% a mais em relação à seleção entre e dentro, portanto, a seleção combinada deve ser utilizada como uma estratégia preferencial.

4.3. ESTIMATIVA DE GANHOS ATRAVÉS DE ÍNDICES DE SELEÇÃO BASEADO EM VALORES FENOTÍPICOS

A Tabela 4 contém as médias das progênes selecionadas e as estimativas de ganho de seleção através de índices com base em valores fenotípicos para as características avaliadas. Observa-se que o índice multiplicativo apresentou o menor ganho genético acumulado. Entretanto, o índice apresentou ganhos negativos superiores para as características MPE e EPE o que contribuiu para reduzir o ganho total. Os ganhos negativos observados para estas características são satisfatórios, uma vez que busca a redução da expressão dessas características.

O índice de soma de ranks proposto por Mulamba e Mock (1978) demonstrou ser mais adequado entre os índices, visto a melhor distribuição dos ganhos e a média das progênes selecionadas para as características NF, MF e ATT serem superiores ao do índice multiplicativo. Silva et al. (2012) também observou que o índice com base na soma de ranks possibilitou ganhos superiores e mais bem distribuídos entre os principais características e ganhos expressivos para as características PF, CF, DF. Freitas et al. (2013) observaram que o índice de Mulamba e Mock (1978) foi o que apresentou os melhores resultados para a seleção de progênes de irmãos completos de milho de pipoca, não apenas por proporcionar ganhos satisfatórios em características de interesse, mas, também em revelar ganhos negativos para características indesejáveis.

O índice clássico foi o que apresentou a pior distribuição de ganhos de seleção com um alto valor positivo para MC e valores negativos para as características SST e

ATT. Este índice não leva em consideração qual sentido de seleção será realizado para cada característica, ou seja, o índice atua de forma independente em relação ao interesse do melhoramento realizando uma seleção não discriminativa das progênes avaliadas.

Silva et al. (2012) observaram que os piores ganhos genéticos preditos foram obtidos quando foi utilizado o índice clássico onde foram observados ganhos de baixa magnitude e negativos para algumas características favoráveis do maracujazeiro azedo. O mesmo resultado foi observado por Gonçalves et al. (2007), segundo os quais, o índice clássico também apresentou o menor ganho predito em comparação com outros índices.

Tabela 4. Ganhos de seleção preditos para o índice clássico (IC), índice multiplicativo (IM), índice baseado na soma de ranks (ISR), índice baseado na distância do genótipo-ideótipo (IDGI) em 24 progênes de maracujazeiro azedo

Variável	IC		IM		ISR		IDGI	
	\bar{X}_s	GS%	\bar{X}_s	GS%	\bar{X}_s	GS%	\bar{X}_s	GS%
NF	18,19	-3,31	26,46	19,98	26,81	20,99	25,14	16,3
CF	96,04	5,88	88,15	-1,42	89,35	-0,31	89,96	0,25
DF	79,43	2,91	77,02	0,70	77,00	1,25	76,85	0,54
MF	212,45	6,61	191,59	0,46	194,28	0,68	195,18	1,51
MPE	105,30	12,15	87,86	-1,87	89,90	-0,32	90,80	0,36
MP	105,30	1,95	103,60	1,41	104,24	1,61	104,24	1,61
EPE	4,58	1,13	4,12	-1,12	4,19	-0,77	4,23	-0,57
SST	14,55	-1,68	14,94	0,16	14,96	0,25	14,95	0,21
ATT	3,25	-0,91	3,50	2,63	3,43	1,74	3,50	2,58
GS% total	24,71%		20,93%		25,12%		22,79%	
Progênes selecionadas	5, 18, 12, 13, 11 e 24		9, 1, 5, 10, 3 e 15		9, 1, 5, 10, 3 e 17		10, 9, 17, 5, 3 e 15	

NF: número de frutos por planta; CF: comprimento longitudinal de fruto (mm); DF: diâmetro equatorial de fruto (mm); MF: massa fresca de fruto (g); MPE: massa fresca do pericarpo; MP: massa fresca da polpa com sementes (g); EPE: espessura do pericarpo (mm); SST: teor de sólidos solúveis totais (°Brix); ATT: acidez total titulável (% ácido cítrico – equivalente de ácido cítrico por 100 mL de suco).

Pelos ganhos observados as progênes selecionadas pelo índice de soma de ranks são adequadas para a recombinação e continuidade do programa de melhoramento, visto que, apresentou a melhor distribuição de ganhos entre as características.

4.4. ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS VIA REML

Verificou-se que as estimativas de herdabilidade no sentido restrito entre progênes variaram de 0,131 (CF) a 0,191 (MP) e consideradas de baixa magnitude. Entretanto, Viana et al. (2004) e Krause et al. (2012) encontraram valores de

herdabilidade no sentido amplo superiores as herdabilidades encontradas neste trabalho. Segundo Farias Neto e Resende (2001), baixas estimativas de herdabilidade pode ser a estreita base genética da população, uma vez que as progênes são provenientes de um pequeno número de plantas.

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito entre progênes foram maiores que as estimativas de herdabilidade no sentido restrito dentro de progênes, indicando que a seleção entre progênes poderá promover maiores ganhos genéticos.

Tabela 5. Estimativa de parâmetros genéticos (REML) em 24 progênes de maracujazeiro azedo

Estimativa	NF	CF	DF	MF	MPE	MP	EPE	SST	ATT
σ_a^2	15,96	6,124	3,055	139,621	46,722	42,825	0,054	0,203	0,015
h_{mp}^2	0,177	0,131	0,167	0,184	0,168	0,191	0,190	0,165	0,191
h_{ad}^2	0,097	0,116	0,101	0,093	0,101	0,079	0,077	0,102	0,080
Ac_{prog}	0,420	0,362	0,409	0,429	0,409	0,437	0,436	0,406	0,437
$CV_{gi}\%$	20,643	2,759	2,287	6,192	7,521	6,607	5,340	3,043	3,726
$CV_{gp}\%$	10,321	1,379	1,143	3,096	3,760	3,303	2,670	1,521	1,863
$CV_e\%$	38,603	6,157	4,413	11,303	14,491	11,772	9,535	5,928	6,638
CV_r	0,267	0,224	0,259	0,278	0,259	0,280	0,280	0,256	0,280
Média	19,4	89,69	76,41	190,8	90,9	99,04	4,36	14,80	3,32

σ_a^2 : Variância genética aditiva; h_{mp}^2 : herdabilidade média de progênes; h_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro de parcela; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênes; $CV_{gi}\%$: coeficiente de variação genética aditiva individual; $CV_{gp}\%$: coeficiente de variação genotípica entre progênes; $CV_e\%$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa; NF: número de frutos por planta; CF: comprimento longitudinal do fruto (mm); DF: diâmetro equatorial do fruto (mm); MF: massa fresca do fruto (g); MPE: massa fresca do pericarpo (g); MP: massa fresca da polpa com sementes (g); EPE: espessura do pericarpo (mm); SST: teor de sólidos solúveis totais (°Brix); ATT: acidez total titulável (% ácido cítrico – equivalente de ácido cítrico por 100 mL de suco).

O coeficiente de variação residual observado para NF indica que há uma maior influência ambiental na característica. Entretanto, a característica número de frutos apresentou valores altos para coeficiente de variação genético individual e coeficiente de variação genético entre progênes, o que permite a obtenção de progressos genéticos maiores durante o processo de seleção, devido à maior variação genética disponível. As demais características apresentaram valores de CV_{gi} e CV_{gp} baixos, indicando que o progresso genético com a seleção será baixo.

Os valores de acurácia encontrados variaram entre 0,362 (CF) a 0,437 (ATT), que de acordo com a classificação de Resende e Duarte (2007) para a cultura do milho, são consideradas de baixa magnitude. A acurácia, segundo Resende (2002b), é o parâmetro mais importante na avaliação da precisão no acesso à variação genética

verdadeira. Assim quanto maior o valor da acurácia, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito. Todas as características apresentaram valores de acurácia semelhantes, refletindo a estimativa de herdabilidade. Segundo Oliveira et al. (2004), a seleção individual pelo procedimento BLUP considera também as informações sobre a família, propicia uma boa acurácia seletiva, mesmo que as estimativas de herdabilidade sejam baixas em nível de indivíduo.

