

JACSON RONDINELLI DA SILVA NEGREIROS

**SELEÇÃO COMBINADA, MASSAL E ENTRE E DENTRO, ANÁLISE DE TRILHA
E REPETIBILIDADE EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE
MARACUJAZEIRO (*Passiflora edulis f. flavicarpa*)**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de "*Doctor Scientiae*".

**VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2006**

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

JACSON RONDINELLI DA SILVA NEGREIROS

**SELEÇÃO COMBINADA, MASSAL E ENTRE E DENTRO, ANÁLISE DE TRILHA
E REPETIBILIDADE EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE
MARACUJAZEIRO (*Passiflora edulis f. flavicarpa*)**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de "*Doctor Scientiae*".

APROVADA EM: 16 de março de 2006.

Prof. Cosme Damião Cruz
(Conselheiro)

Prof. Sérgio Yoshimitsu Motoike
(Conselheiro)

Prof. Dalmo Lopes de Siqueira

Dr Plínio César Soares

Prof. Claudio Horst Bruckner
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus e Nossa Senhora, pelas oportunidades que coloca constantemente em meu caminho, pela luz, pela saúde e pela paz que me proporciona.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), em especial ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento pela valiosa oportunidade de realizar este trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo indispensável auxílio financeiro.

À minha mãe Carmelita, razão da minha existência que sempre foi pra mim exemplo de amor e ao meu pai João amizade, perseverança, esperança pelo apoio em todos os momentos de minha vida.

Um agradecimento especial aos meus irmãos Rivelino, Regina e João e pelo exemplo de força e vontade de vencer, confiança, amizade e apoio depositado na minha pessoa.

À minha esposa Virgínia, um agradecimento especial pela amor, convívio, compreensão, carinho, cuidado e apoio em todos os momentos deste curso.

As minhas sobrinhas Ananda Emília, Ana Gabriela e sobrinho e Geovani pelo amor, carinho com que sempre me receberam.

Aos meus primos, que considero como irmãos, Marcus, Gorete e Marcelo pela confiança e amizade em todos os momentos em Rio Branco/AC, durante a graduação e pós-graduação.

Aos meus amigos Rodrigo Sobreira e Alexandre Parizzotto pela amizade.

Ao grande amigo e Professor Claudio Horst Bruckner pela orientação, ensinamentos, atenção, amizade, confiança e apoio em todos os momentos deste curso. Também, por ser uma pessoa bastante solidária e prestativa, que com seu bom humor e brincadeiras, tornou o ambiente de trabalho mais agradável.

Ao professor Cosme Damião Cruz, pelo exemplo de competência, amizade, simplicidade e pela orientação e pelos ensinamentos em estatística, além do ótimo bom humor nas conversas.

Ao professor Sérgio Yoshimitsu Motoike pelas sugestões neste trabalho.

Ao professor Dalmo Lopes de Siqueira e o pesquisador da EPAMIG Plínio César Soares pela disposição em participar da banca examinadora.

À minha sogra Santa pelo carinho com que sempre me recebeu.

Aos funcionários do Setor de Fruticultura e do Pomar por toda ajuda proporcionada e pelo excelente relacionamento.

Aos meus amigos e prestativos estagiários Leonardo e Marcos pela ajuda nos momentos mais importantes da pesquisa, pela dedicação, pelo zelo e pelo excelente ambiente de trabalho.

Enfim, a todos os verdadeiros amigos que fiz em Viçosa tornando mais fácil superar os obstáculos da vida e solidificar esta obra, agradeço de coração, porque sem amigos nada se constrói e para nada existimos.

BIOGRAFIA

JACSON RONDINELLI DA SILVA NEGREIROS, filho de Carmelita Pereira da Silva Negreiros e João de Souza Negreiros, nasceu na cidade de Cruzeiro do Sul - Acre, em 12 de abril de 1977.

Cursou 1º grau na Escola São José e 2º grau na Escola Normal “Padre Anchieta” ambos em Cruzeiro do Sul, Acre, concluindo o ensino médio em dezembro de 1994.

Em março de 1997 ingressou na Universidade Federal de Acre, graduando-se em Engenharia Agrônômica, em dezembro de 2001.

Em abril de 2002 iniciou o curso de Mestrado em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa, obtendo em fevereiro de 2004 o título de “Magister Scientiae” em Fitotecnia pela mesma instituição.

Em março de 2004 iniciou o curso de doutoramento em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa.

Defendeu tese para obtenção do título de “Doctor Scientiae” em 16 de março de 2006.

CONTEÚDO

RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	x
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	1
2. REVISÃO GERAL DE LITERATURA.....	3
2.1. Aspectos gerais da cultura.....	3
2.2. Ganhos por seleção.....	7
2.3. Seleção entre e dentro famílias.....	12
CAPÍTULO 1	
SELEÇÃO COMBINADA, MASSAL E ENTRE E DENTRO EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE MARACUJAZEIRO (<i>Passiflora edulis f. flavicarpa</i>).....	16
1. INTRODUÇÃO.....	17
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
2.1. Aspectos gerais.....	20
2.2. Análise de variância.....	24
2.3. Estimativa dos parâmetros genéticos.....	26
2.3.1. Componentes de variância.....	26
2.3.2. Coeficientes de herdabilidade e de variação.....	27
2.4. Progresso com seleção.....	28
2.4.1. Seleção entre e dentro.....	29
2.4.2. Seleção combinada	30
2.4.3. Seleção massal	32
2.4.4. Seleção massal estratificada	32
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	33
3.1. Análise de Variância.....	33
3.2. Estimativas dos parâmetros genéticos.....	35
3.2.1. Estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais.....	35
3.2.2. Estimativas dos coeficientes de variação.....	36
3.2.3. Estimativas de herdabilidade.....	38

3.3. Seleção entre e dentro.....	39
3.4. Seleção massal e massal estratificada.....	41
3.5. Seleção combinada.....	41
4. RESUMO E CONCLUSÕES.....	66
CAPÍTULO 2	
ANÁLISE DE TRILHA E GANHOS INDIRETOS ENTRE	
CARACTERÍSTICAS DO FRUTO DE MARACUJAZEIRO AMARELO	
<i>(Passiflora edulis f. flavicarpa)</i>	
1. INTRODUÇÃO.....	68
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	68
2.1. Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente.....	72
2.2. Análise de trilha.....	74
2.2.1. Estimção dos coeficientes de trilha (efeitos diretos e indiretos)	75
2.2.2. Análise de trilha em cadeia.....	77
2.3. Ganhos por seleções direta e indireta.....	80
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	82
3.1. Correlações Fenotípicas, Genotípicas e de Ambiente.....	82
3.2. Análise de trilha.....	84
3.3. Seleções direta e indireta entre médias de famílias.....	88
4. RESUMO E CONCLUSÕES.....	91
CAPÍTULO 3	
REPETIBILIDADE DE CARACTERÍSTICAS DO FRUTO DE	
MARACUJAZEIRO AMARELO (<i>Passiflora edulis f. flavicarpa</i>).....	
1. INTRODUÇÃO.....	93
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	94
2.1. Delineamento e características analisadas.....	96
2.2. Análises estatísticas.....	96
2.2.1. Método da análise de variância (ANOVA).....	97
2.2.2. Método dos componentes principais (CP).....	98
2.2.2.1. Método dos componentes principais – matriz de correlação.....	98
2.2.2.2. Método dos componentes principais - matriz de co-variância.....	100

2.2.3. Análise Estrutural.....	101
2.2.4. Número de medições.....	102
2.2.5. Coeficiente de determinação.....	102
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	104
4. RESUMO E CONCLUSÕES.....	112
CONCLUSÕES GERAIS.....	114
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	116

RESUMO

NEGREIROS, Jacson Rondinelli da Silva, D.S., Universidade Federal de Viçosa, março de 2006. **Seleção combinada, massal e entre e dentro, análise de trilha e repetibilidade em progênies de meios-irmãos de maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)**. Orientador: Claudio Horst Bruckner. Conselheiros: Cosme Damião Cruz e Sérgio Yoshimitsu Motoike.

A possibilidade de prever ganhos é considerada uma das maiores contribuições da genética quantitativa para o melhoramento genético. Quando diferentes critérios de seleção são considerados, a predição de ganhos referentes a cada critério tem grande importância, pois orienta os melhoristas sobre como utilizar o material genético disponível, visando à obtenção de ganhos máximos para as características de interesse. A avaliação da produção de grãos e de frutas é essencial no melhoramento genético, entretanto nas espécies frutíferas, além da produção a qualidade dos frutos é também de grande importância por determinar a aceitação do produto. O presente trabalho foi realizado no Pomar do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), com o objetivo de selecionar as melhores plantas entre e dentro de progênies de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo, por meio de diferentes critérios de seleção; Analisar a relação entre características do fruto de maracujazeiro e seus desdobramentos em efeitos diretos e indiretos e estimar os coeficientes de repetibilidade das características do fruto do maracujazeiro para orientar o processo de avaliação dos genótipos. Foram avaliadas 37 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo. As avaliações foram efetuadas de janeiro a maio de 2004, ou seja, na segunda safra. As análises de repetibilidade foram baseadas nos dados de 2003 e 2004. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com 37 tratamentos, 3 repetições e 4 plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 3,5 x 3,5 m, em espaldeira com um fio de arame. As características mensuradas foram: comprimento do fruto, diâmetro do fruto, massa do fruto, massa da polpa, massa da casca, espessura da casca, teor de sólidos solúveis totais, número de frutos e produção estimada. Foram estimados os ganhos de seleção em função de uma porcentagem de seleção de 25% entre e 50% dentro, sendo as mesmas mantidas para todas as características. Todas as características foram submetidas a seleção no sentido positivo, exceto peso e

espessura de casca, para obter decréscimo em suas médias originais. Os critérios de seleção estudados foram: seleção convencional entre e dentro das famílias, índice de seleção combinada, seleção massal e seleção massal estratificada. Na estimação dos coeficientes de trilha, em um primeiro diagrama causal, partiu-se da associação entre a variável básica produção e seus componentes primários, comprimento e diâmetro do fruto, espessura de casca e teor de sólidos solúveis totais. No segundo diagrama, considerou-se a variável básica produção, seus componentes primários número de frutos e peso do fruto e seus componentes secundários massa da polpa e massa da casca. As estimativas dos coeficientes de repetibilidade foram obtidas pelos métodos análise de variância (ANOVA), componentes principais (CP) com base na matriz de correlações e de covariâncias e análise estrutural (AE), com base na matriz de correlações. De acordo com os resultados obtidos, verificou-se que todas as características apresentaram níveis diferenciados de variabilidade genética e os critérios de seleção utilizados mostraram-se eficientes para o melhoramento, no qual o índice de seleção combinada é o critério de seleção que apresentou os melhores resultados em termos de ganhos, sendo indicado como critério mais apropriado para o melhoramento genético da população estudada. Na análise de trilha, segundo modelo causal foi o que melhor explicou as variações na variável principal produção, onde o número de frutos apresentou maior efeito direto. A massa da polpa, como um caráter secundário, foi o que apresentou maior importância em explicar as variações na variável principal produção. Por meio da análise do coeficiente de repetibilidade, verificou-se que as características comprimento do fruto, massa do fruto, massa da polpa e massa da casca demonstraram alta regularidade na superioridade dos indivíduos de um ciclo para outro. São constatadas diferenças entre as estimativas dos coeficiente de repetibilidade obtido pelo método da ANOVA e pelos métodos multivariados, sendo que o método dos componentes principais com base na matriz de co-variância sempre apresentou estimativas maiores.

ABSTRACT

NEGREIROS, Jacson Rondinelli da Silva, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March of 2005. **Path analysis, repeatability and combined, mass and among and within half-sib progenies selection in yellow passion fruit (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)**. Adviser: Claudio Horst Bruckner. Committee members: Cosme Damião Cruz and Sérgio Yoshimitsu Motoike.

The possibility to foresee selection gains is an important contribution of the quantitative genetics for the genetic improvement. The gain prediction helps breeders to choose the best selection method. The yield is normally an important trait to be improved. Fruit quality is a major aim in fruit breeding programs, while fruit quality is an important character for the market. The present work was carried out in the Department of Plant Science of the Federal University of Viçosa (UFV) and aimed to study the best selection criteria to select plants among and inside half-sib yellow passion fruit progenies. Also, to analyze the relationships among fruit traits and their direct and indirect effects and to estimate the coefficients of repeatability of the fruit traits. Thirty seven two years old yellow passion fruit half sib progenies were evaluated from January to May 2004. The experiment was outlined as a randomized block design, with 37 treatments, 3 replications and 4 plants per plot. The planting distances were 3.5 x 3.5 m. The plants were trained in 1.80 m high one-wire trellises. The evaluated traits were: length, diameter and mass of the fruit, mass of the pulp, mass and thickness of the skin, total soluble solids content, number of fruits per plant and estimated yield. Selection gains were estimated with the selection of 25% among and 50% inside the families, for each evaluated traits. All the traits were submitted to a positive selection, except skin weight and thickness, which need to be decreased. The selection criteria studied were: conventional selection among and inside families, index of combined selection, mass selection and stratified mass selection. The path coefficient were studies first associating the estimated yield as basic variable to their primary components: length and diameter of the fruit, skin thickness and total soluble solid contents. In the second causal diagram the estimated yield was associated to their primary components - number and weight of the fruit, and the secondary components - mass of the pulp and of the skin. The repeatability coefficients were

estimated by the variance analysis methods (ANOVA), main components (CP), based on the matrixes of correlations and co-variances, and structural analysis (AE), based on correlations matrix. It was found that all the traits had genetic variability and all the selection criteria used were efficient for the improvement. The highest gain expectation was given by the combined selection index, which was considered the most appropriate selection method for the studied population. In the path coefficient analysis, the second causal model explained better the variability on the yield, where the number of fruits had higher direct effect. The mass of the pulp was the most important secondary character for the yield. The repeatability analysis showed that length and mass of fruits, mass of pulp and mass of skin were highly regular from one season to another. Differences were verified among the repeatability coefficients estimated by the method of ANOVA and the multivariate methods. The main components method based on the co-variance matrix gave the highest estimatives.

1. INTRODUÇÃO GERAL

O termo maracujá refere-se a diversas espécies de *Passiflora*. Elas são originárias da América Tropical. Seu nome é derivado do vocábulo tupi 'mará cuiá', que significa comida preparada em cuia. A outra denominação, fruto da paixão, 'passion fruit', tem origem mística, dada à semelhança da flor com os símbolos da Paixão de Jesus Cristo.

As "frutas da paixão" são consumidas das mais variadas formas, *in natura* ou em sucos, sorvetes, geléias e confeitarias. Além disso, pelas suas formas complexas, originais e espetaculares, muitas espécies do gênero *Passiflora* apresentam interesse ornamental. Outras também podem ser exploradas por suas propriedades sedativas, antiespasmódicas, antibacterianas ou contra os insetos (ECHEVERRY et al., 1991; SUHAILA et al., 1994).

O Brasil é considerado o maior produtor e consumidor de fruta fresca e processada de maracujá. Entretanto, como a demanda interna é bastante elevada, o País necessita importar suco de outros países. No ano de 2002 a produção brasileira foi da ordem de 478.652 t, sendo a região Nordeste a que mais contribuiu, com 207.464 t, e o estado da Bahia foi o maior produtor, com 125.741 t (AGRIANUAL, 2005).

Todavia, a cultura do maracujazeiro ainda carece de genótipos altamente produtivos, o que reflete a necessidade do melhoramento genético da cultura. A estimação de parâmetros genéticos de uma população é de grande importância para os trabalhos de melhoramento, visto que permitem avaliar a eficiência das diferentes estratégias de melhoramento, pela obtenção de ganhos genéticos preditos e assim definir qual a mais eficaz (GONÇALVES et al., 2005).

É de grande importância a predição de ganhos genéticos obtidos por meio de diferentes estratégias de seleção. Por meio desta, é possível orientar de maneira mais efetiva o trabalho de melhoramento, predizendo o ganho genético esperado no programa de melhoramento e decidir, com base científica, por técnicas alternativas que possam ser mais eficazes (CRUZ, et al., 2004).

Objetivou-se neste trabalho selecionar as melhores plantas entre e dentro de progênies de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo, por meio das seleções

combinada, entre e dentro, massal e massal estratificada; analisar a relação entre características do fruto e seus desdobramentos em efeitos diretos e indiretos e estimar os coeficientes de repetibilidade das características do fruto, orientar o processo de avaliação dos genótipos.

2. REVISÃO GERAL DE LITERATURA

2.1. Aspectos gerais da cultura

O gênero *Passiflora*, originário da América do Sul, tem no Centro-Norte do Brasil o maior centro de distribuição geográfica (LEITÃO FILHO & ARANHA, 1974). Este gênero compreende trepadeiras herbáceas ou lenhosas, geralmente com gavinhas, raramente ervas eretas, espécies arbustivas ou pequenas árvores; podendo apresentar caules cilíndricos ou quadrangulares, muito ramificados e, em certas espécies, pilosos e atingir 5 a 10 m de comprimento (CUNHA & BARBOSA, 2002).

O gênero *Passiflora* é o mais importante da família Passifloraceae, com 519 espécies reconhecidas, sendo 90% delas originárias das Américas e muitas delas nativas do Brasil. Grande parte destas espécies está dispersa no território nacional, o que confere ao nosso País a condição de um dos principais centros de diversidade genética do gênero (D'EECKENBRUGGE, 2003). As referências de sua taxonomia continuam sendo a monografia de KILLIP (1938) e seu complemento (KILLIP, 1960). Em uma revisão do cultivo e uso de passifloras, baseada em informações de campo e de literatura, foram inventariadas 81 espécies do gênero *Passiflora* com frutos comestíveis. Estas espécies estão concentradas nos subgêneros *Passiflora* (43), *Tacsonia* e *Manicata* (17), *Decaloba* (13) e *Distephana* (5), enquanto os subgêneros *Dysosmia*, *Dysosmioides* e *Tacsonioides* contam com uma espécie cada.

Esse número (81 espécies) é superior às estimativas anteriores, de 50 a 60 espécies (MARTIN & NAKASONE, 1970). A Colômbia conta com 136 espécies de *Passiflora* (HERNÁNDEZ & BERNAL, 2000), sendo o país com maior número de espécies e também com maior diversidade de passifloras cultivadas comercialmente, incluindo o maracujá o amarelo (*P. edulis* f. *flavicarpa*) e o roxo (*P. edulis* Sims f. *edulis*), a curuba de Castilla (*P. tripartita* var. *mollissima*), a curuba quiteña (*P. tarminiana*), a curuba vermelha (*P. cumbalensis*), a granadilha (*P. ligularis*), o maracujá-melão (*P. quadrangularis* L.), o maracujá-de-osso (*P.*

maliformis) e a granadilha de Quixos (*P. popenovii*). O Brasil, com mais de 120 espécies, Equador e Peru, com mais de 80, também têm diversidade importante, mas os cultivos estão essencialmente baseados no maracujá amarelo.

A principal espécie em importância econômica, o maracujá, *P. edulis*, existe na forma de fruto roxo, *P. edulis* f. *edulis*, e em fruto geralmente amarelo, *P. edulis* f. *flavicarpa*. Segundo VANDERPLANK (1991), ambas seriam originárias do Brasil. A forma *edulis* ainda é encontrada em estado silvestre. Entretanto, da forma amarela, não há um relato claro de sua existência em estado silvestre.

Os cultivos comerciais do País são baseados principalmente em *Passiflora edulis* f. *flavicarpa*, maracujá-amarelo. Esta espécie representa 95% dos pomares, devido à qualidade de seus frutos, ao vigor e à produtividade, o que tem proporcionado renda significativa para inúmeros municípios com economia essencialmente agrícola.

Os principais estados produtores de maracujazeiro são Bahia, Espírito Santo, São Paulo, Rio de Janeiro, Sergipe, Minas Gerais e Pará (AGRIANUAL, 2005). Em menor escala, com comercialização restrita e importância regionalizada há o cultivo do maracujá-roxo (*Passiflora edulis* f. *edulis*), maracujá doce (*Passiflora alata*) e o maracujá melão (*Passiflora quadrangularis*) (BRUCKNER et al., 2002). Nos últimos anos, tem ocorrido o desenvolvimento do cultivo comercial do maracujá doce (*P. alata* Dryand.) no Sudeste do Brasil. Esta espécie, cuja polpa tem aroma delicado, tem tomado um nicho de mercado. Desde o início dos anos 80, suas vendas têm se multiplicado por dez no Estado de São Paulo onde o mercado está estimado entre 200 e 400 t mensais, segundo a estação (KAVATI et al., 1998).

As primeiras pesquisas para desenvolver o cultivo comercial de maracujá amarelo se iniciaram em 1951 na Universidade de Havaí. Ao final dessa década, o cultivo comercial passou para a América do Sul, onde, encontrando-se novamente com o germoplasma nativo e seus polinizadores naturais, a planta recuperou sua variabilidade em um sistema de propagação baseado na reprodução sexual. Entretanto, o grande crescimento da cultura deu-se no final dos anos 80 e início dos anos 90, quando a Venezuela, Colômbia, Equador, Peru e Brasil incrementaram sua produção para responder à demanda de suco, que os

européus tinham começado a apreciar, com os sucos multivitamínicos, além de seu crescente interesse pelos produtos tropicais (D'EECKENBRUGGE, 2003).

Ao longo dos anos, a cultura passou por ciclos de crescimento e declínio, que provocaram variações de preços entre US\$2.000 e US\$6.000 por tonelada de suco concentrado, o que assustou tanto os compradores como os produtores. Entretanto, os produtores direcionaram parte de seus esforços aos mercados nacionais, os quais responderam favoravelmente. Na Colômbia e no Brasil, a maior parte da produção se vende no país e os consumidores da fruta fresca oferecem preços muito competitivos frente à indústria processadora (D'EECKENBRUGGE, 2003).

Como o maracujazeiro é uma espécie alógama de exploração comercial recente e pouco melhorada, verifica-se grande variabilidade genética no florescimento, produtividade, resistência a pragas e moléstias, tolerância ao frio e, principalmente nas características do fruto (VARAJÃO et al., 1973; OLIVEIRA, 1980; MELETTI, et al., 1997) . Em relação ao número de frutos por planta, há desde plantas que não produzem um único fruto até aquelas que produzem mais de 200 (TAVARES & SILVA, 1997; MARTINS et al., 2003). Isto justifica intensificar os programas de melhoramento genético, especialmente do maracujazeiro amarelo, o que pode resultar em elevados ganhos com seleção (MATTA, 2005).

A utilização de germoplasma nativo de maracujá-amarelo é possível e recomendável, visando explorar a variabilidade natural da espécie comercial em programas de melhoramento. Para desenvolver convenientemente um programa de melhoramento de maracujá, um pré-requisito é a caracterização do germoplasma (FERREIRA, 1994; MELETTI et al., 1994).