O coeficiente de variação genético, que expressa em porcentagem da média geral a quantidade da variação genética existente revelou alto valor para a característica NF com coeficiente de variação genético (20,643%), indicando que a seleção poderá promover bons ganhos genéticos para esta característica. Viana et al. (2004) encontraram CV_g de 62,18% para número de frutos. Pelos valores obtidos do CV_e , observou-se maior variação para NF (38,603%), demonstrando alta influência ambiental para esta característica.

Outro parâmetro igualmente importante é o valor do coeficiente de variação relativo, equivalente ao índice de variação, que se refere à magnitude da razão entre o CV_g e CV_e e pode ser utilizado para determinar o sucesso da seleção. Foi observado que todas as características exibiram um valor de CV_r abaixo de 0,5 evidenciando uma maior proporção de variação ambiental nas estimativas.

Segundo Resende e Duarte (2007), valores altos de CV_r são adequados por propiciar acurácias elevadas, sendo diretamente proporcional a estimativa de herdabilidade. No entanto, as estimativas de herdabilidade observadas foram baixas e, portanto, o coeficiente de variação relativo demonstrou baixos valores. Ademais, segundo Vencovsky (1987), quando o coeficiente tende a 1 ou mais, indica que há uma situação favorável para a obtenção de ganho de seleção, o que não foi obtido para este estudo.

As estimativas dos coeficientes de correlação genéticos para as características avaliadas são demonstradas na Tabela 6. A característica NF apresentou correlações negativas e próximas de zero para as características físico-químicas de frutos. Assim, a seleção para número de frutos, espera-se uma baixa resposta correlacionada em relação às características físico-químicas de frutos e vice versa. Gonçalves et al. (2008) observaram em correlações fenotípicas, respostas negativas para NF com as características CF, DF, MF e EPE, indicando que a seleção com base no número de frutos irá resultar na seleção de progênies com frutos de menor tamanho e massa.

As características comprimento de fruto, diâmetro de fruto e massa de fruto, apresentaram correlações genéticas de alta magnitude entre si, o que constitui uma

vantagem, uma vez que o sentido de seleção é o mesmo para tais características. No entanto, observa-se que a massa do pericarpo é altamente correlacionada com comprimento de fruto, diâmetro de fruto e massa de fruto. Essas altas correlações indicam que a seleção conduzida com base nas características de tamanho e massa de fruto deverá refletir em estimativas de ganhos genéticos expressivos em massa do pericarpo.

Tabela 6. Correlação genética entre as características avaliadas em 24 progênies de maracujazeiro azedo através do procedimento REML/BLUP

Variável	NF	CF	DF	MF	MPE	MP	EPE	SST	ATT
NF	1	-0,2200	-0,0873	-0,1351	-0,2159	0,0814	-0,2348	0,2117	0,2045
CF	-	1	0,5605	0,8352	0,8945	0,5137	0,4823	-0,3851	-0,1423
DF	-	-	1	0,8263	0,7693	0,6873	0,0417	-0,1105	0,1796
MF	-	-	-	1	0,9080	0,8362	0,3309	-0,1942	0,0017
MPE	-	-	-	-	1	0,5396	0,5468	-0,2950	-0,0544
MP	-	-	-	-	-	1	-0,0097	0,0409	0,1021
EPE	-	-	-	-	-	-	1	-0,0725	-0,1056
SST	-	-	-	-	-	-	-	1	0,2498
ATT	-	-	-	-	-	-	-	-	1

NF: número de frutos por planta; CF: comprimento longitudinal de fruto (mm); DF: diâmetro equatorial de fruto (mm); MF: massa fresca de fruto (g); MPE: massa fresca do pericarpo (g); MP: massa fresca da polpa com sementes (g); EPE: espessura do pericarpo (mm); SST: teor de sólidos solúveis totais (°Brix); ATT: acidez total titulável (% ácido cítrico – equivalente de ácido cítrico por 100 mL de suco).

A massa de fruto apresentou alta correlação positiva com massa de polpa, indicando que frutos maiores apresentaram maior rendimento de polpa. Embora a correlação entre MF e MPE tenha sido elevada, segundo Albuquerque et al. (2002), a massa da polpa é mais importante comercialmente que o massa do pericarpo.

Santos et al. (2009) encontraram correlações fenotípicas altas e positivas entre MF com CF e DF com coeficientes de correlação 0,790 e 0,904 estando de acordo com os resultados obtidos neste trabalho. Segundo os mesmos autores, frutos com maior diâmetro equatorial apresentam maior massa de polpa. Dessa forma a seleção de frutos com maior diâmetro resultaria em frutos com maior rendimento de polpa, fato foi verificado pela correlação genética entre DF e MF.

As características SST e ATT apresentaram correlações genéticas próximas de zero e negativas para todas as características avaliadas, indicando que a seleção

praticada com base em características químicas de frutos apresentará uma baixa resposta correlacionada para as demais características e, conseqüentemente, menores ganhos de seleção. Morgado et al. (2010) verificaram que a característica NF foi negativamente correlacionada com as características qualitativas SST (-0,49) e ATT (-0,10), diferente dos valores encontrados nesse trabalho. Segundo os mesmos autores, a correlação negativa entre as características SST e ATT com NF indica um efeito de competição entre os frutos por fotoassimilados.

Segundo Falconer (1987), algumas vezes é possível alcançar progressos mais rápidos por meio da resposta correlacionada, do que pela seleção do caráter diretamente. Assim, a seleção baseada nas correlações genéticas pode auxiliar o direcionamento do processo de seleção para a obtenção de maiores ganhos.

4.5. SELEÇÃO INDIVIDUAL E ESTIMATIVAS DOS GANHOS VIA BLUP

Considerando a importância de selecionar novos genótipos de maracujazeiro azedo com alto desempenho para número de frutos, massa de fruto, massa de polpa, sólidos solúveis totais e acidez total titulável são apresentadas nas Tabelas 7, 8, 9, 10 e 11.

Foi determinada a seleção dos 25 melhores indivíduos representando 10% das plantas sobreviventes. E constatou-se que todos os indivíduos selecionados apresentaram novas médias superiores a média geral. Segundo Resende e Barbosa (2006), a seleção com base no BLUP individual, pode fornecer ganhos em eficiência seletiva por usar a informação de progênies, selecionando diferentes proporções de indivíduos dentro de progênies, os quais podem ser utilizados para avançar no programa de melhoramento.

Observe-se que a média dos indivíduos selecionados para número de frutos foi de 45 frutos o que representa um aumento de 136,8% em relação à média geral. O BLUP demonstrou ser totalmente eficaz na seleção de indivíduos para a característica número de frutos, devido à sua natureza poligênica e alta influência ambiental.

A seleção individual via BLUP para as outras características possibilitou um aumento de 12,11%, 8,53%, 15,81%, 10,01%, 10,20% e 6,33% para as características CF, DF, MF, MP, SST e ATT, respectivamente em relação a média geral. Segundo Freitas et al. (2013), a diferença pode ser explicada pelo fato do método REML/BLUP utilizar como vetor de soluções, os efeitos genotípicos preditos e ganhos de seleção para cada família, o que corrige os efeitos ambientais, predizendo de maneira precisa e não

viciada os valores genotípicos o que conduz a maximização dos ganhos genéticos com a seleção.

As progênies 1 e 5 foram as que obtiveram maior número de indivíduos selecionados para número de frutos e as progênies 15, 9 e 10 destacaram-se como as mais produtivas entre as selecionadas, com uma diferença de 16 frutos para a quarta melhor planta.

Para massa fresca de fruto e massa fresca de polpa, as progênies 13 e 11 foram as que obtiveram o maior número de indivíduos selecionados com destaque para as progênies 6, 9, 13 e 11 que ocuparam as cinco primeiras posições em ambas as características. Outra consideração importante é que 50% dos indivíduos selecionados coincidiram entre as características massa fresca de fruto e massa fresca de polpa. Isso se deve a alta correlação entre esses caracteres e é relativamente importante, visto que a seleção dos mesmos genótipos contribui simultaneamente para o progresso genético, uma vez que, a coincidência entre os indivíduos indica menor massa e espessura do pericarpo entre os selecionados.