Algumas espécies não cultivadas têm acenado com contribuições importantes ao melhoramento genético, por apresentarem resistência a doenças ou pragas, longevidade, maior adaptação a condições climáticas adversas, período de florescimento ampliado, maior concentração de componentes químicos interessantes para a indústria farmacêutica e outras potencialidades, quase todas ainda inexploradas. Entre estas, destacam-se *P. setacea*, *P. cincinnata*, *P. incarnata*, *P. maliformis*, *P. foetida*, *P. nitida* e *P. quadrangularis* (MELETTI, 2003).

Os trabalhos de melhoramento ainda são escassos. Além de seleções realizadas nas áreas produtoras, alguns cultivares de maracujá tornaram-se disponíveis a partir de 1998, representando avanço considerável em produtividade e qualidade de frutos. São eles: IAC-273, IAC-275 e IAC-277. O cultivar IAC-273 apresenta frutos com média de 221 g, 37,62%, 16,2 e 48 de massa média, rendimento de polpa, sólidos solúveis totais (°Brix) e produtividade média em t/ha/ano, respectivamente. IAC-275 apresenta frutos com 170 g, 55%, 15,8 e 47,7 de massa média do fruto; rendimento de polpa, teor de sólidos solúveis totais (°Brix) e produtividade média em t/ha/ano respectivamente. Já o cultivar IAC-277 apresenta 218 g, 48%, 15,0 e 48,5 para massa média do fruto, rendimento de polpa, sólidos solúveis totais (°Brix) e produtividade média em t/ha/ano respectivamente (MELETTI et al., 2000; MELETTI, 2002b; MELETTI et al., 2002).

O melhoramento genético do maracujazeiro poderá contribuir significativamente para a obtenção de resistência a doenças e nematóides, além da elevação da produtividade e qualidade de frutos (MELETTI, 2002a).

O maracujazeiro possui vários métodos de melhoramento aplicáveis. O melhoramento de plantas alógamas se dá pelo aumento de frequência de genes favoráveis ou pela exploração do vigor híbrido ou heterose. A frequência de genes favoráveis pode ser aumentada pela seleção massal ou pela seleção com teste de progênies. O vigor híbrido é explorado por meio de híbridos, variedades sintéticas ou compostos (BRUCKNER, 1997).

O maracujazeiro é uma planta auto-incompatível, sendo a eficácia da polinização cruzada condicionada por este fenômeno, em que o pólen de uma planta é incapaz de fertilizar as flores da mesma planta e diferentes plantas podem ou não ser compatíveis entre si. A polinização e fertilização requer a presença de diferentes genótipos (AKAMINE & GIROLAMI, 1959; KNIGHT Jr. & WINTERS, 1962; BRUCKNER, et al., 1995) e de insetos polinizadores (AKAMINE & GIROLAMI, 1959) ou a realização de polinização manual.

A auto-incompatibilidade do maracujazeiro é do tipo homomórfica esporofítica (BRUCKNER et al., 1995), que tem gene de efeito gametofítico associado ao sistema esporofítico (SUASSUNA et al., 2003). A reação de incompatibilidade ocorre no estigma (RÊGO et al., 2000).

Os agentes polinizadores mais eficientes na polinização são as mamangavas *Xylocopa* spp. (Hymenoptera: Anthophoridae), devido ao tamanho, visto que insetos menores coletam o néctar sem polinizar o estigma. A abelha *Apis mellifera*, que é um inseto menor, tem efeito prejudicial à polinização e a ação do vento como agente polinizador é nula (AKAMINE & GIROLAMI, 1959; LEONE, 1990).

2.2. Ganhos por seleção

A possibilidade de prever ganhos é considerada uma das maiores contribuições da genética quantitativa para o melhoramento. Quando diferentes critérios de seleção são considerados, a predição de ganhos referentes a cada critério fornece orientações sobre como utilizar o material genético disponível da melhor maneira, visando à obtenção de ganhos máximos nas características de interesse (PAULA et al., 2002). A biometria tem contribuído nas predições de ganhos e, conseqüentemente, para a avaliação da eficácia da estratégia adotada, bem como do potencial do material genético disponível (CRUZ & CARNEIRO, 2003).

A maneira mais fácil e prática de obter ganhos em relação a uma única característica é praticar a seleção diretamente sobre esta (PAULA, 1997). Contudo, ao praticar a seleção visando determinada característica, poderão ocorrer modificações em outras, cujo sentido e magnitude dependerão das características consideradas e da associação entre estas. Outro fato, não menos importante, é que o melhoramento nem sempre visa somente uma característica, mas múltiplas, devendo ser considerados critérios de seleção, capazes de proporcionar ganhos nas várias características de interesse, no sentido desejado (PAULA et al., 2002).

No melhoramento genético, um dos objetivos é indicar e ou desenvolver estratégias que levem, no menor tempo e com maior precisão, aos resultados desejados. Na maioria das vezes o que importa não é a descoberta e sim o melhoramento daquilo já existente, principalmente no que se refere a novos ambientes ou a novas tecnologias (BREWBAKER, 1969). Através d seleção se

pode alterar a frequência gênica e melhorar a característica desejada (ROSADO, 2003).

O fruto de todo e qualquer programa de melhoramento genético, pode ser considerado o progresso em cada característica, a cada geração, resultante do método de seleção adotado. Por esta razão, destaca-se a grande contribuição da genética quantitativa, pelo fato de permitir previsões deste progresso. Segundo VENCOVSKY (1987), existe uma expressão para estimar o progresso esperado ajustado a cada estratégia de seleção. Entretanto, todas as expressões baseiam-se na regressão linear simples, como a seguir:

$$Y = a + bX \quad \text{ou}$$

$$Y - \bar{Y} = b(X - \bar{X})$$

em que

$Y - \bar{Y}$ = representa o ganho de seleção (GS);

b = representa o coeficiente de herdabilidade (h^2);

$X - \bar{X}$ = equivale ao diferencial de seleção (DS).

Desta forma, o ganho de seleção pode ser expresso por:

$$GS = DS \cdot h^2 \quad \text{e} \quad GS(\%) = \frac{100GS}{\bar{X}_0}$$

De forma alternativa, tem-se:

$$GS = \frac{\text{Cov}(X, Y)}{V(X)} DS = \frac{2r_{XY} \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_f^2} DS = h^2 DS$$

Nesta equação utiliza-se, para estimação do ganho, apenas a fração herdável da variância genotípica, que define a covariância entre parentes. Também é utilizada, como conceito de herdabilidade, a relação entre a variância

aditiva explorada na seleção e a variância fenotípica entre unidades de seleção ou teste.

Pode-se também expressar o ganho de seleção por meio de:

$$GS = ip \hat{\sigma}_g h \quad \text{e} \quad GS\% = \frac{100 GS}{\bar{X}} = ip CV_g h$$

em que:

i = intensidade de seleção;

p = controle parental;

$\hat{\sigma}_g$ = desvio-padrão genético entre unidades de teste, que, normalmente, corresponde a uma fração do desvio-padrão genético aditivo;

CV_g = coeficiente de variação genotípico;

h = medida da acurácia do processo seletivo, que expressa a correlação entre o valor fenotípico e o valor genotípico.

Segundo CRUZ & CARNEIRO (2003), alguns fatores que afetam o ganho de seleção são:

a) Diferencial de seleção e intensidade de seleção

Aplicar alta intensidade de seleção é uma maneira de aumentar o percentual de ganho. Neste caso, a população pode ser afetada por problemas proporcionados pela endogamia, resultante do tamanho reduzido das amostras das unidades selecionadas. Esta maior alteração na média é acompanhada de drástica redução na variabilidade genética, que, em consequência, diminui as chances de ganhos em novos ciclos de seleção. Populações estabelecidas com pequeno tamanho efetivo estão mais sujeitas a perdas de alelos favoráveis por deriva genética. Além do mais, os acasalamentos entre aparentados são mais favorecidos em pequenas populações, o que gera maiores níveis de endogamia, influenciando o desempenho dos indivíduos, reduzindo a média em caracteres quantitativos de importância econômica.

O diferencial de seleção efetivo é outro fator que preocupa, uma vez que, na prática os pais não contribuem igualmente para a próxima geração, em razão de fertilidade, constituição genética e amostragem, entre outros fatores.

Segundo PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987), na seleção massal, a seleção tem sido praticada com uma porcentagem de indivíduos que varia de 1 a 10%, ao passo que na seleção entre famílias selecionam-se de 10 a 20% de famílias superiores e a seleção dentro de famílias não deve ser muito intensa, uma vez que há relativamente poucos indivíduos e menor precisão, pois valores individuais são mais sujeitos às variações ambientais do que as médias.

b) Controle parental

O controle parental define a similaridade entre a unidade de teste e a unidade melhorada e, conseqüentemente, altera os valores da covariância genética, bem como o ganho de seleção (EBERHART, 1970).

O coeficiente que expressa o controle parental (p) pode assumir valores iguais a $1/2$, 1 e 2, de acordo com os casos a seguir:

1. A unidade de seleção é igual à unidade de recombinação:

1.1. Se as unidades de recombinação foram polinizadas tanto por genótipos selecionados quanto pelos não-selecionados, o valor de p será igual a $1/2$.

1.2. Se as unidades de recombinação foram polinizadas apenas por genótipos selecionados, então p será igual a 1.

2. A unidade de seleção é diferente da unidade de recombinação:

2.1. Se as unidades de recombinação são polinizadas tanto por genótipos selecionados quanto pelos não-selecionados, o valor de p será igual a 1.

2.2. Se as unidades de recombinação foram polinizadas apenas por genótipos selecionados, então p será igual a 2.

c) Variabilidade genética

O sucesso do melhoramento depende da existência de variabilidade genética na população-base. A escolha de genitores divergentes utilizados nos inter cruzamentos para a formação dessa população garante tal variabilidade. Entretanto, também é desejável que estes genitores apresentem desempenho mínimo satisfatório, em relação aos caracteres de interesse. Outra preocupação é a manutenção da variabilidade genética durante os repetidos ciclos de seleção, por meio de acasalamentos adequados e amostragens apropriadas, de forma que o tamanho efetivo da população não seja reduzido.

d) Acurácia do processo seletivo

A herdabilidade, que expressa a acurácia do processo seletivo, é um dos principais fatores que determinam o ganho de seleção. Esse coeficiente é diretamente proporcional à variabilidade genética aditiva disponível na população e inversamente proporcional à variância fenotípica. A variância fenotípica será próxima da variância genética (herdabilidade próxima a 100%) quando as variações ambientais forem mínimas. Verifica-se que a influência do componente ambiental sobre a herdabilidade de uma característica pode ser reduzida pela adoção de delineamentos estatísticos mais apropriados, usando, nos ensaios, maior número de repetições e de ambientes, ou pela condução mais criteriosa do experimento.

Deve-se destacar que a seleção, independente do número de características envolvidas, pode ser praticada em nível de populações, de indivíduos, de médias de famílias e entre e dentro de família, cuja resposta irá depender das estratégias estabelecidas em cada caso. A resposta à seleção é função tanto do método de seleção, quanto do delineamento estatístico e do esquema de cruzamento.

A seleção visa à identificação, por meio de critérios previamente estabelecidos, daqueles indivíduos que devem permanecer em um programa de melhoramento a cada geração, tendo como resultado os avanços desejados. No processo de seleção pode-se manipular populações, famílias e ou indivíduos, levando em conta os seus respectivos valores fenotípicos ou genotípicos.

Pode-se considerar que os procedimentos de seleção variam de acordo

com os critérios estabelecidos pelo melhorista, em relação aos dois termos (DS e h^2) da expressão descrita anteriormente. Existem diversas modalidades de seleção, cujas diferenças nem sempre são claras, entretanto, as principais diferenças, segundo PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987), estão no nível de controle parental, na existência ou não de progênie e no controle ambiental. Como principais modalidades pode-se citar:

- Seleção em tandem: consiste na seleção de uma característica após a outra, isto é, só muda para a característica seguinte quando aquela trabalhada atingiu o nível desejado, ignorando os efeitos nas outras características, o que pode produzir resultados indesejáveis em culturas de ciclo longo, como no caso de espécies fruteiras e florestais;
- Método dos níveis mínimos (ou máximos) de eliminação: consiste em selecionar em um mesmo ciclo várias características, cada uma na idade mais apropriada. Neste caso, são estabelecidos os limites abaixo ou acima dos quais os indivíduos são eliminados, entretanto, conforme COTTERILL & DEAN (1990), este método torna-se de difícil aplicação para grande número de características, assim como nos casos em que as características mais importantes são difíceis de serem medidas e requerem processos caros de avaliação;
- Método com base nos índices de seleção: envolve todas as características de interesse, simultaneamente, por meio da geração de um valor único para cada indivíduo, sobre o qual se aplica a seleção, tomando como base o valor econômico de cada característica, ou para uma única característica, em que se considera o mérito do indivíduo e da família.

2.3. Seleção entre e dentro de famílias

Essa modalidade de seleção consiste em identificar as melhores famílias e, dentro destas, os melhores indivíduos em um teste de progênie. Nesse método, as plantas-mães selecionadas inicialmente não participam no processo de recombinação após seleção, mas, sim, seus descendentes, geralmente aqueles que estão sendo testados (SILVA, 1982; PIRES, 1996).

A seleção de indivíduos dentro de famílias superiores tem merecido considerável atenção por parte dos melhoristas, uma vez que, em muitas estruturas de famílias, considerável proporção da variância genética aditiva permanece disponível entre as plantas dentro de progênies. Assim, ganhos adicionais são obtidos mediante a seleção das melhores plantas das parcelas, representadas por famílias comprovadamente superiores (CORNACCHIA et al., 1995a).

Nos ensaios de plantas e progênies, podem-se discriminar as plantas superiores a serem utilizadas nos novos ciclos de melhoramento, por meio da seleção entre e dentro de famílias ou pela seleção combinada. Na seleção entre e dentro, identificam-se, em uma primeira etapa, as melhores famílias com base na média das parcelas. No caso de famílias de meio-irmãos, são explorados apenas 25% da variância aditiva total na seleção entre famílias, mas o ganho é considerado satisfatório, graças à precisão experimental associada às médias da unidade de seleção. Na etapa seguinte, selecionam-se, nas famílias superiores, as plantas de melhor desempenho. Esta prática proporciona ganhos adicionais, por explorar a fração da variância não utilizada na seleção entre, mas apresenta o inconveniente de se basear em valores fenotípicos individuais, sujeitos a maior influência dos efeitos ambientais (LUSH, J.L. 1947a e 1947b; LERNER, 1977; FALCONER, 1987).

A seleção praticada de forma a explorar os efeitos genéticos entre e dentro das famílias obedece ao seguinte modelo (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992):

$$p_{jk} = \mu + f_j + w_{jk} + e_{jk}$$

em que

p_{jk} = é o valor fenotípico da k-ésima planta na j-ésima família;

μ = é a média geral;

f_j = é o valor genético da família j;

w_{jk} = é o desvio genotípico da planta jk do valor genético da família j; e

e_{jk} = são os efeitos não-genéticos.

Considera-se que todos os efeitos, exceto μ seguem uma distribuição normal com média zero, variâncias σ_f^2 , σ_w^2 , σ_e^2 e covariâncias $\text{Cov}(f,W) = \text{Cov}(f,e) = \text{Cov}(w,e) = 0$.

Dessa forma, a seleção é praticada identificando-se as melhores famílias e, dentro destas, as melhores plantas, tendo como base uma intensidade de seleção e um tamanho de famílias previamente estabelecidos. Para famílias de meios-irmãos (FMI), este tamanho pode ser estabelecido pela seguinte equação:

$$\text{Tamanho da família (FMI)} = 0,56 \left(\frac{T}{Nh^2} \right)^{1/2}$$

em que

T = é o número total de plantas no teste;

N = é o número de famílias a serem selecionadas; e

h^2 = é a herdabilidade obtida para o caso de se ter parcelas de uma só planta.

Por meio da equação acima, verifica-se que à medida que se aumentam o número de famílias e a herdabilidade, reduz-se o número de plantas por parcela.

A resposta à seleção (R) é proporcionada pela simples soma aritmética dos ganhos entre (R_b) e dentro (R_w) de famílias, logo:

$$R = R_b + R_w$$

Considerando a seleção entre e dentro para ambos os sexos VENCOVSKY & BARRIGA (1992), apresentam a seguinte expressão, para obtenção de estimativa do ganho genético para uma característica:

$$GS = k_1 \frac{\left(\frac{1}{4} \right) \hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{Y\bar{F}}} + k_2 \frac{\left(\frac{3}{4} \right) \hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{YF}}$$

em que

k_1 e k_2 = são as intensidades de seleção entre e dentro da famílias respectivamente;

$\hat{\sigma}_a^2$ = é a variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_{Y\bar{F}}$ = é o desvio-padrão fenotípico entre as médias das famílias; e

$\hat{\sigma}_{YF}$ = é o desvio-padrão fenotípico entre os indivíduos dentro das famílias.

CAPÍTULO 1

SELEÇÃO COMBINADA, MASSAL E ENTRE E DENTRO EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE MARACUJAZEIRO (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)

1. INTRODUÇÃO

Ensaio de avaliação de progênies e de plantas dentro de progênies têm sido realizados no melhoramento de plantas perenes. Nesses ensaios, procura-se avaliar a magnitude e a natureza da variância genética disponível, para que seja possível quantificar os ganhos de seleção, bem como prever o sucesso do método de seleção empregado. Uma vez disponíveis os dados do desempenho de cada família e indivíduo, caberá ao melhorista analisar, comparar e selecionar os genótipos mais favoráveis. Mesmo durante esta etapa, é possível fazer uso de diferentes procedimentos biométricos, que permitem, a partir das observações fenotípicas, inferir o valor genético da unidade de seleção (KAGEYAMA et al., 1977; KAGEYAMA, 1980; CORNACCHIA, 1994).

Uma das críticas que se pode fazer à seleção entre e dentro de famílias é o fato de indivíduos superiores de famílias de desempenho intermediário, bem como indivíduos de desempenho intermediário de famílias superiores, não serem incluídos na recombinação para a formação da população melhorada. Uma alternativa à seleção entre e dentro é a seleção com base no desempenho individual associado ao desempenho de sua família. Assim, os indivíduos não são avaliados em dois estágios, mas sim em um único, e seu valor individual, juntamente com os valores de seus aparentados, torna-se a informação básica para a tomada de decisão sobre a seleção (CRUZ & CARNEIRO, 2003).

A seleção baseada em índices combinados constitui-se em estratégia eficaz que visa priorizar o mérito individual, com informações complementares relativas ao valor apresentado pelas suas respectivas famílias. Seleção combinada é aquela em que se identificam genótipos superiores a partir da informação do indivíduo e de sua família (FALCONER, 1987). FALCONER & MACKAY (1996) afirmam que o valor genotípico do indivíduo não é a única informação acerca de seu potencial genético e ressaltam a necessidade de se obterem informações adicionais dos valores fenotípicos de parentes, principalmente de irmãos completos ou de meios-irmãos, para melhor avaliar o desempenho do indivíduo sob seleção.

A seleção combinada é uma técnica usada para identificar indivíduos com melhor valor genético aditivo numa população sob seleção, usando informação do indivíduo e da sua família. Esse procedimento pode aumentar a eficiência do processo seletivo, maximizando o ganho genético .

A seleção combinada para uma determinada característica é realizada por meio de um índice, estabelecido de modo a conter, em si, a contribuição genética da família e do indivíduo dentro da família. Para isso, há necessidade de estimar os coeficientes apropriados para os valores individuais e para as médias de suas famílias. No caso de experimentos com repetições, MORAIS (1992) salienta a necessidade de considerar o desvio do indivíduo em relação à média da parcela, a fim de evitar o efeito de repetição no índice obtido. Como a média da parcela reflete um forte componente ambiental, PIRES (1996) sugere a adoção de um índice alternativo, que adota o desvio do indivíduo em relação a média do bloco, e que oferece resultados mais precisos.

Segundo PIRES (1996), tratando-se do mérito da família e dos indivíduos que a compõem, pode-se adotar o índice de seleção combinada, que consiste na obtenção de um índice para cada indivíduo, para uma determinada característica de interesse, resultante de uma combinação ótima do valor genético de cada progênie e de cada um dos indivíduos que a compõe. Assim, define o índice de seleção combinada como sendo:

$$I_{jk} = b\bar{p}_j + p_{jk}$$

em que

I_{jk} = é o valor do índice a ser atribuído à k-ésima planta da j-ésima família;

b = é a relação entre dois coeficientes de regressão parciais de \bar{p}_j e p_{jk} em relação a y (valor genético verdadeiro de uma progênie);

\bar{p}_j = é a média da família j ; e

p_{jk} = é o valor fenotípico da k-ésima planta da j-ésima família, sendo a seleção praticada como seleção massal, com base no índice.

LUSH (1964) apresenta os princípios teóricos da seleção combinada e relata que, pelo menos teoricamente, ela proporciona resultados mais favoráveis

ou no mínimo equivalente aos da seleção massal ou de famílias. A resposta, salienta o autor, será maior sempre que a correlação genotípica intraclasse for maior que a correlação fenotípica intraclasse, porém maior que zero.

FALCONER & MACKAY (1996) também afirmam que a seleção combinada deve proporcionar resultados tão bons, ou superiores, aos obtidos com outros métodos de seleção, como a seleção entre famílias, dentro famílias e individual. Entretanto, ressaltam que, mesmo nas situações mais favoráveis, a expectativa é de que a superioridade não exceda 10% do ganho obtido pela seleção entre e dentro.

PIRES et al. (1996) avaliaram os ganhos genéticos proporcionados pela seleção combinada em comparação com a seleção convencional entre e dentro de famílias para características relacionadas à cultura do eucalipto. Verificaram que a seleção combinada revelou superioridade em relação à seleção convencional entre e dentro de famílias e que, por meio do índice combinado, um maior número de famílias foi selecionado, além de se ter maior tamanho efetivo. Outros autores também verificaram essa superioridade em eucalipto (MARTINS, 1999 e ROSADO, 2003), em seringueira (COSTA et al., 2000) e em acerola (PAIVA et al., 2002).

O presente trabalho teve como objetivos estimar os parâmetros genéticos, buscando conhecer a estrutura genética da população e o potencial da mesma para melhoramento; comparar os ganhos preditos em alguns caracteres agrônômicos, utilizando diferentes critérios de seleção, em famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo, visando indicar aquele que melhor se aplique ao melhoramento genético.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Aspectos gerais

Foram avaliadas 37 populações segregantes de maracujazeiro amarelo cuja ascendência e procedência estão descritas no Quadro 1.

O experimento foi conduzido na área experimental de fruticultura do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa. As sementes foram germinadas em casa de vegetação no mês de julho de 2002. O plantio das mudas no campo foi realizado em 06/11/2002. As avaliações foram efetuadas de janeiro a maio de 2004, ou seja, no segundo ano de produção.

Quadro 1 – Progênies de maracujazeiro amarelo e cultivares avaliados durante o segundo ciclo de produção, Viçosa - 2004

Tratamento	Caracterização	Ascendência	Procedência
1	Progênie de meios-irmãos	Sul Brasil	Viçosa-MG
2	Progênie de meios-irmãos	(CS9 x P3)	Viçosa-MG
3	Progênie de meios-irmãos	(CS9 x CI 6)	Viçosa-MG
4	Progênie de meios-irmãos	CS9	Viçosa-MG
5	Progênie de meios-irmãos	(CS9 x P1)	Viçosa-MG
6	Progênie de meios-irmãos	Planta 1	Campos dos Goytacazes-RJ
7	Progênie de meios-irmãos	CY6	Viçosa-MG
8	Progênie de meios-irmãos	(CY6 x Sul Brasil)	Viçosa-MG
9	Progênie de meios-irmãos	Planta 2	Campos dos Goytacazes-RJ
10	Progênie de meios-irmãos	CY6	Viçosa-MG
11	Progênie de meios-irmãos	(CY6 x P3)	Viçosa-MG
12	Progênie de meios-irmãos	(CY6 x CI6)	Viçosa-MG
13	Progênie de meios-irmãos	(CT8 x CI6)	Viçosa-MG
14	Progênie de meios-irmãos	(CT8 x Sul Brasil)	Viçosa-MG
15	Progênie de meios-irmãos	(CT8 x P2)	Viçosa-MG
16	Progênie de meios-irmãos	(CT8 x P3)	Viçosa-MG
17	Progênie de meios-irmãos	(PA CT8)	Viçosa-MG
18	Progênie de meios-irmãos	(CT8 x P1)	Viçosa-MG
19	Progênie de meios-irmãos	Planta 15	Campos dos Goytacazes-RJ
20	Progênie de meios-irmãos	CL6	Viçosa-MG
21	Progênie de meios-irmãos	P1	Viçosa-MG
22	Progênie de meios-irmãos	P3	Viçosa-MG
23	Cultivar IAC 273		Campinas-SP
24	Progênie de meios-irmãos	T3	Viçosa-MG
25	Progênie de meios-irmãos	T8	Viçosa-MG
26	Progênie de meios-irmãos	T10	Viçosa-MG
27	Progênie de meios-irmãos	T12	Viçosa-MG
28	Progênie de meios-irmãos	T14	Viçosa-MG
29	Progênie de meios-irmãos	T15	Viçosa-MG
30	Progênie de meios-irmãos	T16	Viçosa-MG
31	Progênie de meios-irmãos	T25	Viçosa-MG
32	Progênie de meios-irmãos	T28	Viçosa-MG
33	Progênie de meios-irmãos	T34	Viçosa-MG
34	Progênie de meios-irmãos		Norte do Rio de Janeiro
35	Progênie de meios-irmãos		Norte do Rio de Janeiro
36	Cultivar IAC 275		Campinas-SP
37	Cultivar IAC 277		Campinas-SP

O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com 37 tratamentos, 3 repetições e 4 plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 3,5 x 3,5 m, em espaldeira com um fio de arame.

Durante a condução do experimento, foram realizados os tratos culturais recomendados à cultura, como condução da planta, poda, adubação, controle de plantas daninhas e controle de pragas e doenças. A adubação foi executada de acordo com a recomendada por SOUZA et al. (1999).

As avaliações foram feitas no segundo ano de produção. A colheita dos frutos destinados à análise foi efetuada no estágio “verde-amarelo” (CEAGESP, 2001).

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o uso do aplicativo computacional GENES, versão 2005 (CRUZ, 2001).

Consideraram-se as seguintes variáveis nas análises:

Número de frutos por planta (NF)

O número de frutos por planta foi obtido pela contagem de todos os frutos por planta de fevereiro a maio de 2004, com vistas a considerar a produção advinda de todo o período de floração. Os frutos contados foram marcados com uma fita de ‘nylon’ vermelho para não incorrer no erro da recontagem.

Comprimento do fruto (C)

O comprimento médio do fruto foi obtido (mm) pela medição da dimensão longitudinal de 10 frutos por planta. A medição foi realizada com paquímetro.

Diâmetro do fruto (D)

O diâmetro médio do fruto (mm), foi obtido pela medição do diâmetro equatorial de 10 frutos por planta. A medição foi realizada com paquímetro.

Massa do fruto (MF)

A massa média do fruto (g), foi obtida a partir da pesagem de uma amostra composta de 10 frutos por planta.

Massa da casca (MC)

A massa média da casca (g), foi obtida a partir da pesagem de uma amostra composta de 10 frutos por planta.

Espessura da casca (EC)

A espessura média da casca (mm), foi obtida pela medição da dimensão mediana da casca de 10 frutos por planta. A medição foi realizada com paquímetro.

Massa da polpa (MP)

A massa média da polpa (g), foi obtida a partir da pesagem de uma amostra composta de 10 frutos por planta.

Produção estimada por planta (PR)

Foi obtida pelo produto dos valores da massa média do fruto pelo número de frutos por parcela e expressa em Kg/planta.

Teor de sólidos solúveis totais (SST)

O teor de sólidos solúveis totais foi determinado por refratometria, utilizando-se um refratômetro portátil, com leitura na faixa de 0 a 32 °Brix, após a extração por prensagem manual e filtragem em tela de 'nylon' do suco de cada fruto.

2.2. Análise de variância

A análise de variância de cada característica foi realizada com o objetivo de testar a hipótese da existência de variância genética entre médias de famílias de meios-irmãos na população, considerando dados de indivíduos dentro das parcelas. O delineamento em blocos ao acaso com informações dentro de parcela foi segundo o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk}$$

em que

Y_{ijk} = observação na k-ésima planta, na i-ésima família, do j-ésimo bloco;

μ = média geral da população;

G_i = efeito da i-ésima família ($i = 1, 2, \dots, g$, $G_i \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$);

B_j = efeito do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, r$, $B_j \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$);

ε_{ij} = efeito aleatório ambiental existente entre parcelas ($\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$);

δ_{ijk} = efeito aleatório existente entre plantas dentro das parcelas ($k = 1, 2, \dots, n$ e $\delta_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_d^2)$).

O esquema da análise de variância, em nível de indivíduos (plantas), com as respectivas esperanças de quadrados médios, é apresentada no Quadro 2.

Quadro 2 – Esquema de análise de variância, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	$r - 1$	QMB	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + n\sigma_b^2$
Famílias	$g - 1$	QMG	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\sigma_g^2$
Entre parcelas	$(r - 1)(g - 1)$	QME	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$
Dentro parcelas	$(n - 1)gr$	QMD	σ_d^2

em que

QM = quadrado médio,

E(QM) = esperança matemática dos quadrados médios,

σ_d^2 = componente de variância devido à variação dentro de parcelas,

σ_e^2 = componente de variância devido ao erro entre parcelas,

σ_b^2 = componente de variância devido ao efeito de bloco e,

σ_g^2 = componente de variância genética.

2.3. Estimação dos parâmetros genéticos

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

2.3.1. Componentes de variância

Os componentes de variância para cada característica foram estimados a partir das análises da variância, conforme CRUZ & CARNEIRO (2003), por meio dos respectivos estimadores, como segue:

- Variância de bloco:

$$\hat{\sigma}_b^2 = \frac{QMB - QME}{nr}$$

- Variância genética entre médias de famílias:

$$\hat{\sigma}_{gm}^2 = \frac{QMF - QME}{nr}$$

- Variância ambiental entre parcelas:

$$\hat{\sigma}_{ee}^2 = \frac{QME - QMD}{n}$$

- Variância fenotípica entre plantas dentro de famílias:

$$\hat{\sigma}_{fd}^2 = QMD$$

- Variância genética dentro de família ou entre plantas dentro de famílias:

$$\hat{\sigma}_{gd}^2 = \frac{3}{4} \hat{\sigma}_A^2 = 3\hat{\sigma}_{gm}^2$$

- Variância genética aditiva:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_{gm}^2$$

- Variância fenotípica entre plantas no experimento:

$$\hat{\sigma}_{fp}^2 = \hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_b^2$$

2.3.2. Coeficientes de herdabilidade e de variação

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade em nível de plantas individuais dentro de famílias e em nível de médias de famílias, desprezando-se a ocorrência de endogamia, conforme CRUZ & CARNEIRO (2003), como a seguir:

- Coeficiente de herdabilidade, em nível de plantas individuais, para seleção entre plantas dentro de famílias:

$$h_d^2 = \frac{3\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2}$$

- Coeficiente de herdabilidade, em nível de famílias, para seleção entre médias de famílias de meios-irmãos:

$$h_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gm}^2}{QMF/nb}$$

- Coeficiente de herdabilidade, em nível de plantas individuais, para seleção entre plantas dentro de cada bloco (Seleção massal estratificada):

$$h_r^2 = \frac{4\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_{ee}^2 + \hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2}$$

- Coeficiente de herdabilidade, em nível de plantas individuais, para seleção entre plantas dentro do experimento (Seleção massal no experimento):

$$h_e^2 = \frac{4\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_{ee}^2 + \hat{\sigma}_{fd}^2 + \hat{\sigma}_{gm}^2}$$

Os coeficientes de variação foram estimados conforme VENCOVSKY & BARRIGA (1992):

- Coeficiente de variação experimental comparável ao de blocos ao acaso, sem informação dentro da parcela:

$$CV_{ex}(\%) = \frac{100\sqrt{QME/n}}{\hat{m}}$$

em que m é a média geral do experimento.

- Coeficiente de variação genética entre famílias:

$$CV_{ge}(\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{gm}^2}}{\hat{m}}$$

- Coeficiente de variação genética dentro de famílias:

$$CV_{gd}(\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{gd}^2}}{\hat{m}}$$

- Coeficiente de variação ambiental:

$$CV_e(\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{ee}^2}}{\hat{m}}$$

2.4. Progresso com a seleção

Foram estimados os ganhos de seleção, considerando as 37 famílias segregantes de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo, em função de uma porcentagem de seleção de 25% entre e 50% dentro, sendo as mesmas mantidas para todas as características, a fim de facilitar as interpretações e discussões dos resultados e comparação entre os diferentes critérios de seleção empregados no presente estudo. Todas as características foram selecionadas no sentido positivo, isto é, de modo a obter acréscimo em suas médias originais, exceto peso e espessura de casca, para obter decréscimo em suas médias originais, ou seja, selecionar indivíduos com menor peso e espessura de casca.

2.4.1. Seleção entre e dentro

Foram estimados os ganhos de seleção entre e dentro das famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo, em cada variável, conforme CRUZ et al. (2004):

- **Ganho de seleção entre famílias**

$$GS_e = h_e^2 DS \quad \text{e} \quad GS_e(\%) = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0}$$

em que

GS_e = ganho de seleção entre;

h_e^2 = herdabilidade em nível de média de família;

$DS = \bar{X}_s - X_0$ = diferencial de seleção; e

\bar{X}_s e X_0 = média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

- **Ganho de seleção dentro famílias**

$$GS_d = h_d^2 DS_m \quad \text{e} \quad GS_d(\%) = \frac{100GS_d}{\bar{X}_0}$$

em que

GS_d = ganho de seleção dentro;

h_d^2 = herdabilidade em nível de plantas (entre plantas dentro de famílias);

DS_m = diferencial de seleção médio dentro das várias parcelas das famílias selecionadas.

- **Ganho de seleção entre e dentro famílias**

$$GS_{ed} = GS_e + GS_d$$

2.4.2. Seleção combinada

A seleção combinada consiste no estabelecimento de um índice para cada indivíduo, para determinada característica, cujos pesos que compõem esse índice foram obtidos do próprio indivíduo.

No presente trabalho, adotou-se o índice apresentado por PIRES et al. (1996), dado por:

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

em que:

I_{ijk} = índice estimador do valor genético da k-ésima planta, da i-ésima família, na j-ésima repetição;

Y_{ijk} = é o valor fenotípico do indivíduo ijk;

$\bar{Y}_{.j}$ = média da repetição j a que pertence o indivíduo ijk.

$\bar{Y}_{i.}$ = média da família i;

$\bar{Y}_{...}$ = média geral do experimento;

b_i e b_f = pesos atribuídos à seleção de indivíduos e de média de famílias;

$D_i = Y_{ijk} - \bar{Y}_{.j}$ = desvio do valor fenotípico individual em relação à média da repetição a que pertence;

$D_f = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{...}$ = desvio do valor fenotípico da família em relação à média geral.

Desejou-se obter o índice de seleção combinado que possibilite a melhor predição do valor genotípico individual. Para isso, utilizou-se a teoria de índice de seleção, em que o agregado genotípico é dado por:

$$H = g_{ijk}$$

sendo g_{ijk} o valor genotípico individual.

A estimação dos coeficientes b_i e b_f é feita por intermédio do sistema:

$$P\beta = Ga$$

em que:

$$P = \begin{bmatrix} \hat{V}(D_i) & \text{C\hat{ov}}(D_i, D_f) \\ \text{C\hat{ov}}(D_i, D_f) & \hat{V}(D_f) \end{bmatrix}, \quad G = \begin{bmatrix} \text{C\hat{ov}}(D_i, g_{ijk}) \\ \text{C\hat{ov}}(D_f, g_{ijk}) \end{bmatrix},$$

$$a = [1], \quad \beta = \begin{bmatrix} b_i \\ b_f \end{bmatrix}$$

Assim, o ganho por seleço combinada pode ser obtido pela seguinte expresso:

$$GS_{IC} = \frac{\text{C\hat{ov}}_g(IC_{ijk}, g_{ijk})}{\hat{V}(IC_{ijk})} DS_{IC} = DS_{IC}$$

em que:

$\text{C\hat{ov}}_g(IC_{ijk}, g_{ijk})$ = covarincia gentica aditiva entre os escores do ndice de seleço combinada e os respectivos valores genticos dos indivduos;

$\hat{V}(IC_{ijk})$ = varincia dos valores do ndice de seleço;

DS_{IC} = diferencial de seleço, obtido a partir dos escores do ndice combinado.

2.4.3. Seleção massal

Os ganhos de seleção massal foram estimados para cada variável nas famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo, por meio das seguintes expressões:

$$GS_m = h_e^2 DS \quad GS_m(\%) = \frac{100GS_m}{\bar{X}_0}$$

em que

GS_m = ganho de seleção massal;

h_e^2 = herdabilidade em nível de plantas individuais, para seleção entre plantas dentro do experimento;

$DS = \bar{X}_s - X_0$ = diferencial de seleção; e

\bar{X}_s e X_0 = média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

2.4.4. Seleção massal estratificada

$$GS_{me} = h_r^2 DS \quad GS_{me}(\%) = \frac{100GS_{me}}{\bar{X}_0}$$

em que

GS_{me} = ganho de seleção massal estratificada;

h_e^2 = herdabilidade em nível de plantas individuais, para seleção entre plantas dentro de cada bloco;

$DS = \bar{X}_s - X_0$ = diferencial de seleção; e

\bar{X}_s e X_0 = média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Análise de Variância

A análise de variância revelou a existência de diferenças significativas entre as progênies, a 1% de probabilidade pelo teste F, em todas características avaliadas, exceto na característica produção estimada por planta (PR) (Quadro 3). Assim, pode-se inferir que existe variabilidade genética entre famílias em quase todas as características e que há possibilidades de obtenção de ganhos genéticos pela aplicação de seleção nesta população.

A análise de variância é de importância fundamental na experimentação científica. Em estudos de genética quantitativa aplicada ao melhoramento de plantas, ela tem importância particular na verificação da variabilidade genética entre os materiais em estudo.

Os coeficientes de variação experimentais do comprimento do fruto, diâmetro do fruto, massa do fruto, massa da polpa, massa da casca, espessura da casca e teor de sólidos solúveis totais podem ser considerados de baixos a médios, enquanto os do número de frutos por planta e produção por planta (Quadro 3) podem ser considerados médios, conforme os padrões normalmente encontrados para maracujazeiro amarelo (ALBUQUERQUE, 2001; NASCIMENTO et al., 2003; NEGREIROS, 2004). A julgar por estes coeficientes de variação experimentais, pode-se admitir a existência de boa precisão na obtenção e análise dos dados, proporcionando, portanto, confiabilidade nos resultados aqui obtidos.

Quadro 3 – Resumo da análise de variância dos caracteres agrônômicos avaliados em 37 progênes de maracujazeiro

FV	GL	QM								
		C ¹	D ²	MF ³	MP ⁴	MC ⁵	EC ⁶	SST ⁷	NF ⁸	PR ⁹
Bloco	2	207,061	160,096	9983,817	2153,362	3141,771	4,376	14,759	3661,819	260,153
Família	36	531,116**	192,055**	9705,622**	1892,946**	3452,981**	5,601**	5,188**	4210,942**	122,255 ^{ns}
Entre famílias	72	71,043	56,4124	1909,1310	518,9318	588,1709	1,3387	2,1613	2098,2353	97,849
Dentro de famílias	263	44,592	33,928	1339,106	361,648	437,836	0,828	1,119	1660,178	69,760
Média		78,922	75,022	177,845	84,321	93,524	7,226	14,557	78,719	14,323
CV _{exp.} (%)		6,018	5,642	13,845	15,224	14,613	9,023	5,691	32,792	38,919

1/comprimento do fruto (mm), 2/diâmetro equatorial do fruto (mm), 3/massa do fruto (g), 4/massa da polpa (g), 5/massa da casca (g), 6/espessura de casca (mm), 7/teor de sólidos solúveis totais, 8/número de frutos por planta, 9/produção por planta (kg/planta).

** e ns - significativo a 1% de probabilidade e não significativo, respectivamente.

3.2. Estimativas dos parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos foram os elementos descritivos da estrutura genética da população em estudo. As estimativas dos parâmetros genéticos permitem identificar a natureza da ação gênica nas características consideradas e, portanto, constituem a base para a definição das estratégias de melhoramento (FALCONER, 1987).

Segundo FALCONER (1987), as estimativas obtidas só são válidas para a população da qual o material experimental constitui algum tipo de amostra, e nas condições em que o estudo foi conduzido. Assim, quando se pretende estimar as variâncias, os genótipos devem constituir amostras que representem ao máximo a população em questão. Também deve-se ter atenção aos ambientes de experimentação que devem refletir as condições de adaptação da espécie estudada.

3.2.1. Estimativas das variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais

De acordo com o Quadro 4, pode-se observar que todas as características em estudo exibem níveis diferenciados de controle genético, o que mostra a magnitude das variâncias associadas, apesar de os valores estarem diretamente influenciados pela escala da característica, conforme pode-se observar ao comparar a massa do fruto e espessura da casca, que apresentam, no geral as menores e as maiores estimativas de variância, respectivamente.

Quadro 4 – Estimativas da variância, genética entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_{gm}^2$), genotípica dentro de família ($\hat{\sigma}_{gd}^2$), genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), fenotípica dentro de família ($\hat{\sigma}_{fd}^2$), fenotípica total ($\hat{\sigma}_{fp}^2$), em virtude do efeito de bloco ($\hat{\sigma}_b^2$), e ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_{ee}^2$), estimados para as características em estudo, nas famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo

Parâmetro	Características								
	C ¹	D ²	MF ³	MP ⁴	MC ⁵	EC ⁶	SST ⁷	NF ⁸	PR ⁹
$\hat{\sigma}_{gm}^2$	48,701	14,36	825,304	145,447	303,257	0,451	0,320	223,642	2,584
$\hat{\sigma}_{gd}^2$	36,192	26,787	1158,084	311,700	390,095	0,666	0,787	1521,065	60,839
$\hat{\sigma}_A^2$	194,806	57,434	3301,217	581,790	1213,028	1,805	1,282	894,569	10,334
$\hat{\sigma}_{fd}^2$	44,592	33,928	1339,105	361,648	437,836	0,828	1,118	1660,178	69,760
$\hat{\sigma}_{fp}^2$	102,861	56,317	2414,735	571,072	810,751	1,468	1,878	2036,353	82,657
$\hat{\sigma}_b^2$	1,167	0,889	69,304	14,028	21,917	0,0261	0,108	13,420	1,393
$\hat{\sigma}_{ee}^2$	8,399	7,140	181,021	49,948	47,741	0,162	0,331	139,113	8,920

1/comprimento do fruto (mm), 2/diâmetro equatorial do fruto (mm), 3/massa do fruto (g), 4/massa da polpa (g), 5/massa da casca (g), 6/espessura de casca (mm), 7/teor de sólidos solúveis totais, 8/número de frutos por planta, 9/produção por planta (kg/planta).

3.2.2. Estimativas dos coeficientes de variação

No Quadro 5, são apresentados os coeficientes de variação genético e ambiental, bem como a relação CV_g/CV_e , das características em estudo.

Segundo VENCOVSKY (1987), a relação entre os coeficientes de variação genética entre famílias e de variação ambiental é indicador de situação favorável para obtenção de ganhos na seleção, quando esta relação tende a um ou mais. Portanto, quando essa relação for superior a um, a variação genética supera a variação ambiental, favorecendo a seleção. Esta condição foi verificada neste trabalho em todas as características, com exceção do CV_{ge} do SST e PR. Tanto o CV_{ge} como o CV_{gd} foram superiores aos CV_e , evidenciando perspectivas favoráveis de ganhos na seleção entre e dentro de famílias (Quadro 5).

Quadro 5 – Estimativas dos coeficientes de variação genético entre famílias (CV_{ge}), genético dentro de família (CV_{gd}), ambiental (CV_e), e da relação entre os coeficientes de variação genético entre famílias e ambiental (CV_{ge}/CV_e), e entre os coeficientes de variação genético dentro família e ambiental (CV_{gd}/CV_e), para as características avaliadas em famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo

Coeficiente de Variação	Características								
	C ¹	D ²	MF ³	MP ⁴	MC ⁵	EC ⁶	SST ⁷	NF ⁸	PR ⁹
CV_{ge}	8,842	5,051	16,153	14,303	18,620	9,295	3,889	18,997	11,222
CV_{gd}	7,623	6,899	19,135	20,938	21,118	11,296	6,096	49,544	54,458
CV_e	3,672	3,562	7,565	8,381	7,388	5,571	3,953	14,983	20,852
CV_{ge}/CV_e	2,408	1,418	2,135	1,706	2,520	1,668	0,984	1,268	0,538
CV_{gd}/CV_e	2,076	1,937	2,529	2,498	2,858	2,028	1,542	3,307	2,612

1/comprimento do fruto (mm), 2/diâmetro equatorial do fruto (mm), 3/massa do fruto (g), 4/massa da polpa (g), 5/massa da casca (g), 6/espessura de casca (mm), 7/teor de sólidos solúveis totais, 8/número de frutos por planta, 9/produção por planta (kg/planta).

A relação CV_g/CV_e e a herdabilidade desempenham importante função no entendimento da estrutura genética da população, por mostrarem a quantidade de variação existente entre famílias, pois são indicadores das possibilidades de ganhos genéticos com a seleção.