A seleção de indivíduos para as características sólidos solúveis totais e acidez total titulável teve como destaque as progênies 22 e 9 com o maior número de indivíduos selecionados. Foi observado que a média dos selecionados para a característica SST foi de 17 °Brix, indicando o grande potencial destes indivíduos e acima dos valores 15,4 °Brix, 16,2 °Brix e 13,2 °Brix, encontrados por Meletti et al. (2000), Nascimento et al. (2003) e Sousa et al. (2012), respectivamente.

Cabe salientar que a baixa correlação observada para ambas às características não possibilitou a seleção dos mesmos indivíduos, indicando que a seleção para sólidos solúveis totais não ocorre da mesma forma que para acidez total titulável. Isso dificulta a seleção de genótipos superiores que reúna simultaneamente tais caracteres, uma vez que a seleção de indivíduos com altos valores de SST e ATT são importantes no processamento da fruta na indústria e no consumo in natura.

Tabela 7. Ordenação das 25 plantas primeiras de maracujazeiro azedo selecionadas via BLUP individual para a característica número de frutos (NF)

Ordem	Bloco	Progênes	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	d	g
1	1	15	4	61	3,482	22,836	3,482	22,836	2,047	5,528
2	1	9	1	60	3,421	22,775	3,451	22,806	1,924	5,345
3	1	10	4	60	3,342	22,697	3,415	22,769	2,049	5,392
4	3	7	3	44	3,015	22,370	3,315	22,670	1,730	4,745
5	2	5	2	44	2,928	22,282	3,237	22,592	1,164	4,091
6	3	7	4	42	2,821	22,176	3,168	22,523	1,600	4,421
7	1	17	1	53	2,723	22,077	3,104	22,459	1,500	4,223
8	2	8	2	45	2,693	22,048	3,053	22,408	1,758	4,451
9	3	1	4	38	2,670	22,025	3,010	22,365	0,961	3,631
10	2	16	2	42	2,567	21,921	2,966	22,321	1,301	3,867
11	2	1	4	40	2,553	21,908	2,929	22,283	0,883	3,436
12	1	15	2	50	2,413	21,768	2,886	22,240	1,335	3,748
13	1	1	3	47	2,363	21,717	2,845	22,200	0,756	3,119
14	2	20	2	42	2,359	21,713	2,811	22,165	1,633	3,992
15	1	5	3	47	2,349	21,704	2,780	22,134	0,778	3,127
16	3	2	1	37	2,272	21,627	2,748	22,103	1,378	3,649
17	2	9	3	39	2,251	21,606	2,719	22,074	1,145	3,396
18	2	14	2	40	2,243	21,598	2,692	22,047	1,377	3,621
19	1	18	4	48	2,175	21,530	2,665	22,020	1,275	3,450
20	1	3	2	48	2,175	21,530	2,641	21,995	1,275	3,450
21	3	2	3	36	2,175	21,530	2,619	21,973	1,313	3,488
22	2	3	1	39	2,171	21,526	2,598	21,953	1,273	3,444
23	1	1	2	45	2,168	21,523	2,580	21,934	0,627	2,795
24	1	5	1	44	2,058	21,412	2,558	21,912	0,584	2,641
25	2	16	3	36	1,984	21,339	2,535	21,889	0,000	2,896
Média dos selecionados				45,0	2,535	21,889	2,912	22,267	1,267	2,838

f: valor fenotípico individual; a: efeito genético aditivo predito; u+a: valor genético aditivo predito; d: efeito genético de dominância predito; g = a+d: efeito genético predito.

Tabela 8. Ordenação das 25 primeiras plantas de maracujazeiro azedo selecionadas via BLUP individual para a característica peso de fruto (MF)

Ordem	Bloco	Progênes	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	d	g
1	3	13	1	331	14,497	205,341	14,497	205,341	6,80	21,298
2	3	5	4	313	11,649	202,493	13,073	203,917	6,783	18,432
3	3	9	4	279	8,571	199,414	11,573	202,416	4,623	13,193
4	2	11	4	266	8,567	199,410	10,821	201,664	3,565	12,131
5	3	6	2	270	7,617	198,461	10,180	201,024	4,114	11,732
6	3	13	4	254	7,360	198,203	9,710	200,554	2,042	9,401
7	3	11	4	258	7,281	198,124	9,363	200,206	2,708	9,988
8	3	1	1	273	7,121	197,964	9,083	199,926	5,108	12,229
9	3	9	3	263	7,084	197,927	8,861	199,704	3,631	10,715
10	3	12	1	263	7,017	197,860	8,676	199,520	3,664	10,681
11	2	23	2	260	6,828	197,672	8,508	199,352	4,347	11,176
12	3	24	4	253	6,525	197,369	8,343	199,186	2,727	9,252
13	2	24	1	247	6,473	197,316	8,199	199,043	2,692	9,164
14	1	6	3	251	6,360	197,203	8,068	198,911	3,276	9,636
15	2	13	2	235	6,117	196,961	7,938	198,781	1,214	7,331
16	1	13	3	235	6,065	196,908	7,821	198,664	1,179	7,244
17	2	17	3	247	5,979	196,822	7,712	198,556	3,209	9,188
18	2	13	4	233	5,969	196,812	7,616	198,459	1,115	7,083
19	1	13	4	232	5,768	196,611	7,518	198,362	0,981	6,748
20	1	11	4	231	5,224	196,068	7,404	198,247	1,336	6,561
21	1	24	2	234	5,175	196,019	7,297	198,141	1,827	7,002
22	3	3	4	251	5,144	195,988	7,20	198,043	3,593	8,737
23	3	12	4	242	5,083	195,927	7,108	197,951	2,375	7,459
24	1	11	1	228	5,029	195,873	7,021	197,864	1,206	6,236
25	3	18	1	243	4,871	195,714	6,935	197,778	2,720	7,592
Média dos Selecionados				256,038	6,935	197,778	8,821	199,664	3,073	10,008

f: valor fenotípico individual; a: efeito genético aditivo predito; u+a: valor genético aditivo predito; d: efeito genético de dominância predito; g = a+d: efeito genético predito.

Tabela 9. Ordenação das 25 primeiras plantas de maracujazeiro azedo selecionadas via BLUP individual para a característica massa fresca da polpa com sementes (MP)

Ordem	Bloco	Progênie	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	d	g
1	3	9	4	178	7,315	106,358	7,315	106,358	3,843	11,158
2	3	13	1	148	5,441	104,483	6,378	105,420	2,002	7,443
3	2	11	4	150	5,393	104,436	6,050	105,092	2,252	7,645
4	3	9	3	154	5,337	104,379	5,872	104,914	2,524	7,861
5	3	6	2	152	5,241	104,283	5,745	104,788	2,412	7,652
6	1	6	3	149	5,083	104,125	5,635	104,677	2,306	7,389
7	3	13	4	134	4,340	103,382	5,450	104,492	1,268	5,608
8	1	6	2	139	4,285	103,328	5,304	104,347	1,775	6,060
9	3	10	4	138	4,182	103,225	5,180	104,222	1,647	5,829
10	2	13	4	128	3,916	102,958	5,053	104,096	0,986	4,902
11	3	11	4	131	3,839	102,881	4,943	103,985	1,216	5,055
12	1	10	3	131	3,754	102,796	4,844	103,886	1,361	5,114
13	3	13	3	126	3,734	102,776	4,758	103,801	0,864	4,598
14	2	8	3	145	3,461	102,503	4,666	103,708	2,471	5,932
15	1	11	4	124	3,410	102,452	4,582	103,624	0,930	4,340
16	3	12	4	138	3,385	102,427	4,507	103,550	1,972	5,357
17	3	1	1	137	3,082	102,124	4,423	103,466	1,932	5,014
18	2	11	1	121	3,080	102,122	4,349	103,391	0,710	3,790
19	1	13	2	115	2,906	101,948	4,273	103,315	0,312	3,218
20	2	10	3	121	2,849	101,891	4,202	103,244	0,758	3,607
21	3	5	3	131	2,835	101,877	4,136	103,179	1,597	4,432
22	1	13	3	114	2,826	101,869	4,077	103,119	0,259	3,085
23	2	11	2	118	2,825	101,867	4,022	103,065	0,540	3,364
24	2	1	2	133	2,817	101,860	3,972	103,015	1,756	4,573
25	1	13	1	113	2,810	101,853	3,926	102,968	0,248	3,059
Média dos selecionados				135	3,926	102,968	4,946	103,989	1,518	5,443

f: valor fenotípico individual; a: efeito genético aditivo predito; u+a: valor genético aditivo predito; d: efeito genético de dominância predito; g = a+d: efeito genético predito.