Como em todas as características, exceto comprimento do fruto, o CV_{gd} foi maior que o CV_{ge} espera-se que a seleção entre e dentro de famílias promova maiores progressos do que somente a seleção entre famílias. Mesmo a relação CV_{ge}/CV_e da característica SST não tendo apresentado valor acima da unidade mais muito próximo desta, pode-se considerar como uma situação favorável para a obtenção de ganhos na seleção entre as famílias.

O coeficiente de variação genético (CV_g), que corresponde ao desvio do padrão genético, expresso em porcentagem da média, é indicador da grandeza relativa das mudanças em um caráter que podem ser obtidas por meio da seleção ao longo de um programa de melhoramento. Esses coeficientes, que oscilaram entre 3,889% entre família para SST, a 54,458% dentro de família para PR,

indicam que a seleção das melhores progênes possibilitará expressivo aumento no valor genético da população.

3.2.3. Estimativas de herdabilidade

As estimativas de herdabilidade, que apresentaram valor acima da unidade, foram considerados como de valor unitário (1,0) para o cálculo do ganho de seleção. As características comprimento e diâmetro do fruto, massa do fruto, da polpa e da casca e espessura da casca apresentaram estimativas de herdabilidade acima de um (1,0), devido à alta variação genotípica entre famílias e baixa variância fenotípica dentro das famílias (Quadro 5).

As estimativas de herdabilidade, com base em indivíduos no experimento e em indivíduos no bloco apresentaram valores muito próximos, indicando que os blocos contribuíram pouco para a variância fenotípica (Quadro 6).

Em relação à herdabilidade em nível de médias de famílias, verifica-se que todas as características, exceto PR, apresentaram valores relativamente altos, porém próximos, evidenciando condições favoráveis para seleção entre médias de famílias (Quadro 6).

As estimativas de herdabilidade são fundamentais em programa de melhoramento, por expressarem a confiabilidade com que os fenótipos representam os genótipos, e talvez representam o principal parâmetro genético.

Características com maiores coeficientes de herdabilidade respondem mais facilmente à seleção. Assim, a escolha do método de seleção depende, naturalmente, das estimativas de herdabilidade.

A existência de variação estatisticamente significativa entre famílias para qualquer caráter é entendida como possibilidade de este caráter ser melhorado pela seleção. Porém, esta constatação nada indica sobre a quantidade de variabilidade genética dentro dessa população. Todavia pode-se, para isso, utilizar da estimativa de herdabilidade, mais especificamente no sentido restrito, que proporciona conhecimento da magnitude relativa das variações genéticas e ambientais (ROSADO, 2003).

Quadro 6 – Estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias (h_m^2), de indivíduos dentro de famílias (h_d^2), de indivíduos no experimento (h_e^2) e no bloco (h_r^2), estimados para as características em estudo, nas famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo

Coeficientes de Herdabilidade	Características								
	C ¹	D ²	MF ³	MP ⁴	MC ⁵	EC ⁶	SST ⁷	NF ⁸	PR ⁹
h_m^2	0,866	0,706	0,803	0,726	0,829	0,761	0,583	0,502	0,199
h_d^2	3,276	1,269	1,849	1,206	2,078	1,634	0,859	0,404	0,111
h_e^2	1,894	1,020	1,367	1,019	1,496	1,230	0,682	0,439	0,125
h_r^2	1,916	1,036	1,407	1,044	1,538	1,252	0,724	0,442	0,127

1/comprimento do fruto (mm), 2/diâmetro equatorial do fruto (mm), 3/massa do fruto (g), 4/massa da polpa (g), 5/massa da casca (g), 6/espessura de casca (mm), 7/teor de sólidos solúveis totais, 8/número de frutos por planta, 9/produção por planta (kg/planta).

De acordo com BORÉM (2001), as estimativas de herdabilidade em uma população podem variar de acordo com a característica avaliada, o método de estimação, a diversidade na população, o tamanho da amostra avaliada, o nível de endogamia da população, o número e tipos de ambientes considerados, a precisão na condução do experimento e na coleta de dados e com a unidade experimental considerada. Por isso, essas estimativas não devem ser extrapoladas para outras populações ou outros ambientes.

3.3. Seleção entre e dentro

As estimativas dos ganhos genéticos com o processo de seleção entre e dentro foram estimados para todas as características nas famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo (Quadro 7).

As características, comprimento e diâmetro do fruto, massa do fruto, da polpa e da casca, espessura da casca, SST e número de frutos por planta apesar de terem apresentado herdabilidades próximas entre famílias, proporcionaram ganhos de seleção diferenciados (Quadro 7). Também na seleção dentro, houve ganhos bastante diferenciados. Nas características massa da casca e espessura da casca houve ganho negativo devido a seleção ter sido feita em sentido de

decréscimo, ou seja, objetivou-se obter indivíduos com menor massa e espessura da casca. Os menores ganhos estimados, tanto pela seleção entre médias de famílias como dentro, foram obtidos nas características diâmetro do fruto e SST, com totais de 8,87 e 6,14%, respectivamente. Já os maiores ganhos estimados foram na massa do fruto e número de fruto por planta, com totais de 30,69 e 26,47%, respectivamente.

Quadro 7 – Ganhos de seleção entre (GS_e), dentro (GS_d) e entre e dentro (GS_{ed}) e médias preditas e originais para as características estudadas nas famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo

Variável	GS_e (%)	GS_d (%)	GS_{ed} (%)	Média predita	Média Original
Comprimento do fruto	10,85	3,85	14,70	90,42	78,92
Diâmetro do fruto	5,54	3,33	8,87	81,68	75,02
Massa do fruto	19,79	10,90	30,69	232,43	117,84
Massa da polpa	15,84	10,40	26,24	106,44	84,32
Massa da casca	-19,35	-7,48	-26,83	68,43	93,52
Espessura casca	-9,30	-4,07	-13,37	6,32	7,23
SST	3,40	2,74	6,14	16,45	14,56
Nº frutos por planta	16,31	10,16	26,47	99,55	78,71
Produção Kg/planta	6,51	3,10	9,61	15,67	14,32

Obs.: Porcentagens de seleção de 25% entre famílias e de 50% dentro das famílias

Os processos de seleção visam identificar, dentro de critérios previamente escolhidos, os melhores indivíduos ou famílias que deverão permanecer no programa de melhoramento, gerando populações mais produtivas, de acordo com os interesses do melhorista. A seleção não cria variabilidade e sim atua na variabilidade existente (ALLARD, 1971). Desse modo, os maiores ganhos genéticos serão funções das estruturas genéticas das populações em estudo.

A seleção de fenótipos superiores, sejam, indivíduos, sejam famílias, é uma prática de considerável importância para o melhorista, uma vez que a obtenção de populações melhoradas passa pela seleção e recombinação desses indivíduos ou famílias. Desse modo, a seleção entre famílias pode ser opção interessante, por

selecionar tanto as melhores famílias quanto os melhores indivíduos (MARTINS, 1999).

Portanto, a seleção entre e dentro de progênes consiste em, primeiramente, selecionar progênes inteiras, levando em conta o desvio do valor da progênie em relação ao valor fenotípico médio da população. Posteriormente, selecionam-se os melhores indivíduos, em relação ao valor fenotípico médio da progênie.

3.4. Seleção massal e massal estratificada

No Quadro 9, encontram-se as estimativas dos ganhos referentes à seleção massal e massal estratificada. Verifica-se ganhos positivos e expressivos em todas as características, exceto massa e espessura de casca, que tiveram ganhos negativos, pois o critério de seleção para essas características foi decréscimo. Mesmo assim, o ganho foi expressivo, pois o que se quer é reduzir esses valores.

Os ganhos de seleção massal e massal estratificada foram superiores aos ganhos da seleção entre e dentro para todas as características avaliadas e inferiores aos da seleção combinada (Quadro 9).

3.5. Seleção combinada

A seleção combinada difere da seleção convencional entre e dentro de famílias, por considerar o valor individual e as médias de famílias de maneira ponderada. É gerado um índice, resultando em um número diferenciado de famílias e de indivíduos selecionados por família, enquanto, na seleção entre e dentro, esse número é constante.

A superioridade da seleção combinada pode ser explicada também com base nos pesos calculados para indivíduos e famílias, os quais são incluídos no índice de seleção combinada.

Os coeficientes das expressões do índice de seleção combinada refletem a pressão seletiva sobre os valores aditivos (LIN & ALLAIRE, 1977). Nesse sentido, verifica-se que o coeficiente b_1 (peso relativo para indivíduo) (Quadro 8) aumenta

à medida que aumenta a herdabilidade em nível de plantas dentro de famílias, conforme esperado, visto ser diretamente proporcional à herdabilidade dentro (Quadro 6). Em relação ao índice b_2 (peso relativo para família) houve um comportamento inverso, diminuindo à medida que a herdabilidade dentro aumentava. Isto pode ser melhor visualizado pela comparação do número de frutos por planta, com herdabilidade dentro de 0,404 e um coeficiente de b_2 de 0,4276, com diâmetro do fruto, que teve uma herdabilidade dentro de 1,27 e um coeficiente b_2 de 0,0997.

Quadro 8 – Estimativas de pesos relativos ao valor individual da planta (b_1), da família (b_2) e ao valor relativo b_2/b_1 para os caracteres avaliados nas famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo

Características	b_1	b_2	b_1/b_2
Comprimento do fruto	2,5071	0,0100	250,7086
Diâmetro do fruto	1,0091	0,0997	10,1226
Massa do fruto	1,4998	0,0100	149,9838
Massa da polpa	1,0052	0,1432	7,0205
Massa da casca	1,7001	0,0100	170,0073
Espessura da casca	1,2893	0,0100	128,9264
SST	0,6665	0,2459	2,7102
Nº frutos por planta	0,3854	0,4276	0,9014
Produção (Kg/planta)	0,1125	0,2147	0,5237

Em todas as características, o índice relativo ao peso do indivíduo foi superior ao índice relativo ao peso da família, ou seja, foi atribuído maior peso à seleção dentro, exceto para número de frutos e produção por planta, aos quais foram atribuídos pesos maiores a seleção de famílias (Quadro 8). É importante ressaltar ainda que a família, apesar de apresentar peso inferior ao do indivíduo, em algumas características ele foi maior, devendo também ser considerada como forma de aumentar a eficiência da seleção.

Essas informações indicam que a seleção considerando as informações de indivíduos e famílias em um único estádio (seleção combinada), é mais eficiente,

em termos de resposta percentual, que a seleção de famílias e indivíduos em dois estádios distintos (seleção entre e dentro).

Em relação aos resultados da resposta à seleção com base no índice combinado (Quadro 9), verifica-se ganhos positivos em todas as características, considerando que as intensidades de seleção foram as mesmas aplicadas na seleção convencional entre e dentro de famílias, massal e massal estratificada, em todas as características, no sentido positivo, isto é, de acréscimo, exceto na massa e espessura da casca que foram selecionadas em sentido negativo, ou seja, visando decréscimo.

Quadro 9 – Estimativas dos ganhos esperados à seleção combinada (GSC), entre e dentro (GS_{ED}), massal (GSM) e massal estratificada (GSME) e eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro, para as características em estudo, nas famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo

Variável	GSC	GS_{ED}	GSM	GSME	Eficiência SC/SED
Comprimento do fruto	49,87	14,70	19,78	19,60	3,39
Diâmetro do fruto	14,77	8,87	13,99	13,93	1,66
Massa do fruto	66,41	30,69	44,73	43,75	2,16
Massa da polpa	46,80	26,24	44,27	43,70	1,78
Massa da casca	-72,49	-26,83	-43,25	-42,47	2,70
Espessura da casca	-30,76	-13,37	-24,56	-23,75	2,30
SST	9,64	6,14	9,06	9,22	1,57
Nº frutos por planta	47,40	26,47	43,51	43,59	1,79
Produção Kg/planta	16,84	9,61	13,62	13,72	1,75

Os ganhos genéticos variaram com a característica, mas, de forma geral, foram expressivos. Tais resultados de ganhos já eram esperados, em razão dos resultados das análises de variância e estimativas de parâmetros genéticos, anteriormente apresentados.

O processo de seleção combinada apresentou resultados sempre superiores aos dos processos de seleção entre e dentro, massal e massal estratificada. Estes dados estão de acordo com FALCONER & MACKAY (1996),

em apontar a seleção combinada como superior à seleção entre famílias, dentro de famílias e individual. Na literatura, é comum a comparação do índice combinado com a seleção entre e dentro famílias. Alguns autores também encontraram maiores ganhos do índice combinado em relação à seleção entre e dentro: em eucalipto (PIRES, et al., 1996; MARTINS, 1999; ROSADO, 2003), pinus (CORNACCHIA, et al., 1995a), em seringueira (COSTA, et al., 2000), virola (MAÊDA, et al., 2001). Em maracujazeiro-amarelo GONÇALVES et al. (2005), baseado no delineamento I, verificou que a utilização do índice combinado promoveu maiores ganhos em relação ao índice de seleção baseado na soma de *ranks* ou postos.

Conforme pode ser verificado (Quadro 9), a eficiência do processo de seleção combinada em comparação ao processo de seleção entre e dentro foi sempre superior à unidade, em todos os casos superando o valor de 1,30, o que indica, mais uma vez, que a seleção combinada deve ser preferida como método de ordenamento de candidatos à seleção, principalmente quando se dispõe de recursos computacionais para sua utilização.

Deve-se salientar ainda que, apesar da aparente superioridade da seleção combinada, os processos de seleção entre e dentro também proporcionaram ganhos genéticos expressivos e, como são mais simples de serem usados, por não envolverem cálculos matriciais, devem ser considerados como instrumentos de ordenamento de candidatos à seleção.

Os ganhos proporcionados pela seleção massal e massal estratificada foram sempre superiores aos da seleção entre e dentro em todas as características avaliadas, mas sempre inferiores à seleção combinada. Isto evidencia a superioridade da seleção combinada em apresentar os maiores ganhos em todas as características quando comparada com as outras estratégias de seleção utilizada.

CUNHA & BARBOSA (2000) estudaram os ganhos por meio de seleção massal estratificada e seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos de maracujazeiro. Verificaram, por meio da seleção massal estratificada, que as plantas selecionadas foram 13,85% mais vigorosas e com o dobro do número de frutos e da produção quando comparadas com as não selecionadas. O teor de

sólidos solúveis foi 32,1% maior e a acidez total 9,6% menor que as não selecionadas. Já na seleção entre e dentro, os resultados mostram que as plantas selecionadas foram, em média, 36,5% mais vigorosas, produziram 68,8% mais frutos e pesaram 82,8% a mais do que aquelas não selecionadas e, teor de sólidos solúveis totais e acidez total apresentaram diferenças de 3,5% e 3,1% respectivamente, em relação às não selecionadas.

Outra consideração importante quanto à seleção combinada, diz respeito à sua influência no tamanho efetivo praticado, uma vez que, apesar de essa seleção normalmente ser superior à seleção entre e dentro, com relação a ganhos esperados, em alguns casos ela pode levar à seleção de poucas famílias, o que não seria desejável em termos de base genética (MARTINS, 1999).

A seleção combinada, para ser realmente superior à seleção entre e dentro, deveria proporcionar ganhos genéticos esperados superiores, mantendo ou mesmo elevando o número de famílias a serem recombinadas.

Segundo MORAIS (1992), a variação no número de plantas por família altera a eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro, considerando que esta última identifica um menor número de famílias e um número fixo de plantas por família, que, no contexto geral, resulta em menor tamanho efetivo, concordando com os resultados aqui obtidos. Além do mais, este fato implica maior proporção de cruzamentos intrafamiliar, levando à maior taxa de endogamia.

No Quadro 10, tem-se uma comparação entre o número de famílias selecionadas por meio de cada estratégia de seleção adotada e no Quadro 11 a 19 tem-se a relação das famílias e das plantas selecionadas de cada uma, por repetição, para todas as características avaliadas.

Quadro 10 – Número de famílias selecionadas por cada estratégia de seleção utilizada para as características avaliadas em progênies de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo

Variável	Sel Combinada	Sel Entre Dentro	Sel Massal	Sel Massal Estratificada
Comprimento do fruto	16	9	17	18
Diâmetro do fruto	17	9	17	18
Massa do fruto	17	9	18	19
Massa da polpa	21	9	20	21
Massa da casca	27	9	27	24
Espessura da casca	24	9	25	23
SST	22	9	23	25
Nº frutos por planta	21	9	27	28
Produção Kg/planta	19	9	28	31

O número de famílias e de indivíduos por famílias selecionados por cada estratégia de seleção, conforme apresentado no Quadro 10 e Quadro 11 a 19, e considerando as mesmas intensidades de seleção, verifica-se que a seleção convencional entre e dentro identificou um número constante de 9 famílias e de 2 plantas por repetição selecionadas para todas as características. A seleção combinada elegeu um número de famílias bastante semelhante à seleção massal e massal estratificada, com exceção para número de frutos e produção por planta, em que elegeu um número menor de famílias (Quadro 10), pois a seleção combinada leva em conta a informação do indivíduo e de seus aparentados, enquanto que a seleção massal e massal estratificada leva somente em consideração o valor do indivíduo, com isso elegendo um número maior de famílias com menor número de indivíduos por família.

Os valores fenotípicos e genéticos preditos pela seleção combinada estão apresentados nos Quadros 11 a 19. Constata-se que há maior concordância entre os indivíduos selecionados pela seleção combinada e seleção massal e massal estratificada. Para a característica comprimento do fruto, dos 53 indivíduos selecionados pela seleção combinada, 33, 38 e 39 indivíduos foram selecionados

pela seleção entre e dentro, seleção massal e massal estratificada, respectivamente. Para as demais características, as maiores concordâncias dos indivíduos selecionados com a seleção combinada foi a seleção massal e massal estratificada e depois a seleção entre e dentro.

Quadro 11 – Relação das famílias e das plantas selecionadas de cada uma, por repetição, para comprimento do fruto (mm)

Número	Repetição	Família	Planta	Valor Fen	Valor Gen	SC	SED	SM	SME
1	3	26	4	102,311	63,694	x	x	x	x
2	1	24	4	104,714	61,791	x	x	x	x
3	2	26	1	103,514	59,925	x	x	x	x
4	1	26	1	101,999	54,998	x	x	x	x
5	1	24	2	101,671	54,162	x	x	x	x
6	3	26	3	97,021	50,432	x	x	x	x
7	1	33	4	99,242	47,974	x			
8	3	28	1	95,942	47,671	x	x	x	x
9	3	29	2	95,869	47,506	x	x	x	x
10	3	29	3	95,759	47,230	x	x		x
11	2	29	4	97,604	45,071	x	x	x	x
12	1	24	1	97,507	43,722	x		x	x
13	3	20	1	93,912	42,502	x		x	x
14	3	24	1	93,727	42,160	x	x	x	x
15	3	37	3	93,607	41,829	x	x		
16	1	26	4	96,728	41,783	x	x	x	x
17	2	14	1	96,330	41,763	x		x	x
18	3	24	2	93,437	41,433	x	x	x	x
19	2	25	2	96,108	41,269	x	x	x	x
20	3	19	1	93,317	41,058	x	x	x	x
21	1	24	3	96,070	40,120	x		x	x
22	2	28	1	95,509	39,800	x	x	x	x
23	2	9	4	94,994	38,467	x	x	x	x
24	3	37	4	91,805	37,312	x	x		
25	2	24	4	94,478	37,258	x	x	x	x
26	2	6	3	94,433	37,058	x		x	x
27	1	36	2	94,863	37,043	x	x		
28	2	26	2	94,234	36,660	x	x	x	x
29	2	6	2	94,095	36,211	x		x	x
30	2	28	4	94,026	36,082	x	x	x	x
31	3	34	1	91,167	35,649	x			
32	1	33	3	94,290	35,559	x			
33	2	29	2	93,800	35,534	x	x	x	x
34	2	26	3	93,763	35,479	x		x	x
35	2	29	1	93,715	35,321	x	x		
36	2	28	2	93,707	35,282	x		x	x
37	3	27	1	90,990	35,209	x		x	x
38	1	36	3	93,813	34,410	x	x		
39	3	30	4	90,600	34,212	x		x	x
40	3	34	2	90,554	34,112	x			
41	2	37	2	93,153	33,906	x	x		
42	1	25	1	93,132	32,679	x	x	x	x
43	1	25	3	92,885	32,059	x	x	x	x
44	2	36	3	92,316	31,787	x	x		
45	2	6	4	92,185	31,422	x		x	x
46	3	9	2	89,407	31,245	x	x	x	x
47	3	20	3	89,354	31,074	x		x	x
48	3	26	2	88,993	30,305	x		x	x
49	3	20	2	88,888	29,906	x		x	x
50	3	20	4	88,855	29,823	x		x	x

51	2	37	1	91,262	29,165	x	x		
52	3	36	4	88,555	29,143	x	x		
53	2	33	3	91,177	28,883	x			
54	1	2	2	91,121				x	x
55	3	8	4	87,625					
56	2	20	1	90,674				x	
57	3	23	3	87,105					
58	2	30	3	90,815				x	
59	2	27	3	91,108				x	x
60	2	6	1	91,002				x	x
61	1	32	4	88,925					
62	2	24	2	89,256			x	x	
63	1	29	3	89,623			x	x	x
64	1	37	4	91,439			x		
65	1	37	3	90,949			x		
66	1	28	3	85,233			x		
67	1	28	2	80,963			x		
68	3	28	4	85,464			x		
69	2	36	2	88,140			x		
70	3	36	2	86,029			x		
71	1	19	2	89,755			x	x	x
72	1	19	1	87,804			x		x
73	2	19	2	86,632			x		
74	2	19	1	85,783			x		
75	2	25	4	85,213			x		
76	3	25	3	87,665			x		x
77	3	25	2	86,835			x		
78	1	9	1	88,650			x	x	x
79	1	9	2	87,812			x		x
80	2	9	3	84,481			x		
81	3	9	3	80,647			x		
82	3	29	3	95,759				x	
83	2	29	1	93,715				x	x
84	1	29	1	91,121				x	x
85	1	25	2	90,035				x	x
86	1	29	2	89,403				x	x
87	1	29	4	88,558				x	x
88	3	6	1	87,920				x	x

x = Indivíduos selecionados pelos diferentes critérios de seleção: Seleção Combinada (SC); Seleção Entre e Dentro (SED); Seleção Massal (SM) e Seleção Massal Estratificada (SME).

Quadro 12 – Relação das famílias e das plantas selecionadas de cada uma, por repetição, para diâmetro do fruto (mm)

Número	Repetição	Família	Planta	Valor Fen	Valor Gen	SC	SED	SM	SME
1	2	28	1	92,183	17,380	x	x	x	x
2	3	26	4	89,656	16,972	x	x	x	x
3	2	29	4	91,321	16,576	x	x	x	x
4	2	28	2	91,120	16,307	x	x	x	x
5	3	29	2	87,260	14,699	x	x	x	x
6	1	26	1	88,909	13,823	x	x	x	x
7	1	24	4	88,645	13,678	x	x	x	x
8	3	29	3	85,741	13,166	x	x	x	x
9	1	9	1	88,185	12,839	x	x	x	x
10	3	28	1	85,370	12,726	x	x	x	x
11	1	14	2	88,069	12,510	x		x	x
12	3	34	1	85,344	12,497	x	x	x	x
13	3	24	1	84,974	12,369	x	x	x	x
14	3	27	2	85,151	12,246	x	x	x	x
15	3	37	3	84,987	12,107	x	x	x	x
16	3	9	2	85,035	12,056	x	x	x	x
17	1	24	1	86,909	11,926	x	x	x	x
18	2	6	4	86,860	11,583	x	x	x	x
19	2	6	2	86,825	11,548	x	x	x	x
20	2	25	2	86,726	11,296	x		x	x
21	3	34	2	84,153	11,295	x	x	x	x
22	2	3	2	86,706	11,261	x		x	x
23	3	24	2	83,770	11,154	x	x	x	x
24	1	24	3	85,685	10,691	x		x	x
25	3	26	2	83,421	10,680	x	x	x	x
26	2	14	1	86,029	10,626	x		x	x
27	3	18	4	83,800	10,613	x		x	x
28	2	24	4	85,237	10,413	x	x	x	x
29	1	25	2	85,944	10,333	x		x	x
30	2	29	1	84,972	10,169	x	x	x	x
31	1	32	4	85,613	10,128	x		x	x
32	3	26	1	82,813	10,067	x			x
33	2	3	3	85,490	10,034	x		x	x
34	1	29	3	85,007	10,030	x	x	x	x
35	1	28	3	85,028	9,985	x	x	x	x
36	2	9	4	85,118	9,918	x	x	x	x
37	3	27	1	82,820	9,894	x	x	x	x
38	1	33	3	85,259	9,686	x		x	x
39	2	27	3	84,726	9,596	x	x	x	x
40	3	37	4	82,469	9,566	x	x		x
41	1	33	4	85,016	9,441	x		x	x
42	1	24	2	84,196	9,188	x		x	x
43	3	20	3	82,477	9,023	x			x
44	1	25	1	84,640	9,017	x		x	x
45	3	8	4	82,292	9,009	x			x
46	3	25	2	82,219	8,969	x			
47	2	29	2	83,762	8,948	x		x	x
48	1	25	3	84,443	8,818	x		x	x
49	1	37	4	84,094	8,811	x	x	x	x
50	3	3	2	82,057	8,791	x			
51	3	20	4	82,206	8,750	x			
52	2	34	4	83,650	8,566	x	x	x	x
53	1	6	3	83,940	8,463	x	x	x	
54	3	27	4	81,273	8,333	x			
55	1	29	2	83,318			x	x	
56	2	24	2	81,903			x		
57	1	28	4	76,045			x		
58	3	28	4	74,171			x		
59	1	26	4	82,068			x		

60	2	26	1	82,649	x		
61	2	26	3	77,874	x		
62	1	34	3	82,046	x		
63	1	34	1	79,733	x		
64	2	34	1	81,324	x		
65	1	37	3	80,934	x		
66	2	37	2	81,315	x		
67	2	37	1	80,877	x		
68	1	27	3	81,432	x		
69	1	27	2	74,412	x		
70	2	27	4	81,671	x		
71	1	9	2	82,451	x		
72	2	9	3	77,395	x		
73	3	9	3	75,850	x		
74	1	6	4	76,721	x		
75	3	6	1	80,852	x		
76	3	6	2	75,425	x		
77	1	11	4	84,017		x	x
78	2	6	3	83,358		x	x
79	2	33	3	83,311		x	x
80	1	29	1	83,260		x	
81	1	32	3	83,018		x	
82	2	32	2	82,942		x	x
83	1	2	2	82,870		x	
84	1	6	3	83,940			x

x = Indivíduos selecionados pelos diferentes critérios de seleção: Seleção Combinada (SC); Seleção Entre e Dentro (SED); Seleção Massal (SM) e Seleção Massal Estratificada (SME).

Quadro 13 – Relação das famílias e das plantas selecionadas de cada uma, por repetição, para massa do fruto (g)

Número	Repetição	Família	Planta	Valor Fen	Valor Gen	SC	SED	SM	SME
1	1	24	4	324,69	211,308	x	x	x	x
2	3	26	4	291,72	190,286	x	x	x	x
3	1	26	1	307,61	185,641	x	x	x	x
4	2	28	1	302,23	177,763	x	x	x	x
5	3	24	2	277,47	168,958	x	x	x	x
6	3	28	1	272,18	160,872	x	x	x	x
7	2	29	4	290,08	159,444	x	x	x	x
8	2	27	3	286,74	154,329	x	x	x	x
9	3	26	3	266,38	152,280	x	x	x	x
10	3	34	2	261,19	144,256	x	x	x	x
11	3	37	3	260,46	143,179	x	x	x	x
12	2	6	4	279,37	143,146	x		x	x
13	2	28	2	278,47	142,122	x	x	x	x
14	2	9	4	276,82	139,354	x	x	x	x
15	1	24	1	275,81	137,996	x	x	x	x
16	2	26	1	274,52	136,310	x	x	x	x
17	1	24	2	273,56	134,621	x		x	x
18	1	14	2	271,88	131,466	x		x	x
19	2	24	4	269,34	128,590	x	x	x	x
20	3	29	3	248,76	125,649	x	x	x	x
21	1	32	4	265,76	122,443	x		x	x
22	1	33	4	264,93	121,125	x		x	x
23	2	25	2	264,20	120,369	x		x	x
24	2	14	1	262,62	117,876	x		x	x
25	2	6	3	261,90	116,944	x		x	x
26	3	24	1	242,32	116,244	x	x	x	x
27	3	19	1	240,67	113,443	x	x	x	x
28	3	34	1	237,68	108,995	x	x	x	x
29	2	37	2	254,66	106,301	x	x	x	x
30	3	9	2	235,94	106,220	x	x	x	x
31	1	25	1	254,83	106,018	x		x	x
32	1	34	3	253,55	104,320	x	x	x	x
33	2	33	3	252,11	102,195	x		x	x
34	3	29	2	231,42	99,642	x	x	x	x
35	2	6	2	250,29	99,531	x		x	x
36	1	25	3	249,26	97,664	x		x	x
37	2	2	4	248,69	96,881	x		x	x
38	1	25	2	246,68	93,794	x		x	x
39	1	26	4	246,35	93,761	x	x	x	x
40	1	19	2	243,93	89,855	x	x	x	x
41	3	26	1	222,54	86,527	x			x
42	3	3	2	222,02	85,171	x		x	x
43	2	27	4	240,55	85,051	x	x	x	x
44	2	37	1	239,79	83,998	x	x	x	
45	2	29	2	238,64	82,292	x	x	x	x
46	3	27	1	219,64	81,868	x	x		x
47	2	34	4	238,05	81,371	x	x	x	
48	2	24	2	237,12	80,266	x	x	x	
49	2	29	1	236,91	79,697	x		x	
50	1	11	4	237,44	79,402	x		x	x
51	1	9	1	236,72	78,913	x	x	x	x
52	1	24	3	235,75	77,913	x		x	x
53	3	26	2	215,86	76,508	x			x
54	3	13	2	215,40					x
55	3	20	3	215,55					x
56	1	31	3	230,28					
57	1	2	2	231,12				x	
58	1	28	3	234,81			x	x	x
59	1	28	2	186,44			x		

60	1	29	2	226,50	x		
61	1	29	1	224,92	x		
62	1	37	4	229,83	x		
63	1	37	3	217,40	x		
64	3	37	4	212,32	x		
65	1	34	1	224,95	x		
66	2	34	1	222,13	x		
67	1	19	1	231,35	x	x	
68	2	19	1	229,09	x		
69	2	19	2	215,19	x		
70	1	27	3	224,44	x		
71	1	27	2	174,41	x		
72	3	27	2	207,99	x		
73	1	9	3	209,24	x		
74	2	9	3	192,69	x		
75	3	9	2	235,94	x		
76	2	26	2	201,38	x		
77	3	28	4	174,85	x		
78	1	32	3	233,69		x	x
79	2	37	1	239,79			x

x = Indivíduos selecionados pelos diferentes critérios de seleção: Seleção Combinada (SC); Seleção Entre e Dentro (SED); Seleção Massal (SM) e Seleção Massal Estratificada (SME).

Quadro 14 – Relação das famílias e das plantas selecionadas de cada uma, por repetição, para massa da polpa (g)

Número	Repetição	Família	Planta	Valor Fen	Valor Gen	SC	SED	SM	SME
1	1	26	1	172,77	89,109	x	x	x	x
2	3	37	3	145,35	71,490	x	x	x	x
3	1	33	4	144,58	57,534	x		x	x
4	3	26	3	131,17	56,747	x	x	x	x
5	3	28	1	132,71	56,109	x	x	x	x
6	3	26	4	127,88	53,439	x	x	x	x
7	3	6	1	130,18	52,373	x		x	x
8	2	33	3	136,90	52,033	x		x	x
9	2	37	2	132,41	51,246	x	x	x	x
10	2	37	1	131,01	49,839	x	x	x	x
11	1	24	4	134,10	49,101	x	x	x	x
12	1	32	4	133,50	46,742	x		x	x
13	3	34	2	122,98	46,523	x	x	x	x
14	2	25	2	129,89	45,238	x		x	x
15	2	28	1	128,98	45,123	x	x	x	x
16	1	29	2	130,20	44,892	x	x	x	x
17	3	3	2	122,67	44,774	x		x	x
18	1	25	3	131,13	44,265	x		x	x
19	2	24	4	126,88	44,062	x	x	x	x
20	3	29	3	118,72	42,807	x	x	x	x
21	3	24	2	116,37	40,730	x	x	x	x
22	1	34	3	126,48	40,586	x	x	x	x
23	1	24	2	123,76	38,707	x	x	x	x
24	2	19	1	121,27	37,462	x	x	x	x
25	2	29	4	120,42	37,280	x	x	x	x
26	1	14	2	124,88	37,261	x		x	x
27	1	37	3	120,60	37,155	x	x	x	x
28	2	27	3	121,54	36,880	x		x	x
29	1	36	2	121,44	35,754	x	x	x	x
30	2	6	4	119,81	34,712	x		x	x
31	3	37	4	108,25	34,196	x	x	x	x
32	1	37	4	116,66	33,195	x	x	x	x
33	3	29	2	108,16	32,192	x	x	x	x
34	3	8	4	109,85	32,066	x		x	x
35	3	36	3	108,06	31,759	x	x		x
36	2	37	3	111,91	30,639	x		x	x
37	1	11	4	121,32	30,591	x		x	x
38	1	32	3	117,21	30,366	x		x	x
39	3	19	1	106,88	30,233	x	x		x
40	1	24	3	115,08	29,976	x		x	x
41	1	24	1	114,88	29,780	x		x	x
42	2	29	2	112,04	28,856	x	x	x	x
43	2	26	1	110,48	28,712	x	x	x	
44	2	3	2	113,88	28,702	x		x	x
45	2	2	4	114,09	27,567	x		x	x
46	1	26	4	111,27	27,287	x	x	x	x
47	2	36	1	110,79	27,267	x	x	x	x
48	3	34	1	103,76	27,203	x	x		x
49	3	20	3	105,64	26,696	x			x
50	3	8	3	104,29	26,477	x			x
51	1	29	4	111,78	26,375	x	x	x	x
52	2	30	3	112,04	25,763	x		x	x
53	3	9	2	103,04	25,597	x	x		x
54	2	26	3	89,55			x		
55	2	24	2	99,82			x		
56	3	24	1	101,28			x		
57	1	36	3	103,96			x		
58	2	36	2	101,39			x		
59	3	36	1	98,61			x		

60	1	34	1	104,25	x		
61	2	34	1	101,23	x		
62	2	34	3	99,03	x		
63	1	19	1	104,33	x		
64	1	19	3	104,25	x		
65	2	19	2	86,16	x		
66	1	28	3	98,91	x		
67	1	28	2	81,21	x		
68	2	28	4	98,93	x		
69	3	28	4	67,18	x		
70	1	9	1	107,05	x		
71	1	9	3	100,68	x		
72	2	9	4	107,44	x		
73	2	9	3	101,57	x		
74	3	9	3	85,37	x		
75	2	3	2	111,23		x	x
76	1	6	3	110,75		x	
77	2	14	1	110,61		x	x
78	1	14	3	110,07		x	
79	2	6	2	109,09		x	
80	1	3	1	108,99		x	
81	1	4	1	108,08		x	

x = Indivíduos selecionados pelos diferentes critérios de seleção: Seleção Combinada (SC); Seleção Entre e Dentro (SED); Seleção Massal (SM) e Seleção Massal Estratificada (SME).

Quadro 15 – Relação das famílias e das plantas selecionadas de cada uma, por repetição, para massa da casca (g)

Número	Repetição	Família	Planta	Valor Fen	Valor Gen	SC	SED	SM	SME
1	1	35	4	32,90	-107,682	x	x	x	x
2	2	4	4	35,41	-106,695	x	x	x	x
3	3	21	1	29,83	-96,447	x		x	x
4	2	13	3	44,08	-91,948	x		x	x
5	3	11	4	34,00	-89,423	x	x	x	x
6	1	6	1	44,48	-87,575	x		x	x
7	1	36	1	45,38	-86,289	x		x	x
8	1	11	1	46,33	-84,749	x	x	x	x
9	3	16	3	38,33	-82,148	x	x	x	x
10	3	35	3	38,37	-82,095	X	X	X	X
11	2	1	4	49,95	-81,961	x		x	x
12	3	15	4	39,94	-79,421	x	x	x	x
13	3	2	4	41,20	-77,015	x		x	x
14	1	20	2	50,92	-76,785	x		x	x
15	3	7	1	41,94	-75,994	x	x	x	x
16	2	17	3	53,80	-75,525	x	x	x	x
17	2	20	4	53,99	-74,981	x		x	x
18	1	2	3	52,06	-74,840	x		x	x
19	2	13	2	55,84	-71,955	x		x	x
20	1	12	1	55,02	-69,994	x	x	x	x
21	2	1	3	57,12	-69,771	x		x	x
22	2	14	2	57,52	-68,946	x		x	x
23	2	7	2	58,29	-67,901	x	x	x	x
24	3	16	1	46,79	-67,765	x	x	x	x
25	3	15	3	46,85	-67,674	x	x	x	x
26	1	12	2	56,83	-66,923	x	x	x	x
27	3	12	4	47,93	-65,766	x	x	x	x
28	2	17	2	59,58	-65,698	x	x	x	x
29	2	15	2	60,16	-64,749	x	x	x	x
30	1	6	2	58,16	-64,318	x		x	x
31	3	11	3	49,30	-63,412	x	x	x	x
32	1	25	4	58,75	-63,375	x		x	x
33	2	18	4	61,50	-62,176	x		x	x
34	2	31	4	62,83	-60,055	x		x	x
35	1	31	1	61,17	-59,462	x		x	x
36	2	9	1	63,22	-59,133	x		x	x
37	1	15	1	62,07	-58,086	x	x	x	x
38	1	15	4	62,07	-58,086	x	x	x	x
39	1	35	1	62,39	-57,547	x	x	x	x
40	2	7	3	64,85	-56,748	x	x		x
41	3	7	4	53,65	-56,086	x	x	x	x
42	1	35	2	63,51	-55,643	x		x	x
43	3	33	1	54,53	-54,276	x		x	x
44	3	8	1	54,85	-53,826	x		x	x
45	2	10	1	66,72	-53,438	x			x
46	2	35	4	67,21	-52,768	x	x		x
47	3	3	1	56,42	-51,123	x		x	x
48	2	15	1	68,32	-50,876	x	x		x
49	3	7	2	57,03	-50,340	x		x	x
50	2	5	2	69,66	-48,462	x	x		
51	1	16	1	67,79	-48,352	x	x		x
52	2	22	1	69,69	-48,305	x			
53	1	13	1	67,78	-48,241	x			x
54	2	27	2	69,65	-48,100	x			
55	2	35	1	90,93			x		
56	3	35	2	59,73			x	x	x
57	1	16	3	80,67			x		
58	2	16	2	73,00			x		
59	2	16	4	73,46			x		

60	1	7	3	87,79	x		
61	1	7	1	91,50	x		
62	1	17	3	85,06	x		
63	1	17	1	85,66	x		
64	3	17	2	58,35	X	x	x
65	3	17	3	68,5	x		
66	2	12	3	71,32	x		
67	2	12	1	85,63	x		
68	3	12	1	70,49	x		
69	1	11	2	88,72	x		
70	2	11	4	76,63	x		
71	2	11	2	78,70	x		
72	1	4	2	82,57	x		
73	1	4	4	113,81	x		
74	2	4	2	72,03	x		
75	3	4	2	63,33	x	x	
76	3	4	1	70,67	x		
77	1	5	3	68,44	x		
78	1	5	4	70,64	x		
79	2	5	1	87,93	x		
80	3	5	1	71,60	x		
81	3	5	2	72,87	x		
82	3	14	3	59,80		x	
83	3	1	2	60,28		x	
84	3	30	2	61,37		x	
85	3	16	4	61,39		x	
86	3	10	2	62,65		x	
87	3	23	1	62,77		x	
88	1	36	4	68,29			x

x = Indivíduos selecionados pelos diferentes critérios de seleção: Seleção Combinada (SC); Seleção Entre e Dentro (SED); Seleção Massal (SM) e Seleção Massal Estratificada (SME).

Quadro 16 – Relação das famílias e das plantas seleccionadas de cada uma, por repetição, para espessura da casca (mm)

Número	Repetição	Família	Planta	Valor Fen	Valor Gen	SC	SED	SM	SME
1	1	2	3	3,574	-4,983	x		x	x
2	2	13	2	4,600	-3,439	x	x	x	x
3	2	4	4	4,745	-3,250	x	x	x	x
4	1	37	3	5,110	-3,021	x	x	x	x
5	1	37	2	5,117	-3,012	x	x	x	x
6	1	35	4	5,137	-2,971	x		x	x
7	2	20	4	5,002	-2,915	x		x	x
8	3	36	1	4,741	-2,891	x	x	x	x
9	1	36	4	5,247	-2,842	x	x	x	x
10	3	37	1	4,806	-2,810	x	x	x	x
11	3	16	1	4,811	-2,794	x	x	x	x
12	1	13	4	5,473	-2,544	x	x	x	x
13	2	31	4	5,313	-2,515	x		x	x
14	3	37	3	5,042	-2,506	x	x	x	x
15	3	23	1	5,104	-2,417	x	x	x	x
16	3	7	2	5,138	-2,369	x		x	x
17	3	16	3	5,165	-2,338	x	x	x	x
18	3	37	4	5,233	-2,259	x		x	x
19	3	3	1	5,223	-2,257	x		x	x
20	2	36	1	5,524	-2,254	x	x	x	x
21	2	22	3	5,529	-2,236	x		x	x
22	1	12	2	5,731	-2,213	x	x	x	x
23	3	30	2	5,337	-2,105	x		x	x
24	3	36	2	5,365	-2,086	x	x	x	x
25	2	11	4	5,679	-2,045	x		x	x
26	1	37	4	5,873	-2,038	x		x	x
27	2	22	1	5,684	-2,036	x		x	x
28	1	26	3	5,862	-2,028	x		x	x
29	2	13	3	5,717	-1,999	x	x	x	x
30	3	12	1	5,431	-1,997	x	x	x	x
31	2	10	1	5,716	-1,994	x		x	x
32	3	12	4	5,450	-1,972	x	x	x	x
33	3	15	4	5,451	-1,968	x	x	x	x
34	3	25	1	5,453	-1,956	x		x	x
35	3	8	4	5,476	-1,932	x		x	x
36	1	36	2	5,955	-1,929	x	x	x	x
37	1	15	1	5,962	-1,912	x	x	x	x
38	1	23	4	5,978	-1,894	x	x		x
39	2	1	4	5,854	-1,816	x		x	x
40	3	8	2	5,591	-1,784	x		x	x
41	1	20	1	6,059	-1,783	x			x
42	2	11	2	5,890	-1,772	x		x	x
43	3	33	1	5,600	-1,769	x		x	x
44	2	36	2	5,921	-1,742	x	x	x	x
45	1	13	2	6,121	-1,708	x	x		x
46	3	14	3	5,650	-1,708	x		x	
47	1	12	1	6,127	-1,703	x	x		x
48	2	37	3	5,954	-1,703	x	x	x	x
49	1	4	2	6,140	-1,682	x	x		x
50	2	15	3	5,980	-1,658	x	x		x
51	3	4	2	5,710	-1,633	x	x	x	
52	1	22	3	6,176	-1,632	x			x
53	1	23	1	6,190	-1,621	x	x		x
54	1	13	1	6,202	-1,604	x			
55	2	37	1	6244			x		
56	2	12	3	6,556			x		
57	2	12	2	6,796			x		
58	2	23	3	6,771			x		
59	2	23	2	6,975			x		

60	3	23	3	6,387	x		
61	1	16	3	6,933	x		
62	1	16	1	7,652	x		
63	2	16	1	6,461	x		
64	2	16	4	6,727	x		
65	3	13	4	7,051	x		
66	3	13	3	7,531	x		
67	1	15	3	6,427	x		
68	2	15	1	6,669	x		
69	3	15	2	6,164	x		
70	1	4	4	6,976	x		
71	2	4	2	6,097	x		
72	3	4	3	6,578	x		
73	1	17	3	7,378	x		
74	1	17	1	7,455	x		
75	2	17	2	6,847	x		
76	2	17	3	6,884	x		
77	3	17	1	6,230	x		
78	3	17	3	6,237	x		
79	3	2	4	5,740		x	
80	3	8	1	5,761		x	
81	3	14	1	5,773		x	
82	3	12	3	5,783		x	
83	3	7	1	5,833		x	
84	3	12	2	5,840		x	
85	3	36	3	5,885		x	
86	3	21	1	5,890		x	
87	3	36	4	5,945		x	
88	2	35	4	6,049			x
89	2	30	2	6,052			x
90	2	7	2	6,084			x

x = Indivíduos selecionados pelos diferentes critérios de seleção: Seleção Combinada (SC); Seleção Entre e Dentro (SED); Seleção Massal (SM) e Seleção Massal Estratificada (SME).