Tabela 10. Ordenação das 25 primeiras plantas de maracujazeiro azedo selecionadas via BLUP individual para a característica sólidos solúveis totais (SST)

Ordem	Bloco	Progênie	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	d	g
1	1	14	2	19	0,394	15,203	0,394	15,203	0,227	0,621
2	3	22	4	18	0,327	15,136	0,361	15,169	0,116	0,443
3	3	12	3	18	0,305	15,114	0,342	15,151	0,158	0,463
4	1	22	1	17	0,286	15,095	0,328	15,137	0,089	0,375
5	3	20	3	17	0,273	15,082	0,317	15,126	0,130	0,403
6	3	22	3	17	0,271	15,08	0,309	15,118	0,078	0,349
7	2	15	2	17	0,255	15,064	0,302	15,110	0,148	0,402
8	2	12	3	17	0,234	15,043	0,293	15,102	0,111	0,346
9	2	22	4	17	0,228	15,037	0,286	15,095	0,050	0,278
10	3	16	4	17	0,226	15,035	0,280	15,089	0,107	0,333
11	3	7	1	17	0,219	15,028	0,274	15,083	0,145	0,363
12	1	16	2	17	0,219	15,028	0,270	15,079	0,103	0,321
13	2	13	3	17	0,218	15,027	0,266	15,075	0,104	0,323
14	3	21	1	17	0,216	15,025	0,262	15,071	0,120	0,336
15	2	21	3	17	0,214	15,023	0,259	15,068	0,119	0,333
16	2	22	1	17	0,211	15,019	0,256	15,065	0,038	0,249
17	3	20	4	17	0,206	15,015	0,253	15,062	0,086	0,292
18	3	1	4	17	0,204	15,013	0,250	15,059	0,139	0,343
19	2	20	3	17	0,204	15,012	0,248	15,057	0,084	0,287
20	3	22	2	17	0,198	15,007	0,245	15,054	0,030	0,228
21	2	9	1	17	0,194	15,003	0,243	15,052	0,125	0,319
22	3	5	2	17	0,193	15,002	0,241	15,050	0,142	0,335
23	3	9	3	17	0,187	14,996	0,238	15,047	0,121	0,308
24	2	13	2	17	0,186	14,995	0,236	15,045	0,083	0,268
25	2	12	2	17	0,181	14,99	0,234	15,043	0,076	0,257
Média dos selecionados				17	0,234	15,043	0,279	15,088	0,109	0,343

f: valor fenotípico individual; a: efeito genético aditivo predito; u+a: valor genético aditivo predito; d: efeito genético de dominância predito; g = a+d: efeito genético predito.

Tabela 11. Ordenação das 25 primeiras plantas de maracujazeiro azedo selecionadas via BLUP individual para a característica acidez total titulável (ATT)

Ordem	Bloco	Progênie	Planta	f	a	u+a	Ganho	Nova Média	d	g
1	3	9	3	4,37	0,117	3,439	0,117	3,439	0,048	0,165
2	3	3	3	4,41	0,102	3,425	0,110	3,432	0,056	0,158
3	1	19	3	4,60	0,098	3,420	0,106	3,428	0,068	0,166
4	1	15	4	4,21	0,093	3,415	0,102	3,425	0,038	0,131
5	1	9	3	4,10	0,090	3,413	0,100	3,423	0,030	0,120
6	3	9	1	4,02	0,089	3,411	0,098	3,421	0,029	0,118
7	2	10	2	4,31	0,088	3,411	0,097	3,419	0,047	0,136
8	1	15	2	4,13	0,086	3,409	0,095	3,418	0,034	0,120
9	3	2	1	4,11	0,086	3,408	0,094	3,417	0,037	0,123
10	3	2	3	4,09	0,084	3,407	0,093	3,416	0,036	0,120
11	2	15	1	4,07	0,082	3,404	0,092	3,415	0,031	0,113
12	1	9	1	3,99	0,082	3,404	0,091	3,414	0,024	0,105
13	3	3	2	4,10	0,077	3,400	0,090	3,413	0,040	0,117
14	1	9	2	3,90	0,074	3,397	0,089	3,412	0,019	0,093
15	2	3	4	4,11	0,074	3,396	0,088	3,411	0,037	0,111
16	3	13	1	4,01	0,068	3,390	0,087	3,409	0,036	0,103
17	2	2	1	3,94	0,068	3,390	0,086	3,408	0,025	0,093
18	1	12	2	3,98	0,065	3,387	0,085	3,407	0,029	0,094
19	3	14	1	3,89	0,063	3,386	0,083	3,406	0,027	0,090
20	3	8	3	4,18	0,062	3,384	0,082	3,405	0,052	0,113
21	3	12	3	3,86	0,060	3,382	0,081	3,404	0,026	0,086
22	2	9	1	3,71	0,059	3,382	0,080	3,403	0,009	0,069
23	3	15	2	3,72	0,059	3,381	0,079	3,402	0,015	0,074
24	1	9	4	3,69	0,057	3,380	0,078	3,401	0,008	0,065
25	1	10	1	3,91	0,056	3,379	0,078	3,400	0,026	0,083
Média dos selecionados				4,06	,078	3,400	0,091	3,414	0,033	0,111

f: valor fenotípico individual; a: efeito genético aditivo predito; u+a: valor genético aditivo predito; d: efeito genético de dominância predito; g = a+d: efeito genético predito.

4.6. SELEÇÃO DE PROGÊNIAS E ESTIMATIVAS DOS GANHOS VIA BLUP

Considerando a seleção das seis melhores progênies para as características NF, CF, DF, MF, MP, SST e ATT via BLUP foi observado que todas as progênies selecionadas apresentaram novas médias superiores a média geral e para as características MPE e EPE médias inferiores a média geral apresentadas nas Tabelas 12 a 16..

As progênies 9, 12, e 13 destacaram como promissoras, sendo selecionadas em seis, quatro e cinco características, respectivamente, das nove características avaliadas.

Foi observado que apenas a progênie 9 selecionada para número de frutos, também foi selecionada para DF, MF, MP, EPE e ATT, indicando ser a melhor progênie para processos de recombinação e obtenção de híbridos

Freitas et al. (2013) observou que a metodologia REML/BLUP demonstrou ser eficiente, tendo selecionado progênies com desempenhos elevado e com ganhos genéticos preditos promissores para a cultura do milho de pipoca.

Tabela 12. Ordenação de 24 progênies meio irmãos de maracujazeiro azedo selecionados via componentes de médias para o caráter número de frutos (NF)

Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média
1	1	2,457	2,457	21,812
2	5	2,364	2,411	21,765
3	16	1,232	2,018	21,373
4	9	1,068	1,780	21,135
5	17	0,945	1,613	20,968
6	7	0,842	1,485	20,839
7	15	0,822	1,390	20,745
8	10	0,536	1,283	20,638
9	18	0,526	1,199	20,554
10	3	0,525	1,132	20,486
11	2	0,412	1,066	20,421
12	14	0,355	1,007	20,362
13	8	0,112	0,938	20,293
14	20	-0,183	0,858	20,213
15	22	-0,340	0,778	20,133
16	11	-0,507	0,698	20,053
17	6	-0,668	0,618	19,972
18	12	-0,827	0,537	19,892
19	13	-1,260	0,443	19,797
20	23	-1,329	0,354	19,709
21	4	-1,368	0,272	19,627
22	24	-1,747	0,180	19,535
23	21	-1,804	0,094	19,449
24	19	-2,163	0,000	19,355

a: efeito genético predito.