Quadro 17 – Relação das famílias e das plantas selecionadas de cada uma, por repetição, para SST

Número	Repetição	Família	Planta	Valor Fen	Valor Gen	SC	SED	SM	SME
1	1	35	2	17,26	2,455	x	x	x	x
2	1	30	1	17,34	2,219	x	x	x	x
3	2	35	2	17,20	2,130	x	x	x	x
4	3	35	2	17,40	2,101	x	x	x	x
5	1	24	3	16,90	2,049	x	x	x	x
6	1	30	2	16,90	1,926	x	x	x	x
7	1	1	4	16,66	1,851	x	x	x	x
8	2	35	4	16,54	1,690	x	x	x	x
9	2	1	2	16,84	1,686	x	x	x	x
10	1	35	1	16,04	1,641	x	x	x	x
11	3	15	4	16,94	1,628	x	x	x	x
12	3	16	3	17,10	1,611	x	x	x	x
13	3	13	1	17,05	1,591	x	x	x	x
14	3	11	3	17,04	1,590	x	x	x	x
15	1	1	3	16,22	1,558	x	x	x	x
16	2	4	1	16,58	1,552	x	x	x	x
17	2	4	3	16,56	1,539	x	x	x	x
18	3	24	3	16,72	1,482	x	x	x	x
19	2	15	3	16,42	1,443	x	x	x	x
20	2	4	2	16,40	1,432	x		x	x
21	3	15	1	16,62	1,415	x	x	x	x
22	3	19	1	16,98	1,391	x		x	x
23	1	10	1	16,32	1,387	x		x	x
24	3	7	1	16,78	1,371	x		x	x
25	2	17	2	16,62	1,340	x		x	x
26	2	32	3	16,44	1,320	x		x	x
27	3	2	4	16,85	1,319	x		x	x
28	2	4	4	16,22	1,312	x		x	x
29	3	33	1	16,66	1,290	x		x	x
30	2	35	1	15,92	1,277	x			
31	1	11	1	15,84	1,237	x	x		x
32	1	8	1	15,82	1,203	x			x
33	3	15	3	16,30	1,201	x		x	x
34	3	15	2	16,29	1,195	x		x	x
35	2	14	2	16,40	1,190	x		x	x
36	2	15	4	16,04	1,190	x	x	x	x
37	3	16	4	16,44	1,172	x	x	x	x
38	2	19	3	16,40	1,166	x		x	x
39	2	18	4	16,33	1,159	x		x	x
40	1	36	1	16,03	1,158	x		x	x
41	2	15	1	15,98	1,150	x		x	x
42	3	24	4	16,22	1,149	x	x	x	
43	2	1	3	16,02	1,139	x	x	x	x
44	2	24	4	15,94	1,124	x	x		
45	2	15	2	15,94	1,123	x			
46	1	3	1	15,78	1,121	x			x
47	3	24	1	16,16	1,109	x		x	
48	3	23	1	16,62	1,101	x		x	x
49	3	32	2	16,32	1,078	x		x	x
50	2	17	3	16,22	1,074	x		x	x
51	3	4	3	16,08	1,057	x	x	x	
52	3	32	1	16,28	1,052	x		x	x
53	1	24	4	15,40	1,049	x	x		x
54	3	35	1	15,74	0,995	x	x		
55	1	4	1	15,14			x		
56	1	4	2	14,82			x		
57	3	4	1	15,60			x		
58	2	24	2	14,74			x		
59	1	15	2	15,20			x		

60	1	15	3	14,94	x		
61	3	1	1	15,78	x		
62	3	1	2	15,38	x		
63	1	11	4	15,21	x		
64	2	11	3	15,36	x		
65	2	11	2	14,13	x		
66	3	11	4	16,10	x	x	
67	1	13	4	14,74	x		
68	1	13	3	14,70	x		
69	2	13	3	15,16	x		
70	2	13	2	14,70	x		
71	3	13	2	15,48	x		
72	2	30	3	14,78	x		
73	2	30	2	14,72	x		
74	3	30	4	14,84	x		
75	3	30	2	14,70	x		
76	1	16	1	15,36	x		
77	1	16	3	15,31	x		
78	2	16	3	14,82	x		
79	2	16	4	14,58	x		
80	3	25	4	16,44		x	x
81	3	14	4	16,10		x	
82	3	17	1	16,06		x	
83	3	8	3	16,04		x	
84	2	10	1	16,04		x	x
85	3	10	1	16,02		x	
86	3	3	4	15,96		x	
87	1	6	1	15,66			x
88	1	2	3	15,61			x
89	1	3	2	15,54			x
90	1	2	4	15,43			x
91	1	20	4	15,40			x

x = Indivíduos selecionados pelos diferentes critérios de seleção: Seleção Combinada (SC); Seleção Entre e Dentro (SED); Seleção Massal (SM) e Seleção Massal Estratificada (SME).

Quadro 18 – Relação das famílias e das plantas selecionadas de cada uma, por repetição, para número de frutos por planta

Número	Repetição	Família	Planta	Valor Fen	Valor Gen	SC	SED	SM	SME
1	1	17	3	227,0	75,333	x	x	x	x
2	3	22	1	232,0	73,470	x	x	x	x
3	2	1	1	211,0	57,055	x		x	x
4	2	18	4	177,0	55,861	x	x	x	x
5	3	17	1	167,0	55,685	x	x	x	x
6	3	20	3	191,0	50,243	x		x	x
7	1	3	3	194,0	49,929	x	x	x	x
8	2	10	1	197,0	49,664	x		x	x
9	3	17	4	150,0	49,133	x	x	x	x
10	2	12	1	191,0	48,258	x		x	x
11	1	18	3	163,0	47,767	x	x	x	x
12	2	22	3	166,0	47,251	x	x	x	x
13	2	7	4	172,0	47,141	x	x	x	x
14	2	15	1	191,0	45,770	x		x	x
15	1	18	4	153,0	43,913	x	x	x	x
16	3	17	3	136,0	43,737	x		x	x
17	2	37	2	176,0	41,271	x		x	x
18	3	7	2	153,0	40,597	x	x	x	x
19	2	17	3	128,0	39,873	x	x		x
20	2	18	1	135,0	39,673	x	x	x	x
21	1	36	3	165,0	38,920	x	x	x	x
22	1	33	2	182,0	38,320	x		x	x
23	1	14	1	165,0	38,253	x	x	x	x
24	3	3	2	152,0	37,219	x	x	x	x
25	3	4	3	162,0	35,567	x		x	x
26	3	20	1	152,0	35,211	x		x	x
27	1	18	2	130,0	35,048	x		x	
28	2	30	3	142,0	34,494	x	x	x	x
29	2	30	2	140,0	33,723	x	x	x	x
30	2	2	2	146,0	32,380	x	x	x	x
31	3	29	2	171,0	31,501	x		x	x
32	1	5	2	174,0	31,350	x		x	x
33	1	14	3	147,0	31,315	x	x	x	x
34	2	22	2	120,0	29,521	x	x		
35	1	30	3	136,0	29,484	x	x	x	x
36	3	37	4	143,0	29,332	x		x	x
37	1	7	1	131,0	28,640	x	x	x	
38	1	15	3	152,0	28,040	x		x	x
39	3	14	2	129,0	27,855	x	x		x
40	1	12	4	145,0	27,830	x		x	x
41	2	33	4	146,0	27,143	x		x	x
42	1	2	3	139,0	26,984	x	x	x	x
43	1	22	4	120,0	26,823	x	x		
44	3	4	4	138,0	26,316	x		x	x
45	3	36	4	123,0	26,210	x	x		
46	3	26	3	134,0	26,119	x		x	x
47	3	22	4	109,0	26,061	x	x		
48	2	16	3	142,0	25,886	x		x	x
49	1	30	2	125,0	25,244	x	x		
50	3	2	2	124,0	24,681	x	x		x
51	2	2	4	126,0	24,672	x	x		
52	3	7	4	111,0	24,409	x	x		
53	2	16	1	138,0	24,344	x		x	x
54	1	37	3	139,0	24,312	x		x	x
55	1	17	1	81,0			x		
56	2	17	2	34,0			x		
57	3	18	1	93,0			x		
58	3	18	3	81,0			x		
59	1	22	1	102,0			x		

60	1	7	3	106,0	x		
61	2	7	3	105,0	x		
62	3	30	4	87,0	x		
63	3	30	2	52,0	x		
64	1	36	2	94,0	x		
65	2	36	1	98,0	x		
66	2	36	2	9,0	x		
67	3	36	1	110,0	x		
68	1	3	4	114,0	x		
69	2	3	3	100,0	x		
70	2	3	4	80,0	x		
71	3	3	3	84,0	x		
72	2	14	3	90,0	x		
73	2	14	2	51,0	x		
74	3	14	1	108,0	x		
75	1	2	4	88,0	x		
76	3	2	3	116,0	x		
77	1	13	1	149,0		x	x
78	1	32	1	145,0		x	x
79	2	9	2	144,0		x	x
80	1	31	3	138,0		x	x
81	2	25	2	134,0		x	x
82	1	5	1	133,0		x	x
83	1	25	3	133,0		x	
84	1	33	1	133,0		x	
85	3	23	3	130,0		x	x
86	1	1	4	129,0		x	
87	3	8	4	128,0			x
88	3	31	3	127,0			x

x = Indivíduos selecionados pelos diferentes critérios de seleção: Seleção Combinada (SC); Seleção Entre e Dentro (SED); Seleção Massal (SM) e Seleção Massal Estratificada (SME).

Quadro 19 – Relação das famílias e das plantas selecionadas de cada uma, por repetição, para produção kg/planta

Número	Repetição	Família	Planta	Valor Fen	Valor Gen	SC	SED	SM	SME
1	3	22	1	45,57	4,727	x	x	x	x
2	2	37	2	44,82	4,582	x	x	x	x
3	3	26	3	35,69	4,047	x	x	x	x
4	3	20	3	41,17	3,829	x	x	x	x
5	1	26	1	35,07	3,665	x	x	x	x
6	1	17	3	37,68	3,354	x	x	x	x
7	3	26	4	28,88	3,281	x	x	x	x
8	3	29	2	39,57	3,147	x		x	x
9	2	18	1	29,27	3,101	x	x	x	x
10	3	37	4	30,36	3,094	x	x	x	x
11	2	1	1	39,93	3,084	x		x	x
12	3	3	2	33,75	3,040	x	x	x	x
13	3	26	1	26,71	3,036	x		x	x
14	1	18	3	29,79	2,987	x	x	x	x
15	2	30	3	31,46	2,834	x	x	x	x
16	1	37	3	30,22	2,767	x	x		x
17	3	20	1	31,69	2,763	x	x	x	x
18	1	36	3	32,27	2,645	x	x	x	x
19	1	18	4	26,48	2,615	x	x	x	x
20	2	30	2	28,81	2,536	x	x	x	x
21	1	18	2	25,50	2,504	x		x	
22	2	22	3	26,88	2,487	x	x	x	x
23	2	25	2	35,40	2,428	x		x	x
24	2	26	2	22,15	2,386	x	x		
25	1	33	2	33,83	2,344	x		x	x
26	2	18	4	22,46	2,336	x	x		
27	1	14	3	30,90	2,334	x		x	x
28	3	17	1	25,72	2,321	x	x	x	x
29	1	14	1	30,41	2,278	x		x	x
30	2	2	4	31,34	2,237	x		x	x
31	3	26	2	18,99	2,169	x			
32	3	17	4	23,94	2,121	x	x	x	x
33	2	7	4	30,29	2,044	x		x	x
34	1	25	3	33,15	2,002	x		x	x
35	1	14	2	26,92	1,885	x		x	x
36	1	22	1	22,23	1,790	x	x		
37	2	22	2	20,60	1,780	x	x		
38	3	36	4	21,64	1,761	x	x		
39	1	30	4	23,29	1,743	x	x		
40	3	18	4	15,68	1,711	x	x		
41	3	20	2	22,32	1,709	x			
42	2	3	3	23,07	1,702	x	x		x
43	1	31	3	31,78	1,684	x		x	x
44	3	18	1	15,27	1,664	x	x		
45	3	17	3	19,43	1,614	x			
46	3	9	2	25,48	1,610	x		x	x
47	1	30	3	22,07	1,605	x	x		
48	2	33	4	25,59	1,590	x		x	x
49	2	12	1	29,89	1,589	x		x	x
50	1	3	4	23,54	1,581	x	x		
51	3	22	4	17,39	1,558	x	x		
52	1	30	2	21,60	1,553	x			
53	3	18	3	13,98	1,520	x			
54	2	20	1	21,75	1,507	x	x		
55	1	26	4	10,84			x		
56	2	26	1	14,00			x		
57	1	37	4	15,63			x		
58	2	37	1	16,79			x		
59	3	37	3	15,89			x		

60	1	22	4	19,52	x		
61	3	30	4	16,67	x		
62	3	30	2	6,14	x		
63	1	17	1	13,26	x		
64	2	17	3	13,83	x		
65	2	17	2	3,87	x		
66	1	36	2	20,70	x		
67	2	36	1	20,22	x		
68	2	36	2	19,04	x		
69	3	36	3	18,96	x		
70	1	3	1	22,75	x		
71	2	3	2	14,54	x		
72	3	3	3	14,77	x		
73	1	20	3	22,61	x		
74	1	20	1	10,57	x		
75	2	20	4	7,78	x		
76	1	24	4	31,49		x	x
77	2	15	1	30,57		x	x
78	1	5	2	29,02		x	x
79	1	4	1	27,99		x	x
80	1	25	1	26,50		x	x
81	1	32	4	26,31		x	x
82	1	2	1	25,88		x	x
83	2	16	3	25,48		x	x
84	2	10	1	25,25		x	x
85	1	7	1	25,11		x	
86	3	19	1	25,03		x	x
87	1	33	1	24,90		x	
88	1	24	1	24,89		x	
89	3	8	4	24,65		x	x
90	3	8	3	24,51		x	x
91	3	4	3	24,43		x	x
92	2	9	2	24,13		x	x
93	1	5	1	23,88		x	
94	2	28	1	23,57			x
95	3	23	3	23,43			x
96	2	6	4	22,91			x
97	3	29	3	22,89			x

x = Indivíduos selecionados pelos diferentes critérios de seleção: Seleção Combinada (SC); Seleção Entre e Dentro (SED); Seleção Massal (SM) e Seleção Massal Estratificada (SME).

A seleção combinada teve influência positiva no que diz respeito ao tamanho efetivo da população, para todas as características, assim como a seleção massal e massal estratificada, uma vez que aumentou em muito o número de famílias a serem recombinadas, porém, a seleção combinada proporcionou os maiores ganhos em todas as características.

Diante das considerações anteriores, pode-se inferir, provavelmente, que a maior eficiência da seleção combinada seja, devido ao fato de incluir maior número de famílias para futuras recombinações, maximizando o ganho esperado. Assim, além de maximizar os ganhos esperados, incluiu indivíduos superiores de famílias intermediárias e indivíduos intermediários de famílias superiores,

podendo-se, portanto, afirmar que essa seleção foi realmente superior à seleção entre e dentro, massal e massal estratificada.

4. RESUMO E CONCLUSÕES

Este estudo foi desenvolvido com os objetivos de estimar os parâmetros genéticos, buscando conhecer a estrutura genética da população e o potencial da mesma para melhoramento; comparar os ganhos preditos para alguns caracteres agrônômicos, utilizando diferentes critérios de seleção, em famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo, visando indicar aquele que melhor se aplique ao melhoramento genético. Foram avaliadas 37 populações segregantes de maracujazeiro amarelo. As avaliações foram efetuadas de janeiro a maio de 2004, ou seja, na segunda safra. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com 37 tratamentos, 3 repetições e 4 plantas por parcela. As características avaliadas foram: número de frutos por planta (NF); comprimento do fruto (C); diâmetro do fruto (D); cassa do fruto (MF); massa da casca (MC); espessura da casca (EC); massa da polpa (MP); teor de sólidos solúveis totais (SST) e produção estimada por planta (PR). Foram estimados os ganhos de seleção em função de uma porcentagem de seleção de 25% entre e 50% dentro de famílias, sendo as mesmas mantidas para todas as características. Todas as características foram submetidas a seleção no sentido positivo, exceto peso e espessura de casca, para obter decréscimo em suas médias originais. Os critérios de seleção estudados foram: seleção convencional entre e dentro das famílias, índice de seleção combinada, seleção massal e seleção massal estratificada. A eficiência do processo de seleção combinada em comparação ao processo de seleção entre e dentro foi sempre superior à unidade, em todos os casos superando o valor de 1,30. Os ganhos de seleção massal e massal estratificada foram superiores aos ganhos da seleção entre e dentro de famílias, sendo sempre inferiores a seleção combinada. Os resultados obtidos permitem as seguintes conclusões:

- 1) Houve variabilidade genética significativa em todas as características, exceto produção estimada por planta, evidenciando a possibilidade de ganhos consideráveis com a seleção;

2) Todas as características apresentaram níveis diferenciados de variabilidade genética, conforme evidenciado pelos seus respectivos coeficientes de variação genético;

3) Os critérios de seleção utilizados mostraram-se eficientes para aplicação no melhoramento do maracujazeiro, para todas as características avaliadas, mas os maiores ganhos genéticos foram proporcionados pelo índice de seleção combinada;

4) Em todas as características avaliadas, o índice de seleção combinada identificou maior número de famílias que a seleção entre e dentro. Em relação à seleção massal e massal estratificada o número de famílias selecionadas foi semelhante, exceto quanto ao número de frutos e produção por planta, que foi inferior;

5) O índice de seleção combinada foi o critério de seleção que apresentou os melhores resultados em termos de ganhos, sendo indicado como critério mais apropriado para o melhoramento genético na população estudada.

CAPÍTULO 2

ANÁLISE DE TRILHA E GANHOS INDIRETOS ENTRE CARACTERÍSTICAS DO FRUTO DE MARACUJAZEIRO AMARELO (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)

1. INTRODUÇÃO

A avaliação da produção de grãos e de frutas é essencial no melhoramento genético, entretanto nas espécies frutíferas, além da produção a qualidade dos frutos é de grande importância para determinar a aceitação do produto. Essa qualidade do fruto é um termo amplo que engloba dimensões, coloração, sabor, aroma, rendimento em polpa e outros atributos para os quais o consumidor é sensível (ALBUQUERQUE et al., 2002).

O estudo de correlações é de grande importância, principalmente por auxiliar na escolha dos procedimentos mais adequados à condução do programa de melhoramento, uma vez que objetiva-se melhorar diversas características simultaneamente ou algum caráter específico que apresente baixa herdabilidade ou problemas de identificação e medição, como a produção de grãos e frutos (VENCOVSKY, 1987; CARVALHO et al., 1999).

Ressalta-se que as correlações diretamente mensuradas a partir de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população, é a fenotípica, sendo essencial distinguir suas duas causas: a genética e a ambiental. Porém, só as causas genéticas envolvem associações de natureza herdável, podendo, por conseguinte, ser utilizadas na orientação de programas de melhoramento. Conclusões com base apenas em correlações fenotípicas podem ser equivocadas e, conseqüentemente, inviabilizarem o programa de melhoramento (CRUZ et al., 2004).

A causa de correlação genética é, principalmente, pleiotropismo, embora desequilíbrio de ligação gênica cause correlação transitória, especialmente quando os cruzamentos são entre populações divergentes (FALCONER, 1987).

Em alguns casos, os coeficientes de correlação simples podem produzir grandes equívocos a respeito da relação que há entre duas variáveis, podendo não ser uma medida real de causa e efeito. Portanto, um alto ou baixo coeficiente de correlação entre duas variáveis pode ser o resultado do efeito que, sobre essas duas variáveis, tem uma terceira variável ou um grupo de variáveis. Uma medida mais informativa sobre a relação entre variáveis é o coeficiente de correlação

parcial, que é estimado removendo-se os efeitos de outras variáveis sobre a associação estudada (CRUZ et al., 2004).

Os coeficientes de correlação, apesar de serem de grande utilidade na quantificação da magnitude e direção das influências de fatores na determinação de caracteres complexos, não dão a exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos destes fatores. Estudos sobre o desdobramento do coeficiente de correlação são feitos pela análise de trilha, desenvolvida por WRIGHT (1921 e 1923) e pormenorizada por LI (1975).

A análise de trilha consiste no estudo dos efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre uma variável básica, cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão, em que as variáveis são previamente padronizadas. Apesar de a correlação ser uma característica intrínseca a dois caracteres em dada condição experimental, sua decomposição é dependente do conjunto de caracteres estudados, que normalmente são avaliados pelo conhecimento prévio do pesquisador, de suas importâncias e de possíveis inter-relações, expressas em "diagramas de trilha" (CRUZ et al., 2004).

A análise de trilha, nos casos em que se considera um único modelo causal, é simplesmente uma análise de regressão parcial padronizada, sendo útil no desdobramento dos coeficientes de correlação em efeito direto e indireto. Entretanto, a análise de trilha constitui-se numa expansão da regressão múltipla, quando são envolvidas inter-relações complexas e, ou, vários diagramas causais, como é comumente encontrado em estudos de melhoramento envolvendo a produção de grãos ou frutos, os componentes primários da produção e também os caracteres secundários (CRUZ et al., 2004).

A seleção direta é a maneira mais fácil e prática de obter ganhos em uma única característica. Porém, ao se praticar seleção em uma determinada característica, esta normalmente proporciona alterações em outras, em virtude de correlações genéticas. À modificação na média em uma característica, ocasionada pela seleção em outra a ela associada, dá-se o nome de resposta indireta à seleção, ou resposta correlacionada, e o seu sentido pode ou não ser de interesse do melhorista.

Este trabalho teve por objetivo estimar correlações e analisar a relação entre características do fruto e da planta de maracujazeiro amarelo pelos seus desdobramentos em efeitos diretos e indiretos por meio da análise trilha, de componentes primários e secundários sobre a produção de frutos e estimar os ganhos diretos e indiretos via resposta correlacionada.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas 37 populações segregantes de maracujazeiro amarelo cuja ascendência e procedência estão descritas na Tabela 1 do Capítulo 1 (Ver Capítulo 1).

O experimento foi conduzido na área experimental de fruticultura do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com 37 tratamentos, 3 repetições e 4 plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 3,5 x 3,5 m, em espaldeira com um fio de arame. As avaliações foram efetuadas de janeiro a maio de 2004, ou seja, no segundo ano de produção.

Durante a condução do experimento, foram realizados os tratos culturais recomendados à cultura, como condução da planta, poda, adubação, controle de plantas daninhas e controle de pragas e doenças. A adubação foi executada de acordo com a recomendada por SOUZA et al., (1999).

A colheita dos frutos destinados à análise foi efetuada no estágio “verde-amarelo” (CEAGESP, 2001).

As características avaliadas foram: número de frutos por parcela (NF); comprimento do fruto (C); diâmetro do fruto (D); massa do fruto (MF); massa da casca (MC); espessura da casca (EC); massa da polpa (MP); teor de sólidos solúveis totais (SST) e produção estimada por parcela (PR). (Detalhes das características avaliadas, ver Capítulo 1).

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o uso do aplicativo computacional GENES – versão 2005 (CRUZ, 2001).