Tabela 13. Ordenação de 24 progênes meio irmãos de maracujazeiro azedo selecionados via componentes de médias para o caráter comprimento de fruto (CF) e diâmetro de fruto (DF)

CF					DF				
Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média	Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média
1	11	0,941	0,941	90,627	1	24	1,105	1,105	77,519
2	24	0,792	0,867	90,553	2	9	0,972	1,039	77,453
3	5	0,783	0,839	90,525	3	13	0,894	0,990	77,405
4	13	0,747	0,816	90,502	4	12	0,515	0,872	77,286
5	18	0,645	0,781	90,468	5	10	0,412	0,780	77,194
6	23	0,638	0,758	90,444	6	18	0,357	0,709	77,123
7	12	0,575	0,731	90,418	7	11	0,312	0,653	77,067
8	6	0,574	0,712	90,398	8	22	0,162	0,591	77,005
9	17	0,521	0,690	90,377	9	1	0,055	0,532	76,946
10	19	0,008	0,622	90,308	10	5	0,013	0,480	76,894
11	14	-0,156	0,551	90,238	11	6	-0,055	0,431	76,845
12	9	-0,178	0,491	90,177	12	3	-0,078	0,389	76,803
13	3	-0,182	0,439	90,125	13	23	-0,143	0,348	76,762
14	8	-0,191	0,394	90,080	14	14	-0,167	0,311	76,725
15	4	-0,213	0,354	90,040	15	4	-0,171	0,279	76,693
16	20	-0,243	0,316	90,002	16	17	-0,258	0,246	76,660
17	15	-0,251	0,283	89,969	17	20	-0,277	0,215	76,629
18	2	-0,465	0,241	89,927	18	2	-0,318	0,185	76,599
19	10	-0,521	0,201	89,887	19	7	-0,328	0,158	76,572
20	1	-0,527	0,165	89,851	20	15	-0,351	0,133	76,547
21	22	-0,578	0,129	89,816	21	8	-0,378	0,108	76,523
22	7	-0,800	0,087	89,773	22	19	-,0498	0,081	76,495
23	21	-0,957	0,042	89,728	23	21	-0,815	0,042	76,456
24	16	-0,961	0,000	89,686	24	16	-,0963	0,000	76,414

a: efeito genético predito.

Tabela 14. Ordenação de 24 progênes meio irmãos de maracujazeiro azedo selecionados via componentes de médias para o caráter massa fresca de fruto (MF) e massa fresca do pericarpo (MPE)

MF					MPE				
Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média	Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média
1	13	8,593	8,593	199,437	1	16	-3,549	-3,549	87,334
2	11	6,439	7,516	198,360	2	21	-2,690	-3,120	87,763
3	24	4,870	6,634	197,478	3	8	-2,567	-2,936	87,947
4	9	3,274	5,794	196,638	4	2	-2,012	-2,705	88,178
5	12	3,041	5,244	196,087	5	20	-1,814	-2,527	88,356
6	5	2,951	4,862	195,705	6	7	-1,723	-2,393	88,490
7	6	2,891	4,580	195,423	7	10	-1,094	-2,207	88,676
8	17	2,329	4,299	195,142	8	15	-1,029	-2,060	88,823
9	18	1,581	3,997	194,840	9	3	-1,019	-1,944	88,939
10	10	1,458	3,743	194,586	10	1	-0,985	-1,868	89,015
11	23	,615	3,459	194,302	11	22	-,0892	-1,779	89,104
12	3	-,490	3,130	193,973	12	19	-0,608	-1,681	89,202
13	1	-1,083	2,805	193,649	13	4	-0,107	-1,569	89,314
14	19	-1,292	2,513	193,356	14	9	-0,073	-1,469	89,414
15	22	-1,417	2,251	193,094	15	14	0,075	-1,366	89,517
16	14	-1,693	2,004	192,848	16	9	0,725	-1,235	89,648
17	4	-1,782	1,782	192,625	17	17	1,426	-1,079	89,804
18	15	-1,917	1,576	192,419	18	23	1,544	-0,933	89,950
19	7	-3,637	1,302	192,145	19	5	1,866	-0,786	90,097
20	8	-3,643	1,055	191,898	20	12	2,095	-0,642	90,241
21	20	-4,080	0,810	191,653	21	11	2,424	-0,496	90,387
22	2	-4,564	0,566	191,409	22	18	2,565	-0,357	90,526
23	21	-5,927	0,284	191,127	23	24	3,549	-0,187	90,696
24	16	-6,520	0,000	190,843	24	13	3,894	0,000	90,883

a: efeito genético predito.

Tabela 15. Ordenação de 24 progênes meio irmãos de maracujazeiro azedo selecionados via componentes de médias para o caráter massa fresca da polpa (MP) e espessura do pericarpo (EPE)

MP					EPE				
Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média	Ordem	Progênes	a	Ganho	Nova Média
1	13	4,875	4,875	103,918	1	8	-0,142	-0,142	4,222
2	11	4,030	4,453	103,495	2	10	-0,127	-0,135	4,230
3	10	3,425	4,110	103,152	3	20	-0,102	-0,124	4,240
4	6	3,247	3,894	102,937	4	9	-0,088	-0,115	4,250
5	9	3,103	3,736	102,778	5	24	-0,075	-0,107	4,257
6	17	0,950	3,272	102,314	6	3	-0,072	-0,101	4,263
7	5	0,878	2,930	101,972	7	1	-0,058	-0,095	4,270
8	12	0,853	2,670	101,712	8	2	-0,051	-0,089	4,275
9	1	0,367	2,414	101,456	9	21	-0,041	-0,084	4,280
10	24	0,242	2,197	101,239	10	22	-0,037	-0,079	4,285
11	3	0,007	1,998	101,040	11	6	-0,025	-0,074	4,290
12	22	-0,176	1,817	100,859	12	15	-0,021	-0,070	4,294
13	8	-0,491	1,639	100,682	13	16	-0,017	-0,066	4,298
14	15	-0,572	1,481	100,524	14	7	-0,001	-0,061	4,303
15	19	-1,007	1,315	100,358	15	11	0,032	-0,055	4,309
16	18	-1,590	1,134	100,176	16	5	0,034	-0,051	4,315
17	7	-1,615	0,972	100,014	17	23	0,068	-0,043	4,322
18	4	-1,743	0,821	99,864	18	19	0,083	-0,036	4,329
19	14	-1,886	0,679	99,721	19	4	0,087	-0,029	4,335
20	23	-1,964	0,547	99,589	20	17	0,098	-0,023	4,341
21	20	-2,035	0,424	99,466	21	14	0,102	-0,017	4,347
22	2	-2,313	0,299	99,342	22	18	0,010	-0,016	4,349
23	16	-2,398	0,182	99,224	23	13	0,104	-0,010	4,354
24	21	-4,186	0,000	99,042	24	12	0,146	0,000	4,364

a: efeito genético predito.