2.1. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambientais

Foram estimados os coeficientes de correlações genéticas (r_g) fenotípicas (r_f) e de ambiente (r_e) entre médias de famílias, para as características tomadas par a par. Para isso, construiu-se um quadro auxiliar (Quadro 1) com os produtos médios para obtenção dos estimadores dos componentes de covariâncias entre os vários caracteres.

Quadro 1 – Esquema da análise de variância dos caracteres X, Y e da soma X + Y, com as esperanças matemáticas dos produtos médios, para obtenção de componentes de covariância

FV	GL	QM			PM	E(PM)
		X	Y	X + Y		
Bloco	r-1					
Tratamentos	g-1	QMT _x	QMT _y	QMT _{x+y}	PM _{xy}	$\sigma_{xy} + r\sigma_{gxy}$
Resíduo	(r-1)(g-1)	QMR _x	QMR _y	QMR _{x+y}	PM _{xy}	σ_{xy}

PM = produto médio;

E(PM) = esperança matemática do produto médio;

σ_{gxy} = componente de covariância genética entre progênies para os caracteres X e Y; e

σ_{xy} = componente de covariância residual dos caracteres X e Y.

Os produtos médios associados a tratamentos e resíduo são obtidos por meio das seguintes expressões:

$$PMT_{xy} = (QMT_{x+y} - QMT_x - QMT_y)/2$$

e

$$PMR_{xy} = (QMR_{x+y} - QMR_x - QMR_y)/2$$

Desse modo, os coeficientes de correlações genotípica, fenotípica e ambiente entre as características tomadas par a par, foram obtidas da seguinte forma:

a) Correlação fenotípica

$$r_f = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{QMT_x \cdot QMT_y}}$$

b) Correlação de ambiente

$$r_a = \frac{PMR_{xy}}{\sqrt{QMR_x \cdot QMR_y}}$$

b) Correlação genotípica

$$r_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{gy}^2}}$$

sendo:

$$\hat{\sigma}_{gxy} = \frac{PMT_{xy} - PMR_{xy}}{r}$$

$$\hat{\sigma}_{gx}^2 = \frac{QMT_x - QMR_x}{r}$$

$$\hat{\sigma}_{gy}^2 = \frac{QMT_y - QMR_y}{r}$$

em que:

$\hat{\sigma}_{gxy}$: estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y;

$\hat{\sigma}_{gx}^2$ e $\hat{\sigma}_{gy}^2$: estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

2.2. Análise de trilha

A análise de trilha foi feita a partir das variáveis da produção padronizadas (CRUZ et al., 2004).

Padronização das variáveis

A padronização das variáveis foi obtida dividindo-se o desvio de cada observação em relação à média pelo desvio-padrão da amostra, ou seja:

$$u_i = \frac{X_i - \bar{X}}{\hat{\sigma}_x}$$

Foram verificadas as seguintes propriedades em relação às variáveis padronizadas:

a) Uma variável padronizada tem média igual a zero e variância igual a 1, ou seja:

$$\bar{u} = \frac{\sum u_i}{n} = 0, \text{ pois } \sum u_i = 0$$

e

$$\hat{\sigma}_u^2 = 1 \Rightarrow \sum u_i^2 = (n-1)$$

b) A covariância entre duas variáveis padronizadas é igual à correlação entre estas variáveis (padronizadas ou não), ou seja:

$$\text{se } v_i = \frac{Y_i - \bar{Y}}{\hat{\sigma}_y}, \text{ então:}$$

$$\hat{\text{Cov}}(u, v) = r_{uv} = r_{xy} \Rightarrow \sum u_i v_i = (n-1)r_{uv}$$

c) O coeficiente de regressão linear entre duas variáveis padronizadas foi dado por:

$$\hat{\beta} = \hat{\beta} = =$$

2.2.1. Estimação dos coeficientes de trilha (efeitos diretos e indiretos)

Na estimação dos coeficientes de trilha partiu-se da associação entre a variável básica Y, produção por parcela, e seus componentes primários, comprimento e diâmetro do fruto, espessura de casca e teor de sólidos solúveis totais (X_1 , X_2 , X_3 e X_4 , respectivamente), em que se relacionam por meio do seguinte modelo:

$$Y - \bar{Y} = b_{01}(X_1 - \bar{X}_1) + b_{02}(X_2 - \bar{X}_2) + b_{03}(X_3 - \bar{X}_3) + b_{04}(X_4 - \bar{X}_4) + \varepsilon \quad (I)$$

De maneira análoga, tem-se:

$$\frac{Y - \bar{Y}}{\sigma_y} = b_{01} \frac{\sigma_{x1}}{\sigma_y} \frac{X_1 - \bar{X}_1}{\sigma_{x1}} + b_{02} \frac{\sigma_{x2}}{\sigma_y} \frac{X_2 - \bar{X}_2}{\sigma_{x2}} + b_{03} \frac{\sigma_{x3}}{\sigma_y} \frac{X_3 - \bar{X}_3}{\sigma_{x3}} + b_{04} \frac{\sigma_{x4}}{\sigma_y} \frac{X_4 - \bar{X}_4}{\sigma_{x4}} + \frac{\sigma_\varepsilon}{\sigma_y} \frac{\varepsilon}{\sigma_\varepsilon}$$

da qual se obtém:

$$Y = p_{01}X_1 + p_{02}X_2 + p_{03}X_3 + p_{04}X_4 + p_\varepsilon u \quad (II)$$

em que:

$$y = (Y - \bar{Y})/\sigma_y$$

$$x_i = (X_i - \bar{X}_i)/\sigma_{xi}$$

$$u = \varepsilon/\sigma_\varepsilon$$

$$p_\varepsilon = \sigma_\varepsilon/\sigma_y$$

$$p_{0i} = (b_{0i}\sigma_{xi})/\sigma_y$$

Neste modelo é verificado que:

$$\text{Cov}(u, x_i) = 0$$

Tendo em vista o modelo II, verificam-se as seguintes relações:

$$\hat{V}(y) = \hat{p}_{01}^2 + \hat{p}_{02}^2 + \hat{p}_{03}^2 + \hat{p}_{04}^2 + 2\hat{p}_{01}^2\hat{p}_{02}^2r_{12} + 2\hat{p}_{01}^2\hat{p}_{03}^2r_{13} + 2\hat{p}_{01}^2\hat{p}_{04}^2r_{14} + 2\hat{p}_{02}^2\hat{p}_{03}^2r_{23} + 2\hat{p}_{02}^2\hat{p}_{04}^2r_{24} + 2\hat{p}_{03}^2\hat{p}_{04}^2r_{34} + \hat{p}_\varepsilon^2 \quad (III)$$

$$\hat{\text{Cov}}(y, x_1) = r_{01} = \hat{p}_{01} + \hat{p}_{02}r_{12} + \hat{p}_{03}r_{13} + \hat{p}_{04}r_{14}$$

$$\hat{\text{Cov}}(y, x_2) = r_{02} = \hat{p}_{01}r_{12} + \hat{p}_{02} + \hat{p}_{03}r_{23} + \hat{p}_{04}r_{24}$$

$$\hat{\text{Cov}}(y, x_3) = r_{03} = \hat{p}_{01}r_{13} + \hat{p}_{02}r_{23} + \hat{p}_{03} + \hat{p}_{04}r_{34}$$

$$\hat{\text{Cov}}(y, x_4) = r_{04} = \hat{p}_{01}r_{14} + \hat{p}_{02}r_{24} + \hat{p}_{03}r_{34} + \hat{p}_{04} \quad (IV)$$

Em (III) pode-se estimar o coeficiente de determinação do modelo causal ($R_{0.1234}^2$), em que os efeitos das quatro variáveis explicativas (comprimento e diâmetro do fruto, espessura da casca e teor de sólidos solúveis totais) sobre a produção por parcela, ou seja:

$$R_{0.1234}^2 = \hat{p}_{01}^2 + \hat{p}_{02}^2 + \dots + 2\hat{p}_{03}^2\hat{p}_{04}^2r_{34}$$

Também em (III) estima-se o efeito da variável residual sobre a variável principal, dado por:

$$\hat{p} = \sqrt{1 - R_{0.1234}^2}$$

Em (IV) é apresentada a decomposição das correlações r_{0i} em efeitos diretos de x_i sobre a variável básica (produção por parcela), expresso por \hat{p}_{0i} , e os efeitos indiretos de x_i via x_j , expresso por $\hat{p}_{0j}r_{ij}$. A estimação dos efeitos diretos e indiretos é feita da seguinte maneira:

$$\begin{bmatrix} r_{01} \\ r_{02} \\ r_{03} \\ r_{04} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & r_{12} & r_{13} & r_{14} \\ r_{21} & 1 & r_{23} & r_{24} \\ r_{31} & r_{32} & 1 & r_{34} \\ r_{41} & r_{42} & r_{43} & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{p}_{01} \\ \hat{p}_{02} \\ \hat{p}_{03} \\ \hat{p}_{04} \end{bmatrix}$$

2.2.2. Análise de trilha em cadeia

Considerando a variável básica produção kg/parcela, seus componentes primários (número de frutos por parcela e peso do fruto) e seus componentes secundários (massa da polpa e massa da casca), pode-se supor, sem perda de generalidade:

Y = variável básica;

x_1 e x_2 = componentes primários;

z_3 e z_4 = componentes secundários.

a) Influência de x_1 e x_2 sobre y

$$\text{Modelo: } y = p_{01}x_1 + p_{02}x_2 + p_{\varepsilon 0}\varepsilon_0$$

$$\text{Correlações: } \hat{\text{côv}}(y, x_1) = r_{01} = \hat{p}_{01} + \hat{p}_{02}r_{12}$$

$$\hat{\text{côv}}(y, x_2) = r_{02} = \hat{p}_{02} + \hat{p}_{01}r_{12}$$

$$\begin{bmatrix} r_{01} \\ r_{02} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & r_{12} \\ r_{12} & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{p}_{01} \\ \hat{p}_{02} \end{bmatrix}$$

$$R^2 = \hat{p}_{01}r_{01} + \hat{p}_{02}r_{02} \quad \hat{p}_{\varepsilon} = \sqrt{1-R^2}$$

b) Influência de z_3 e z_4 sobre x_1

$$\text{Modelo: } x_1 = p_{13}z_3 + p_{14}z_4 + p_{\varepsilon 1}\varepsilon_1$$

$$\text{Correlações: } \hat{\text{côv}}(x_1, z_3) = r_{13} = \hat{p}_{13} + \hat{p}_{14}r_{34}$$

$$\hat{\text{côv}}(x_1, z_4) = r_{14} = \hat{p}_{14} + \hat{p}_{13}r_{34}$$

$$\begin{bmatrix} r_{13} \\ r_{14} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & r_{34} \\ r_{34} & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{p}_{13} \\ \hat{p}_{14} \end{bmatrix}$$

$$R^2 = \hat{p}_{13}r_{13} + \hat{p}_{14}r_{14} \quad \hat{p}_{\varepsilon 1} = \sqrt{1-R^2}$$

c) Influência de z_3 e z_4 sobre x_2

$$\text{Modelo: } x_2 = p_{23}z_3 + p_{24}z_4 + p_{\varepsilon 2}\varepsilon_2$$

$$\text{Correlações: } \hat{\text{côv}}(x_2, z_3) = r_{23} = \hat{p}_{23} + \hat{p}_{24}r_{34}$$

$$\hat{\text{côv}}(x_2, z_4) = r_{24} = \hat{p}_{24} + \hat{p}_{23}r_{34}$$

$$\begin{bmatrix} r_{23} \\ r_{24} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & r_{34} \\ r_{34} & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{p}_{23} \\ \hat{p}_{24} \end{bmatrix}$$

$$R^2 = \hat{p}_{23}r_{23} + \hat{p}_{24}r_{24} \quad \hat{p}_{\varepsilon 2} = \sqrt{1-R^2}$$

d) Influência de z_3 e z_4 sobre y

Modelo: $y = p_{03}z_3 + p_{04}z_4$

Correlações:

- $\text{côv}(y, z_3) = r_{03} = \hat{p}_{04}r_{34} + \hat{p}_{03}$
 $= \text{côv}(\hat{p}_{01}x_1 + \hat{p}_{02}x_2 + \hat{p}_{\varepsilon 0}\varepsilon_0, z_3)$
 $= \hat{p}_{01}x_{13} + \hat{p}_{02}x_{23}$
 $= \hat{p}_{01}(\hat{p}_{13} + \hat{p}_{14}r_{34}) + \hat{p}_{02}(\hat{p}_{23} + \hat{p}_{24}r_{34})$
 $= \hat{p}_{01}\hat{p}_{13} + \hat{p}_{01}\hat{p}_{14}r_{34} + \hat{p}_{02}\hat{p}_{23} + \hat{p}_{02}\hat{p}_{24}r_{34}$

- $\text{côv}(y, z_4) = r_{04} = \hat{p}_{03}r_{34} + \hat{p}_{04}$
 $= \text{côv}(\hat{p}_{01}x_1 + \hat{p}_{02}x_2 + \hat{p}_{\varepsilon 0}\varepsilon_0, z_4)$
 $= \hat{p}_{01}x_{14} + \hat{p}_{02}x_{24}$
 $= \hat{p}_{01}(\hat{p}_{14} + \hat{p}_{13}r_{34}) + \hat{p}_{02}(\hat{p}_{24} + \hat{p}_{23}r_{34})$
 $= \hat{p}_{01}\hat{p}_{14} + \hat{p}_{01}\hat{p}_{13}r_{34} + \hat{p}_{02}\hat{p}_{24} + \hat{p}_{02}\hat{p}_{23}r_{34}$

Como relação entre as variáveis explicativas e a variável básica é estruturalmente multiplicativa, transformaram-se os dados para a escala logarítmica, de modo que fosse obtida a determinação completa no modelo aditivo de regressão linear múltipla. Assim, tem-se:

$Y = P_1 \times P_2$ e, conseqüentemente, a transformação:

$\log(Y) = \log(P_1) + \log(P_2)$ torna adequada a utilização do modelo matemático:

$$LY = p_{01}LP_1 + p_{02}LP_2$$

2.3. Ganhos por seleções direta e indireta

Foram estimados os ganhos por seleções direta e indireta entre as famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo em todas as características avaliadas, considerando-se a seleção de 25% das melhores famílias. Nas características comprimento e diâmetro do fruto, massa do fruto e da polpa, teor de sólidos solúveis totais (SST), número de frutos por parcela e produção kg/parcela, a seleção foi no sentido de acréscimo e, para as características massa e espessura da casca, no sentido de decréscimo.

- **Ganho de seleção direto entre famílias**

$$GS_e = h_e^2 DS \quad \text{e} \quad GS_e(\%) = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0}$$

em que

GS_e = ganho de seleção entre;

h_e^2 = herdabilidade em nível de média de família;

$DS = \bar{X}_s - X_0$ = diferencial de seleção; e

\bar{X}_s e X_0 = média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

- **Ganho de seleção indireto entre famílias**

$$GS_{j(i)} = (\bar{X}_{sj} - X_{oj})h_j^2 = DS_{j(i)} \cdot h_j^2$$

em que

$GS_{j(i)}$ = ganho de seleção indireto no caráter j, pela seleção praticada no caráter i;

$DS_{j(i)}$ = diferencial de seleção indireta com base na média das famílias, obtido em função da média do caráter dos indivíduos, cuja superioridade é evidenciada a partir do caráter sobre o qual se pratica a seleção direta; e

h_j^2 = herdabilidade do caráter sob seleção indireta, em nível de média de família.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Correlações Fenotípicas, Genotípicas e Ambientais

O comprimento, diâmetro, massa do fruto, massa da polpa e massa da casca apresentaram, entre si, altos e significativos valores de correlação, porém somente a massa da polpa apresentou correlação significativa com produção (Quadro 2). Neste estudo, o caráter produção teve herdabilidade menor que os outros caracteres associado, a resposta indireta deverá proporcionar ganhos superiores à resposta direta (FALCONER, 1987).

O valor da produção estimada é o resultado da multiplicação entre o número de frutos e a massa do fruto. Portanto, verifica-se que esses dois caracteres apresentaram correlação positiva com a produção, mas somente com o número de frutos por parcela obtiveram uma correlação significativa (0,8628) (Quadro 2).

Não menos importante, a massa do fruto é um componente da produção. Esta característica é composta pela massa da polpa e massa da casca, porém a massa da casca apresentou maior correlação com a massa do fruto (Quadro 2), ou seja, neste trabalho a massa da casca influenciou mais o peso do fruto que a massa da polpa, indicando que frutos maiores não necessariamente terão maior quantidade de polpa. Este resultado também foi verificado por (MARTINS et al., 2003).

O comprimento e diâmetro do fruto, também são componentes da massa do fruto. Segundo NEGREIROS (2006, dados submetidos à publicação), a seleção de frutos com maior diâmetro equatorial possibilita a obtenção de maracujás mais pesados e com maior rendimento. Isto também foi verificado no presente trabalho, ou seja, o diâmetro apresenta maior correlação com a massa do fruto (Quadro 2). FERREIRA et al. (1975), também encontraram correlações altas e positivas entre a massa do fruto com o comprimento e diâmetro dos frutos do maracujá amarelo, com valores de correlação de 0,8069 e 0,8796, respectivamente.

A importância dos estudos de correlações é ressaltada por diversos autores, pois tais conhecimentos possibilitam a predição do que acontecerá a dada característica quando outra, a ela correlacionada, for afetada. Dessa forma,

permite-se estabelecer a viabilidade de realizar seleção em outra característica de fácil medição, visando obter ganhos em uma de difícil avaliação ou de baixa herdabilidade (FALCONER, 1987; CASTOLDI, 1997; CRUZ et al., 2004).

Quadro 2 – Estimativas de correlações fenotípicas (r_f), genotípicas (r_g) e de ambiente (r_a) entre as características estudadas

Características	Estimativas das Correlações		
	r_f	r_g	r_a
Comprimento fruto x diâmetro fruto	0,8977**	0,9293 ⁺⁺	0,8614 ⁺⁺
massa fruto	0,9304**	0,9427 ⁺⁺	0,8878 ⁺⁺
massa polpa	0,9179**	0,9628 ⁺⁺	0,8062 ⁺⁺
massa casca	0,8803**	0,8884 ⁺⁺	0,8423 ⁺⁺
espessura casca	0,4521**	0,4916 ⁺⁺	0,2960 ⁺⁺
SST	-0,4245**	-0,8865 ⁺⁺	-0,1510 ^{ns}
NF/parcela	-0,2479 ^{ns}	-0,6198 ⁺	0,3235 ⁺⁺
produção kg/parcela	0,2343 ^{ns}	0,1800 ^{ns}	0,5013 ⁺⁺
Diâmetro fruto x massa fruto	0,9674**	0,9933 ⁺⁺	0,9118 ⁺⁺
massa polpa	0,9232**	0,9595 ⁺⁺	0,8324 ⁺⁺
massa casca	0,9383**	0,9742 ⁺⁺	0,8608 ⁺⁺
espessura casca	0,5646**	0,6625 ⁺⁺	0,2979 ⁺⁺
SST	-0,4690**	-1,0435 ⁺⁺	-0,1453 ^{ns}
NF/parcela	-0,2350 ^{ns}	-0,8020 ⁺⁺	0,3804 ⁺⁺
produção kg/parcela	0,2426 ^{ns}	-0,1152 ^{ns}	0,5624 ⁺⁺
Massa fruto x massa polpa	0,9502**	0,9633 ⁺⁺	0,9243 ⁺⁺
massa casca	0,9730**	0,9826 ⁺⁺	0,9335 ⁺⁺
espessura casca	0,5989**	0,6739 ⁺⁺	0,3319 ⁺⁺
SST	-0,4385**	-0,9601 ⁺⁺	-0,1193 ^{ns}
NF/parcela	-0,2784 ^{ns}	-0,7685 ⁺⁺	0,3677 ⁺⁺
produção kg/parcela	0,2144 ^{ns}	-0,0625 ^{ns}	0,5790 ⁺⁺
Massa polpa x massa casca	0,8526**	0,8966 ⁺⁺	0,7259 ⁺⁺
espessura casca	0,3766*	0,4805 ⁺	0,0762 ^{ns}
SST	-0,4442**	-0,9711 ⁺⁺	-0,1456 ^{ns}
NF/parcela	-0,1282 ^{ns}	-0,5444 ^{ns}	0,3507 ⁺⁺
produção kg/parcela	0,3484*	0,2687 ^{ns}	0,5371 ⁺⁺
Massa casca x espessura casca	0,7252**	0,7790 ⁺⁺	0,5264 ⁺⁺
SST	-0,4063*	-0,9113 ⁺⁺	-0,0782 ^{ns}
NF/parcela	-0,3719*	-0,8907 ⁺⁺	0,3331 ⁺⁺
produção kg/parcela	0,1015 ^{ns}	-0,2892 ^{ns}	0,5385 ⁺⁺
Espessura casca x SST	-0,1040 ^{ns}	-0,2597 ^{ns}	-0,0021 ^{ns}
NF/parcela	-0,4326**	-0,9902 ⁺⁺	0,2061 ⁺⁺
produção kg/parcela	-0,1695 ^{ns}	-0,8519 ⁺	0,2696 ⁺
SST x NF/parcela	-0,0624 ^{ns}	0,7150 ^{ns}	-0,3573 ⁺⁺
produção kg/parcela	-0,2678 ^{ns}	-0,0212 ^{ns}	-0,3221 ⁺⁺
NF/parcela x produção kg/parcela	0,8628**	0,6811 ^{ns}	0,9519 ⁺⁺

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

⁺⁺, ⁺: significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo método de bootstrap com 5000 simulações. ns: não significativo.

As correlações ambientais (Quadro 2) foram altas nas associações: a) comprimento do fruto com diâmetro do fruto, massa do fruto, polpa e casca; b) diâmetro do fruto com massa do fruto, polpa e casca; c) massa do fruto com massa da polpa e casca; d) massa da polpa com massa da casca; e) massa da casca com espessura da casca; f) número de frutos por parcela com produção por parcela. Essas associações foram positivas, indicando que os caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças nas condições ambientais. Entretanto, foram de menor magnitude que as correlações genóticas (Quadro 2), exceto na associação número de frutos por parcela com produção por parcela, evidenciando que a relação entre as variáveis é mais influenciada por fatores herdáveis que pelo ambiente.

As correlações genéticas e de ambiente são freqüentemente muito diferentes em magnitude e, algumas vezes, diferentes em sinal, como pode ser visto no Quadro 2, por exemplo nas correlações entre diâmetro do fruto e número de frutos/parcela, massa do fruto e número de frutos/parcela, massa da polpa e número de frutos/parcela e SST e número de frutos/parcela. Uma diferença de sinal entre as duas correlações, mostra que as causas de variação genética e de ambiente, afetam os caracteres por meio de diferentes mecanismos fisiológicos (FALCONER, 1987). O valor negativo da correlação ambiental indica que o meio favorece algum caráter em detrimento do outro.