Tabela 16. Ordenação de 24 progênes meio irmãos de maracujazeiro azedo selecionados via componentes de médias para o caráter teor de sólidos solúveis (SST) e acidez total titulável (ATT)

SST					ATT				
Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média	Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média
1	22	0,307	0,307	15,116	1	9	0,091	0,091	3,414
2	20	0,156	0,231	15,040	2	15	0,072	0,082	3,404
3	12	0,135	0,199	15,008	3	2	0,059	0,074	3,397
4	16	0,129	0,182	14,991	4	14	0,044	0,067	3,389
5	13	0,124	0,170	14,979	5	12	0,042	0,062	3,384
6	14	0,107	0,160	14,968	6	3	0,036	0,057	3,380
7	21	0,070	0,147	14,956	7	10	0,034	0,054	3,377
8	15	0,067	0,137	14,946	8	13	0,028	0,051	3,373
9	17	0,052	0,127	14,936	9	5	0,013	0,047	3,369
10	6	0,050	0,120	14,928	10	20	0,012	0,043	3,366
11	10	0,030	0,111	14,920	11	23	0,003	0,040	3,362
12	9	0,012	0,103	14,912	12	19	-0,009	0,036	3,358
13	7	0,004	0,096	14,904	13	4	-0,014	0,032	3,354
14	2	0,002	0,089	14,898	14	1	-0,015	0,028	3,351
15	1	-0,008	0,082	14,891	15	16	-0,019	0,025	3,348
16	5	-0,038	0,075	14,884	16	17	-0,021	0,022	3,345
17	3	-0,061	0,067	14,876	17	24	-0,023	0,020	3,342
18	19	-0,106	0,057	14,866	18	8	-0,032	0,017	3,339
19	8	-0,111	0,048	14,857	19	6	-0,033	0,014	3,337
20	18	-0,124	0,040	14,849	20	21	-0,036	0,012	3,334
21	11	-0,159	0,030	14,839	21	7	-0,038	0,009	3,332
22	24	-0,196	0,020	14,829	22	22	-0,041	0,007	3,329
23	23	-0,212	0,010	14,819	23	18	-0,069	0,004	3,326
24	4	-0,229	0,000	14,809	24	11	-0,084	0,000	3,322

a: efeito genético predito.

4.7. COMPARAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO BASEADOS EM VALORES FENOTÍPICOS E GENOTÍPICOS

Os índices de seleção são utilizados com o propósito de escolher materiais superiores, com base em um complexo de variáveis que reúna atributos de interesse do melhorista, de modo a resultar em melhores ganhos simultâneos (Cruz et al., 2004).

Conforme observado na Tabela 17, os índices 2, 3 e 4 demonstraram alta coincidência de progênies selecionadas entre os índices 5, 6 e 7. Enquanto que, o índice 1 apresentou maior coincidência apenas com o índice 7, com no mínimo três progênies coincidentes.

Observa-se que o índice 1 foi a estratégia de seleção contrastante com as demais, visto que a coincidência de progênies foi pequena. Enquanto isso, o índice 5 foi comparável aos índices 2 e 4, coincidindo com as progênies 1, 5, 9 e 10. Gonçalves et al. (2007) promovendo seleção em progênies de maracujazeiro para qualidade de fruto verificou que o índice de soma de ranks proposto por Mulamba e Mock (1978) demonstrou superioridade em relação a outros índices. Outros autores como Maêda et al. (2001) e Oliveira et al. (2008) observaram que o índice clássico baseado em valores fenotípicos demonstrou ser inferior em relação a outros índices na seleção de progênies superiores e obtenção de ganhos genéticos positivos para caracteres de interesse.

Cabe salientar, que o índice clássico genotípico demonstrou ser adequado na seleção de progênies em relação ao índice clássico fenotípico, devido ao maior número de progênies coincidentes entre os índices 2, 3, 4, 6 e 7.

As progênies 1, 5, 9, 10, e 13 foram mais vezes selecionadas (no mínimo em quatro índices), portanto, são indicadas, para serem recombinadas e darem origem ao próximo ciclo de seleção. A progênie 9 foi selecionada em seis índices dos sete índices empregados, indicando o potencial da progênie no programa de melhoramento.

A seleção por índice de soma de ranks, multiplicativo e distância do genótipo ao ideótipo obtiveram entre 50 a 66% de coincidência com os índices baseados no valor genético. Isso demonstra que estes índices são adequados para predição de ganhos genéticos e seleção de progênies com relação ao uso dos valores genéticos usados na seleção via BLUP.

A seleção por valores genéticos tem se demonstrado satisfatório na obtenção de genótipos superiores. Segundo Resende (2002b), o emprego de valores genéticos é uma alternativa na obtenção de um processo de seleção mais acurado em substituição dos valores fenotípicos.

Tabela 17. Comparação de progênes selecionadas entre os índices clássico, multiplicativo e soma de ranks baseados em valores fenotípicos com os índices clássico multiplicativo e soma de ranks baseados em valores genotípicos na seleção de progênes de maracujazeiro azedo

Metodologia	Índice de Seleção	Progênes Selecionadas
Valores Fenotípicos	Índice 1	5, 18, 12, 13,11 e 24
	Índice 2	9, 1, 5, 10, 3 e 15
	Índice 3	9, 1, 5, 10, 3 e 17
	Índice 4	10, 9, 17, 5, 3 e 15
Valores Genotípicos	Índice 5	9, 10, 13,5, 6 e 1
	Índice 6	5, 9, 17, 13, 18 e 1
	Índice 7	9, 10, 5, 13, 12 e 3

Índice 1: índice clássico baseado em valores fenotípicos; Índice 2: índice multiplicativo baseado em valores fenotípicos; Índice 3: índice de soma de ranks baseado em valores fenotípicos; Índice 4: índice da distância do genótipo-ideótipo baseado em valores fenotípicos; Índice 5: índice clássico baseado em valores genotípicos; Índice 6: índice multiplicativo baseado em valores genotípicos; Índice 7: índice de soma de ranks baseado em valores genotípicos.

4.8. COEFICIENTE DE COINCIDÊNCIA ENTRE DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO

De acordo com os resultados mostrados na Tabela 18, os coeficientes de coincidência variaram entre as estratégias, devido a grande divergência nas progênes selecionadas. Segundo Pedrozo et al. (2009), quanto maior o coeficiente de coincidência entre os dois índices maior será a concordância dos resultados.

Observa-se que o índice clássico fenotípico (IC) foi o que apresentou os menores coeficientes de coincidência entre as estratégias de seleção fenotípicas e genotípicas analisadas. O baixo coeficiente de coincidência para IC/IC_{BLUP} demonstra que o índice clássico é divergente em relação à seleção por valores genéticos, indicando não ser uma boa estratégia de seleção em relação aos índices fenotípicos e genotípicos. Segundo Oliveira et al. (2008), existem contradições em relação à superioridade na predição do índice clássico fenotípico. Alguns autores demonstraram a superioridade do índice clássico na predição de ganhos no processo de seleção em pinus e eucalipto (Allen, 1992; Martins et al., 2006), enquanto outros autores demonstraram o contrário, em maracujazeiro azedo (Gonçalves et al., 2007; Oliveira et al., 2008).

O índice de soma de ranks fenotípico (ISR) apresentou os maiores coeficientes de coincidência com 66% das progênes que foram selecionados entre os IC_{BLUP} , IM_{BLUP} e ISR_{BLUP} , revelando ser um bom índice de seleção ao ser comparado aos índices genotípicos. O índice IM revelou ser o segundo melhor índice em relação ao ISR, com coeficientes de coincidência de 66%, 50% e 66% entre o IC_{BLUP} , IM_{BLUP} e ISR_{BLUP} , respectivamente.

Quando comparado os índices de seleção fenotípicos com o BLUP individual, observa-se que os maiores valores de coincidência foram obtidos com índice de soma de ranks proposto por Mulamba e Mock (1978). E de acordo com os coeficientes de coincidência, o índice de soma ranks fenotípico coincidiu com 66% para a característica NF e 50% para MP das progênes selecionadas pelo BLUP individual. Enquanto que, o índice baseado na distância do genótipo-ideótipo (IDGI) coincidiu com 50% para NF e MP e o índice multiplicativo (IM) com 50% e 33% para NF e MP, respectivamente. Vários autores como Costa et al. (2004), Bertini et al. (2010), Rosado et al. (2012) e Teixeira et al. (2012) demonstraram que o índice de soma de ranks é mais adequado na seleção de progênes e obtenção de progressos superiores com distribuição de ganhos balanceados entre as características em relação a outros índices fenotípicos.

Os coeficientes de coincidência entre as estratégias de seleção direta, entre e dentro e combinada, variaram de 0,83 a 1 em relação à seleção BLUP individual para as características NF e MP. Isso indica que as estratégias de seleção univariadas fenotípicas são equivalentes à seleção genotípica a nível individual, considerando apenas um único caráter como critério de seleção.

A seleção direta para NF e MP e entre e dentro para NF apresentaram o menor coeficiente de coincidência com 33% das progênies selecionadas pelo ISR_{BLUP} . Enquanto que, os coeficientes de coincidência entre SD_{NF} , SD_{MP} e SED_{NF} foram 66%, 50% e 66% das progênies selecionadas pelo ISR. A diferença observada consiste no emprego dos valores genéticos na construção do ISR_{BLUP} . Assim, quanto maior o valor genético da progênie para cada característica, menor é o posto em que estará classificada. Segundo Resende (2002b), o uso de valores genéticos na construção de índices de seleção pode resultar em um processo mais preciso, visto que a seleção leva em consideração o valor aditivo existente que estará na próxima geração.

Pode-se observar que a seleção utilizando o ISR foi a melhor estratégia de seleção entre as metodologias fenotípicas analisadas. Assim, as informações desse trabalho podem auxiliar nos programas de melhoramento, no sentido de aumentar a precisão do processo seletivo, maximizando os ganhos genéticos e auxiliando de forma eficaz na escolha das progênies que serão utilizadas no processo de recombinação.

Desse modo, a comparação por coeficientes de coincidência permite identificar quais estratégias de seleção fenotípicas são iguais ou não em relação à seleção baseada nos valores genotípicos.

Tabela 18. Coeficientes de coincidência para as seis melhores progênies de maracujazeiro azedo

	IC	IM	ISR	IDGI	SD _{NF}	SD _{MP}	SED _{NF}	SED _{MP}	SC _{NF}	SC _{MP}	IC _{BLUP}	IM _{BLUP}	ISR _{BLUP}	NF _{BLUP}	MP _{BLUP}
IC	1	0,16	0,16	0,16	0,16	0,5	0,16	0,33	0,33	0,5	0,33	0,33	0,5	0,16	0,33
IM	-	1	0,83	0,83	0,5	0,5	0,5	0,33	0,83	0,33	0,66	0,5	0,66	0,5	0,33
ISR	-	-	1	0,83	0,66	0,5	0,66	0,5	0,83	0,33	0,66	0,66	0,66	0,66	0,5
IDGI	-	-	-	1	0,5	0,5	0,5	0,5	0,83	0,33	0,5	0,5	0,66	0,5	0,5
SD _{NF}	-	-	-	-	1	0,33	1	0,33	1	0,33	0,5	0,66	0,33	1	0,33
SD _{MP}	-	-	-	-	-	1	0,33	0,83	0,33	0,83	0,5	0,5	0,33	0,33	0,83
SED _{NF}	-	-	-	-	-	-	1	0,33	1	0,16	0,5	0,66	0,33	1	0,33
SED _{MP}	-	-	-	-	-	-	-	1	0,33	0,83	0,66	0,5	0,5	0,33	1
SC _{NF}	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0,16	0,5	0,83	0,5	1	0,5
SC _{MP}	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0,5	0,33	0,83	0,16	0,83
IC _{BLUP}	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0,66	0,66	0,5	0,66
IM _{BLUP}	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0,66	0,66	0,5
ISR _{BLUP}	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0,33	0,5
NF _{BLUP}	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0,33
MP _{BLUP}	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1

IC: índice clássico via valores fenotípicos; IM: índice multiplicativo via valores fenotípicos; ISR: índice baseado na soma de ranks via valores fenotípicos; IDGI: índice baseado na distância do genótipo-ideótipo via valores fenotípicos; SD_{NF}: seleção direta para a característica número de frutos (NF) via valores fenotípicos; SD_{MP}: seleção direta para a característica massa de polpa (MP) via valores fenotípicos; SED_{NF}: seleção entre e dentro para a característica número de frutos (NF) via valores fenotípicos; SED_{MP}: seleção entre e dentro para a característica massa fresca de polpa (MP) via valores fenotípicos; SC_{NF}: seleção combinada para a característica número de frutos (NF) via valores fenotípicos; SC_{MP}: seleção combinada para a característica massa de polpa (MP) via valores fenotípicos; IC_{BLUP}: índice clássico via BLUP; IM_{BLUP}: índice multiplicativo via BLUP; ISR_{BLUP}: índice com base na soma de ranks via BLUP; NF_{BLUP}: seleção de progênies via BLUP para a característica número de frutos (NF); MP_{BLUP}: seleção de progênies via BLUP para a característica massa de polpa (MP).

5. CONCLUSÕES

- 1) A seleção direta, entre e dentro e combinada demonstrou ser equivalente à seleção via BLUP individual indicando que não há diferenças entre as metodologias na seleção de progênies de maracujazeiro azedo.
- 2) O índice clássico fenotípico foi a pior estratégia de seleção de acordo com os coeficientes de coincidência.
- 3) O índice de soma de ranks fenotípico demonstrou ser um bom índice de seleção comparado aos índices genotípicos.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, A. S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; CASALI, V. W. D.; ARAÚJO, R. da C.; MOREIRA, A. E.; SOUZA, J. A. de. Possibilidade de seleção indireta para peso do fruto e rendimento em polpa em maracujá (*Passiflora edulis* Sims). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 17. 2002, Belém. **Anais...** Belém: Embrapa, 2002. CD-ROM.

ALLEN, P. J. Selection indices for the genetic improvement of caribbean pine to increase sawn timber production. **Australian Forestry**, v. 55, n. 1, p. 90-95, 1992.

ALMEIDA FILHO, J. E. D.; TARDIN, F. D.; RESENDE, M. D. V. D.; GRANATO, Í. S. C.; MENEZES, C. B. D. Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. **Scientia Agricola**, v. 71, n. 2, p. 146-150, 2014.

BERTINI, C. H. C. de M.; ALMEIDA, W. S. de; SILVA, A. P. M. da; SILVA, J. W. L.; TEÓFILO, E. M. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 4 p. 613-619, 2010.

COSTA, M. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.

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

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

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279 p.

FARIAS NETO, J. T. de; RESENDE, M. D. V. de. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.

FERRAZ, J. V.; LOT, L. Fruta para consumo in natura tem boa perspectiva de renda. In: HARADA, E.; FERRAZ, J. V.; SILVA, M. L. M. da. *Agriannual 2006 –Anuário da Agricultura Brasileira*. São Paulo: FNP Consultoria e Comércio, p. 387-388, 2006

FISHER, R. A. **Applications of student's distribution**. *Metro*, ed. 5, n. 90, 1925, 104 p.

FREITAS, I. L. de J.; AMARAL JUNIOR, A. T, VIANA, A. P.; PENA, G. F.; CABRAL, P. S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T. R. C. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 11, p. 1464-1471, 2013.

FREITAS, J. P. X .; OLIVEIRA, E. J.; CRUZ NETO, A. J.; SANTOS, L. R. Avaliação de recursos genéticos de maracujazeiro amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 9, p. 1013-1020, 2011.

FREITAS, J. P. X.; OLIVEIRA, E. J.; JESUS, O. N.; CRUZ NETO, A. J.; SANTOS, L. R. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro amarelo com

uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 3, p. 393-401, 2012.

FREITAS, R. G. de; VASCONCELOS, E. S. de; CRUZ, C. D.; ROSADO, A. M.; ROCHA, R. B.; TAKAMI, L. K. Predição de ganhos genéticos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção. **Revista Árvore**, v. 33, n. 2, p. 255-263, 2009.

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**, v. 42, n. 2, p. 193-198, 2007.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; REIS, L. S. dos.; NETO, F. V. B.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; REIS, L. S. dos. Correlações fenotípicas e genético-aditivas em maracujá-amarelo pelo Delineamento I. **Ciência Agrotécnica**, v. 32, n. 5, p. 143-148, 2008.

GONÇALVES, J. S.; SOUZA, S. A. M. Fruta da paixão: panorama econômico do maracujá no Brasil. **Informações econômicas**, São Paulo, v. 36, n. 12, p. 29-36, 2006.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho-pipoca CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 7, p. 1001-1008, 2002.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

HARVILLE, D. A.; CARRIQUIRY, A. L. Classical and Bayesian prediction as applied to unbalanced mixed linear models. **Biometrics**, v. 48, p. 987-1003, 1992.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e de Estatística. Indicadores: produção agrícola. Disponível em: <http://www.cnpmf.embrapa.br/planilhas/Maracuja_Brasil_2013.pdf>. Acesso em: Agosto de 2014.

KENNEDY, B. W.; SORENSEN, D. A. Properties of mixed-model methods for prediction of genetic merit. In: **Proceedings of the second international conference on quantitative genetics**. p. 91-103, 1988.

KRAUSE, W.; SOUZA, R. S.; NEVES, L. G.; CARVALHO, M. L. S.; VIANA, A. P.; FALEIRO, F. G. Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 1, p. 51-57, 2012.

MAÊDA, J. M.; PIRES, I. E.; BORGES, R. de C. G.; CRUZ, C. D. Critérios de seleção uni e multivariados no melhoramento genético da *Virola surinamensis* Warb. **Floresta e Ambiente**, v. 8, n. 1, p. 61-69, 2001.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D., ROCHA, M. G. B.; REGAZZI, A. J., PIRES, I. E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Cerne**, v. 11, n. 1, p. 16-24, 2005.

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; PINHO, D. S. Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Cerne**, v. 12, n. 3, p. 287-291, 2006.

MELETTI, L. M. M. Avanços na cultura do maracujá no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n.spe1, p. 83-91, 2011.

MELETTI, L. M. M.; BRÜCKNER, C. H. Melhoramento Genético. In: BRÜCKNER, C. H.; PICANÇO, M. C. **Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado**. Porto Alegre: Cinco Continentes, p. 345-385, 2001.

MELETTI, L. M. M.; SANTOS, R. R. dos; MINAMI, K. Melhoramento do maracujazeiro amarelo: obtenção do composto IAC-27. **Scientia Agricola**, v. 56, n. 3, p. 491-498, 2000.

MORGADO, M. A. D.; SANTOS, C. E. M. dos; LINHALES, H.; BRUCKNER, C. H. Correlações fenotípicas em características físico-químicas do maracujazeiro-azedo. **Acta Agronômica**, v. 59, n. 4, p. 457-461, 2010.

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 of Genetics and Cytology**, v. 7, p. 40-51, 1978.

NASCIMENTO, W. M. O.; TOMÉ, A. T.; OLIVEIRA, M. S. P. de; MULLER, C. H.; CARVALHO, J. E. U. Seleção de progênies de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) quanto à qualidade de frutos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, n. 1, p. 186-188, 2003.

NEGREIROS, J. R. da S. **Seleção combinada, massal e entre e dentro, análise de trilha e repetibilidade em progênies de meio irmãos de maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)**. 2006. 128p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

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**, v. 29, n. 3, p. 546-549, 2007.

NEGREIROS, J. R. da S.; ARAÚJO NETO, S. E. de; ÁLVARES, V. de S.; LIMA, V. A. de; OLIVEIRA, T. K. de. Caracterização de frutos de progênies de meio irmãos de maracujazeiro-amarelo em Rio Branco – Acre. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 2, p. 431-437, 2008.

NEGREIROS, J. R. da S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SIQUEIRA, D. L.; PIMENTEL, L. D. Seleção de progênies de maracujazeiro amarelo vigorosas e resistentes à verrugose (*Cladosporium cladosporioides*). **Revista Brasileira Fruticultura**, v. 26, n. 2, p. 272-275, 2004.

NEVES, L. G.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; BARELLI, M. A. A. Avaliação da repetibilidade no melhoramento de famílias de maracujazeiro. **Revista Ceres**, v. 57, n. 4, p. 480-485, 2010.

OLIVEIRA, V. R.; RESENDE, M. D. V.; NASCIMENTO, C. E. S.; DRUMOND, M. A.; SANTOS, C. A. F. Variabilidade genética de procedências e progênies de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 26, n. 1, p. 53-56, 2004.

OLIVEIRA, E. J. de.; SANTOS, V. da S.; LIMA, D. S. de.; 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, 2008.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.

PAULA, R. C. de; PIRES, I. E.; BORGES, R. de C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.

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 Agraria**, v. 10, n. 1, p. 031-036, 2009.

PIMENTEL, L. D.; STENZEL, N. M. C.; CRUZ, C. D.; BRUCKNER, C. H. Seleção precoce de maracujazeiro pelo uso da correlação entre dados de produção mensal e anual. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 10, p. 1303-1309, 2008.

RESENDE, M. A. V.; FREITAS, J.A de.; LANZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; AZEVEDO, C. F. .Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 44, n. 3, p. 334-340, 2014.

RESENDE, M. D. V. de. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, (Embrapa Florestas, Documentos 77), 2002a. 67 p.

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

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 362 p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated BLUP base on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 3, p. 421-429, 2006.

RESENDE, M. D. V. de.; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V.; FURLANI-JUNIOR, E.; MORAES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.

RODRIGUES, W. P.; VIEIRA, H. D.; BARBOSA, D. H.; SOUZA FILHO, G. R.; CANDIDO, L. S. Adaptability and genotypic stability of Coffea arabica genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 3, p. 2391-2399, 2013.

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. E. M.; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S.; CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012.

RUGGIERO, C. Situação da cultura do maracujazeiro no Brasil. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 21, n. 206, p. 5-9, 2000.

SANTOS, C. E. M.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SIQUEIRA, D. L.; PIMENTEL, L. D. Características físicas do maracujá-azedo em função do genótipo e massa do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 31, n. 4, p. 1102-1110, 2009.

SANTOS, C. E. M.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SIQUEIRA, D. L.; PIMENTEL, L. D.; ROSADO, L. D. S. Repetibilidade em características do fruto do maracujazeiro. **Revista Ceres**, v. 57, n. 3, p. 343-350, 2010.

SANTOS, C. E. M.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SIQUEIRA, D. L.; ROSADO, L. D. S. Componentes genéticos aditivos e não aditivos em maracujazeiro azedo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 5, p. 482-490, 2011.

SANTOS C. E. M. dos; PISSIONI, L. L. M.; MORGADO, M. A. D.; CRUZ C. D.; BRUCKNER, C. H. Estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro amarelo quanto ao vigor e incidência de verrugose. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 2, p. 444-449, 2008.

SCHAEFFER, L. R. **Linear Models**. P.1-8, 1999. Disponível em <<http://aps.uoguelph.ca/~Irs/animalz/lesson8/>>. Acesso em julho de 2014.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. **Variance components**. New York: John Wiley. 1992, 501 p.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, n. 3, p. 240-250, 1936.

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, n. 1, p. 170-176, 2009.

SILVA, M. G. M.; VIANA, A. P. Alternativas de seleção em população de maracujazeiro azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, n. 2, p. 525-531, 2012.

SILVA, R. G. **Métodos de genética quantitativa aplicados ao melhoramento animal**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1982. 162 p.

SOUZA, P. M.; FERREIRA, V. R.; PONCIANO, N. J.; BRITO, M. N. Otimização econômica, sob condições de risco, para agricultores familiares das regiões norte e noroeste do Estado do Rio de Janeiro. **Revista Pesquisa Operacional**, v. 28, n. 1, p. 123-139, 2008.

SOUSA, L. B. de.; SILVA, E. M.; GOMES, R. L. F.; LOPES, Â. C. de. A.; VERAS SILVA, I. C. Caracterização e divergência genética de acessos de *Passiflora edulis* e *P. cincinnata* com base em características físicas e químicas de frutos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, n. 3, p. 832-839, 2012.

SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, v. 13, n. 2 p. 184-186, 1973.

TEIXEIRA, D. H. L.; OLIVEIRA, M. S. P. de; GONCALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos em açaizeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 2, p. 237-243, 2012.

VANDERPLANK, J. **Passion flowers**. Massachusetts: Press, 1996. 224 p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, v. 1, p. 122-201, 1987.

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

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**, v.51, n. 297, p. 545-555, 2004.

XAVIER, M. A.; PERECIN, D.; ALVIM, K. R. D. T.; LANDELL, M. G. D. A.; ARANTES, F. C. Selecting families and full-sib progenies of sugarcane for technological attributes and production by the method of REML/BLUP. **Bragantia**, v. 73, n. 3, p. 253-262, 2014.