3.2. Análise de trilha

As estimativas dos efeitos diretos e indiretos do primeiro modelo causal, em que se considerou o efeito das quatro variáveis explicativas (comprimento e diâmetro do fruto, espessura da casca e teor de sólidos solúveis totais) sobre a produção por parcela constam no Quadro 3.

Neste modelo, verifica-se que o diâmetro do fruto apresenta maior efeito direto em sentido à seleção, de modo que a resposta correlacionada via seleção indireta pode ser eficiente. O diâmetro do fruto também apresentou alta correlação com a massa do fruto que é um dos componentes da produção (Quadro 2). Porém, esse valor não superou o efeito residual, evidenciando que a variável

auxiliar não é a principal determinante nas variações na variável principal. O coeficiente de determinação que mede os efeitos das variáveis explicativas sobre a variável principal (produção por parcela) deste modelo causal, foi baixo (0,1738), indicando que as variações da variável básica não são explicadas por este modelo causal.

Quadro 3 - Efeitos diretos e indiretos dos componentes primários sobre o produção¹ por parcela em maracujazeiro-amarelo, Viçosa-MG

Característica	Efeito	Estimativa
Comprimento do fruto	direto sobre produção (Kg/parcela)	-0,0531
	indireto via diâmetro do fruto	0,3291
	indireto via espessura de casca	-0,1316
	indireto via SST	0,1070
	Total	0,2514
Diâmetro do fruto	direto sobre produção (Kg/parcela)	0,3665
	indireto via comprimento do fruto	-0,0477
	indireto via espessura de casca	-0,1644
	indireto via SST	0,1178
	Total	0,2724
Espessura da casca	direto sobre produção (Kg/parcela)	-0,2911
	indireto via comprimento do fruto	-0,0240
	indireto via diâmetro do fruto	0,2070
	indireto via SST	0,0373
	Total	-0,0708
SST	direto sobre produção (Kg/parcela)	-0,1999
	indireto via comprimento do fruto	0,0284
	indireto via diâmetro do fruto	-0,2161
	indireto via espessura da casca	0,0543
	Total	-0,3333
R ²		0,1738
Efeito Residual		0,9090

1/Valor de produção por parcela foram previamente transformados para a escala logarítmica.

No Quadro 4, é apresentado o segundo modelo causal considerando com a variável básica produção kg/parcela, seus componentes primários (número de frutos por parcela e peso do fruto) e seus componentes secundários (massa da polpa e massa da casca).

O número de frutos por parcela apresentou correlação alta e significativa com a variável básica produção (Kg/parcela) (Quadro 2). O número de frutos por parcela possui maior efeito direto em sentido favorável à seleção, de modo que a resposta correlacionada via seleção indireta torna-se eficiente. Este alto efeito direto indica relação de causa e efeito, sendo o número de frutos por parcela o principal determinante das alterações na produção por parcela (Quadro 4). A massa do fruto também apresentou alto efeito direto sobre a produção. Assim, no processo de seleção, devem ser considerados simultaneamente, número de frutos e massa do fruto.

O coeficiente de determinação do modelo da análise de trilha (R^2), em questão, foi 1,00 (Quadro 4) evidenciando que as variações da variável básica são totalmente explicadas por esse esquema causal e explicam as variações na produção melhor que o primeiro esquema (Quadro 3).

Quadro 4 – Efeitos diretos e indiretos dos componentes primários sobre o produção por parcela em maracujazeiro-amarelo, Viçosa-MG

Característica	Efeito	Estimativa
Nº frutos por parcela		
	direto sobre produção (Kg/parcela)	0,9832
	indireto via massa do fruto	-0,1220
	Total	0,8612
Massa do fruto		
	direto sobre produção (Kg/parcela)	0,5227
	indireto via nº frutos por parcela	-0,2295
	Total	0,2932
R^2		1,000
Efeito residual		0,000

Obs.:Todas as variáveis neste estudo foram transformados para escala logarítmica.

Quando se analisou o efeito dos caracteres secundários sobre os caracteres primários da produção, verificou-se que a variável massa da polpa apresentou maior efeito direto sobre o número de frutos por parcela, que é o principal determinante das alterações na variável básica (Quadro 5). Já a massa

da casca, apresentou maior efeito direto positivo sobre a massa do fruto, que também é um importante componente da variável básica. A massa da casca também apresentou-se mais correlacionada com a massa do fruto do que a massa da polpa (Quadro 2).

Quadro 5 - Efeitos diretos e indiretos dos componentes secundários sobre os componentes primários da produção por parcela em maracujazeiro-amarelo

Efeito	Componentes primários	
	Nº fruto/parcela ¹	Massa fruto ¹
direto da massa da polpa	0,7942	0,4924
indireto via massa de casca	-0,9107	0,4609
Total	-0,1165	0,9533
direto de massa de casca	-1,0681	0,5406
indireto via massa da polpa	0,6771	0,4198
Total	-0,3910	0,9604
R ²	0,3251	0,9886
Efeito Residual	0,8215	0,1069

1/ Valores das variáveis transformadas para escala logarítmica.

Ao se analisar os efeitos diretos e indiretos dos componentes secundários (massa da polpa e massa da casca) sobre a variável básica produção por parcela (Quadro 6), verifica-se que a massa da polpa apresentou maior efeito direto sobre a produção por parcela (1,0383) e efeitos indiretos baixos. A massa da polpa também apresentou correlação genotípica maior com a produção do que a massa da casca. ALBUQUERQUE et al. (2002) verificaram que a massa da polpa apresenta maior efeito direto sobre a massa do fruto, em relação à massa da casca, sendo a massa da polpa o principal determinante das alterações na massa do fruto. Além disso, do ponto de vista comercial, o peso da polpa é mais importante que o peso da casca.

Quadro 6 - Efeitos diretos e indiretos dos componentes secundários sobre a produção por parcela¹ em maracujazeiro-amarelo

Efeito	Componentes primários			Total
	Nº fruto/par ¹	Massa fruto ¹	Residual	
direto secundário da massa polpa	0,7808	0,2574	0,0001	1,0383
indireto via massa casca	-0,8954	0,2409	-0,0001	-0,6546
Total	-0,1145	0,4983	0,0000	0,3837
direto secundário de massa casca	-1,0502	0,2825	-0,0001	-0,7677
indireto via massa polpa	0,6657	0,2194	0,0001	0,8852
Total	-0,3844	0,5020	-0,0001	0,1175

1/ Valores das variáveis transformadas para escala logarítmica.

Entre as características analisadas, massa da polpa foi a que mais explicou a produção por parcela e, por conseguinte, em populações segregantes oriundas do cruzamento dos genótipos selecionados, esse caráter poderá ser útil em resposta correlacionada, por meio da seleção indireta. Massa da polpa tem a vantagem adicional de ter efeito direto positivo sobre número de frutos, que também é, dentro os componentes primários, o de maior efeito direto sobre a produção.

3.3. Seleções direta e indireta entre médias de famílias

No Quadro 7, são apresentadas as expectativas de ganhos genéticos com a seleção praticada diretamente sobre cada uma das características avaliadas e as respectivas respostas indiretas proporcionadas nas demais características.

Verifica-se que o maior progresso genético em uma determinada característica é predito quando a seleção for praticada diretamente sobre esta. Tal fato já era esperado e concorda com a afirmação de que a seleção direta é a melhor maneira de promover ganhos em determinado caráter, unicamente, quando comparado com a seleção indireta.

Quadro 7 – Respostas esperadas às seleções direta e indireta entre médias de famílias, quanto às características avaliadas

Seleção em	Resposta esperada em (%)								
	C ^{/1}	D ^{/2}	MF ^{/3}	MP ^{/4}	MC ^{/5}	EC ^{/6}	SST ^{/7}	NF ^{/8}	PR ^{/9}
C^{/1}	10,85	4,63	17,37	15,17	18,48	4,52	-2,43	-6,34	1,31
D^{/2}	10,00	5,54	18,98	14,18	22,66	6,31	-2,81	-10,29	-0,05
MF^{/3}	10,16	5,49	19,79	15,04	23,38	6,80	-2,43	-10,68	-0,18
MP^{/4}	10,63	5,02	18,49	15,83	19,99	4,35	-2,41	-7,53	0,81
MC^{/5}	-9,59	-5,2	-16,78	-13,2	-19,35	-5,05	2,30	1,32	-3,02
EC^{/6}	-3,57	-2,73	-8,62	-3,98	-12,82	-9,30	0,97	5,39	0,04
SST^{/7}	-4,68	-3,10	-9,32	-8,99	-9,03	-0,81	3,40	-4,08	-3,30
NF^{/8}	-1,98	-1,0	-3,64	-1,45	-5,66	-1,68	0,21	16,31	4,99
PR^{/9}	2,73	0,73	3,40	5,69	0,81	-2,52	-0,87	14,44	6,51

1/comprimento do fruto (mm), 2/diâmetro equatorial do fruto (mm), 3/massa do fruto (g), 4/massa da polpa (g), 5/massa da casca (g), 6/espessura de casca (mm), 7/teor de sólidos solúveis totais, 8/número de frutos por planta, 9/produção por parcela (kg/parcela).

A seleção praticada diretamente em uma única característica, chamada de seleção truncada, proporciona, na maioria dos casos, maior magnitude de resposta possível na referida característica. Entretanto, tal forma de seleção proporciona também respostas nas outras características avaliadas, denominadas resposta indiretas ou correlacionadas à seleção, as quais podem ou não ser de interesse para o melhorista (MARTINS, 1999).

A magnitude da resposta indireta é dependente da existência de correlação genética entre as características, sendo particularmente importante em caracteres de baixas herdabilidades ou de difícil medição e, ou, identificação.

As seleções direta e indireta não proporcionaram resultados conjuntos satisfatórios em ganhos nas características avaliadas, uma vez que o interesse era obter acréscimo nas características comprimento, diâmetro, massa do fruto, massa da polpa, teor de sólidos solúveis totais, número de frutos e produção por parcela e decréscimo na massa e espessura da casca. Conforme pode ser observado no Quadro 7, essa combinação não foi atingida, considerando-se a seleção em qualquer uma das características referidas.

As características comprimento, diâmetro, massa do fruto, massa da polpa, apresentaram altas correlações genéticas entre si (Quadro 2). Com isso, quando for selecionada alguma dessas características, haverá ganhos consideráveis nas demais. Essas características também são altamente correlacionadas com massa e espessura da casca. Quando for selecionada alguma das características comprimento, diâmetro, massa do fruto, massa da polpa, cujo interesse é o deslocamento positivo da média, também deverá haver ganhos positivos em massa e espessura da casca, nas quais o objetivo é o deslocamento negativo da média. Para a característica SST, a mesma correlacionou-se negativamente com todas as outras. Quando a seleção for praticada em SST, houve também respostas negativas nas demais.

Em relação às características número de frutos e produção por parcela, que apresentaram alta correlação genética (0,6811), sendo que número de frutos proporcionou maior ganho indireto na produção (Quadro 7). Na análise de trilha, o número de fruto foi a característica que apresentou maior efeito direto sobre a produção (Quadro 4).

4. RESUMO E CONCLUSÕES

Este trabalho teve por objetivo estimar correlações e analisar a relação entre características do fruto e da planta de maracujazeiro amarelo pelos seus desdobramentos em efeitos diretos e indiretos por meio da análise trilha, de componentes primários e secundários sobre a produção de frutos e; estimar os ganhos diretos e indiretos via resposta correlacionada. Foram avaliadas 37 populações segregantes de maracujazeiro amarelo. As avaliações foram efetuadas de janeiro a maio de 2004, ou seja, na segunda safra. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com 37 tratamentos, 3 repetições e 4 plantas por parcela. As características avaliadas foram: número de frutos por parcela (NF); comprimento do fruto (C); diâmetro do fruto (D); massa do fruto (MF); massa da casca (MC); espessura da casca (EC); massa da polpa (MP); teor de sólidos solúveis totais (SST) e produção estimada por parcela (PR). Foram estimados os ganhos por seleções direta e indireta entre as famílias de meios-irmãos de maracujazeiro amarelo para todas as características avaliadas, considerando-se a seleção de 25% das melhores famílias. Todas as características foram submetidas a seleção no sentido positivo, exceto peso e espessura de casca, para obter decréscimo em suas médias originais. Na estimação dos coeficientes de trilha, em um primeiro diagrama causal, partiu-se da associação entre a variável básica produção e seus componentes primários, comprimento e diâmetro do fruto, espessura de casca e teor de sólidos solúveis totais. No segundo diagrama, considerou-se a variável básica produção, seus componentes primários número de frutos e peso do fruto e seus componentes secundários massa da polpa e massa da casca. O número de frutos por parcela possui maior efeito direto (0,9832) em sentido favorável à seleção, de modo que a resposta correlacionada via seleção indireta torna-se eficiente. De acordo com as análises realizadas, conclui-se que:

1) As correlações genotípicas entre os caracteres comprimento, diâmetro, massa do fruto, massa da polpa e da casca, foram de alta magnitude e positivas, evidenciando associações favoráveis entre os mesmos;

2) O segundo modelo causal, o qual considerou a variável básica produção kg/parcela, seus componentes primários (número de frutos por parcela e peso do fruto) e seus componentes secundários (massa da polpa e massa da casca), foi o que melhor explicou as variações na variável básica;

3) A massa da polpa, como caráter secundário, foi o que apresentou maior importância em explicar as variações na variável principal produção kg/parcela;

4) Os processos de seleções direta e indireta entre médias de famílias não foram eficientes para proporcionar distribuições de ganhos esperados adequados aos propósitos do presente trabalho, ou seja, ganhos esperados positivos nas características comprimento, diâmetro, massa do fruto, massa da polpa, teor de sólidos solúveis totais, número de frutos e produção por parcela e ganhos esperados negativos para massa e espessura da casca.

CAPÍTULO 3

REPETIBILIDADE DE CARACTERÍSTICAS DO FRUTO DE MARACUJAZEIRO AMARELO (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)

1. INTRODUÇÃO

Durante o processo de seleção de plantas, com vistas ao lançamento de cultivares ou à escolha de genitores para recombinação, é importante que se tenha certeza da superioridade genética dos indivíduos. Para tanto, são realizadas, muitas vezes, medições repetidas no mesmo indivíduo. É importante, no entanto, o conhecimento do número de medições necessárias para que sejam selecionados os indivíduos geneticamente superiores ao menor custo possível (LOPES et al., 2001).

Ao se escolher um genótipo, espera-se que seu desempenho inicial persista durante toda a sua vida. Esta expectativa pode ser verificada pelo coeficiente de repetibilidade da característica avaliada. O conceito de repetibilidade pode ser enunciado como sendo a correlação entre as medidas de determinado caráter em um mesmo indivíduo, cujas avaliações foram repetidas no tempo ou no espaço. Ela expressa a proporção da variância total que é explicada pelas variações proporcionadas pelo genótipo e pelas alterações permanentes atribuídas ao ambiente comum (ABEYWARDENA, 1972; CRUZ et al., 2004).

Essas avaliações sucessivas permitem a obtenção da estimativa do coeficiente de repetibilidade das características avaliadas, ou seja, permitem saber qual a probabilidade daquele resultado se repetir em avaliações futuras. Determina-se, também, o número de avaliações necessárias para se predizer, com confiabilidade, o comportamento dos materiais avaliados. A obtenção de estimativas elevadas de repetibilidade para determinado caráter indica que é possível predizer o valor real do indivíduo utilizando um número relativamente pequeno de medições (CORNACCHIA et al., 1995b; CRUZ et al., 2004), indicando que pouco ganho em acurácia haverá com o aumento do número de medidas repetidas (FALCONER, 1987). No entanto, quando a repetibilidade é baixa, grande número de repetições serão necessárias para que se alcance um valor de determinação satisfatório.

O conhecimento do coeficiente de repetibilidade das características de interesse permite avaliar o dispêndio de tempo e mão-de-obra necessários para

que a seleção de indivíduos geneticamente superiores seja feita com a acurácia necessária (LOPES et al., 2001; COSTA, 2003).

Segundo VENCOVSKY (1973), o coeficiente de repetibilidade é utilizado em plantas perenes no estudo de caracteres que se expressam mais de uma vez no decorrer da sua vida. Baseia-se na tomada de mais de uma observação fenotípica de cada indivíduo sem utilizar progênies, com a finalidade de medir a capacidade que os organismos têm de repetir a expressão do caráter. Para FALCONER (1987), a repetibilidade representa o limite superior do coeficiente de herdabilidade e permite estimar quantas observações fenotípicas devem ser feitas em cada indivíduo para que a seleção seja realizada com eficiência e com um mínimo de trabalho, sendo bem mais simples de ser estimado, pois não exige cruzamentos controlados e estudo de progênies.

O estudo de repetibilidade é imprescindível para os melhoristas de plantas perenes, pois representa o máximo valor que a herdabilidade de um caráter no sentido amplo pode atingir (FALCONER, 1987; CRUZ et al., 2004) e é usado para determinar o número de observações fenotípicas que devem ser feitas em cada indivíduo para que a discriminação ou seleção fenotípica entre genótipos seja realizada eficientemente e com reduzido custo e mão-de-obra. Neste contexto, coeficientes de repetibilidade têm sido estimados em fruteiras, como em coqueiro (SIQUEIRA, 1982), em cupuaçuzeiro (FONSECA et al., 1990; COSTA et al., 1997), em pessegueiro (ALBUQUERQUE, 1997), em cajueiro (CAVALCANTI et al., 2000), em acerola (PAIVA et al., 2001; LOPES et al., 2001) e em mangueira (COSTA, 2003), as quais tiveram determinadas características avaliadas, mais de uma vez, no mesmo indivíduo, durante sua vida.

Desta forma, este estudo foi desenvolvido com objetivo de estimar os coeficientes de repetibilidade de características físicas e químicas de frutos e características da planta de maracujazeiro amarelo, importantes no processo de seleção; determinar o número de medidas que devem ser feitas para uma predição acurada do valor real dos indivíduos; e calcular o coeficiente de determinação para cada característica, obtidos de acordo com cada um dos diferentes métodos utilizados.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Delineamento e características analisadas

Foram avaliadas 37 famílias segregantes de maracujazeiro amarelo cuja ascendência e procedência estão descritas na Tabela 1 (Ver Capítulo 1).

Este trabalho foi desenvolvido em delineamento em blocos em blocos casualizados, com 37 tratamentos, 3 repetições e 4 plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 3,5 x 3,5 m, em espaldeira com um fio de arame. As medições fenotípicas foram repetidas em dois ciclos de produção: janeiro a maio de 2003 e de 2004.

Durante a condução do experimento, foram realizados os tratos culturais recomendados à cultura, como condução da planta, poda, adubação, controle de plantas daninhas e controle de pragas e doenças. A adubação foi executada de acordo com a recomendada por SOUZA et al., (1999).

As características avaliadas foram: número de frutos por planta (NF); comprimento do fruto (C); diâmetro do fruto (D); massa do fruto (MF); massa da casca (MC); espessura da casca (EC); massa da polpa (MP); teor de sólidos solúveis totais (SST) e produção estimada por planta (PR). (Detalhes das características avaliadas, ver Capítulo 1).

2.2. Análises estatísticas

As estimativas dos coeficientes de repetibilidade foram obtidas pelos métodos: análise de variância (ANOVA), componentes principais (CP) com base na matriz de correlações e de co-variâncias e análise estrutural (AE), com base na matriz de correlações (CRUZ et al., 2004).

2.2.1. Método da análise de variância (ANOVA)

O coeficiente de repetibilidade foi estimado por meio da correlação intraclasse obtida da análise de variância, segundo o modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \varepsilon_{ij}$$

em que

Y_{ij} = observação referente ao i -ésimo indivíduo na j -ésima medição;

μ = média geral;

g_i = efeito aleatório do i -ésimo indivíduo sob a influência do ambiente permanente ($i = 1, 2, \dots, 37$ famílias);

a_j = efeito da j -ésima medição ($j = 1$ e 2); e

ε_{ij} = erro experimental associado à observação Y_{ij} .

O esquema da análise de variância é apresentado no Quadro 1.

Quadro 1 – Esquema da análise de variância para o modelo com dois fatores de variação

Fonte de variação	GL	QM	E(QM)
Famílias	$p - 1$	QMF	$\sigma^2 + a\sigma_g^2$
Medições	$a - 1$	QME	-
Resíduo	$(p - 1)(a - 1)$	QMR	σ^2

O coeficiente de repetibilidade é dado por:

$$r = \frac{C\hat{O}V(Y_{ij}, Y_{ij'})}{\sqrt{\hat{V}(Y_{ij})\hat{V}(Y_{ij'})}} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_Y^2} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_g^2}.$$

2.2.2. Método dos componentes principais (CP)

O coeficiente de repetibilidade pode ser eficientemente estimado, por meio da técnica de componentes principais. Este método permite estimar o coeficiente de repetibilidade de duas maneiras: a primeira por meio da matriz de correlação e a outra por meio da matriz de variância e co-variâncias fenotípicas (ABEYWARDENA, 1972).

2.2.2.1. Método dos componentes principais – matriz de correlação

Este método consiste na obtenção de uma matriz de correlação entre os genótipos em cada par de medições (ou períodos de avaliação). Nesta matriz, são determinados os autovalores (λ) e os autovetores (α) normalizados. O autovetor cujos elementos apresentam mesmo sinal e magnitudes próximas é aquele que expressa a tendência de os genótipos manterem suas posições relativas nos vários períodos de tempo. O estimador do coeficiente de repetibilidade é a proporção do autovalor associado a esse autovetor, que é expresso por:

$$r = \frac{\lambda_k}{\sum_j \lambda_j}, \text{ sendo } j = 1, 2, \dots, \eta$$

em que

η = número de períodos avaliados;

λ_k = autovalor associado ao autovetor, cujos elementos têm mesmo sinal e magnitude semelhante.

O estimador é obtido com base na pressuposição de que o coeficiente de repetibilidade é dado pela correlação entre cada par de medições avaliadas nos diferentes genótipos (ABEYWARDENA, 1972). Deste modo, por meio das medições em p genótipos, obtém-se a matriz de correlação:

$$R = \begin{bmatrix} 1 & \rho & \dots & \rho \\ \rho & 1 & \dots & \rho \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ \rho & \rho & \dots & \rho \end{bmatrix}_{\eta}$$

MORRISON (1967) apresentou os autovalores e os autovetores de algumas matrizes-padrões, dentre elas a matriz de estrutura equivalente à de R. Esta matriz apresenta:

1. O maior autovalor é expresso por:

$$\lambda_1 = 1 + (\eta - 1)\rho$$

e o autovetor normalizado é dado por:

$$\alpha'_1 = \left[\frac{1}{\sqrt{\eta}} \dots \frac{1}{\sqrt{\eta}} \right]$$

2. Os $\eta - 1$ autovalores restantes são:

$$\lambda_j = 1 - \rho \text{ para } j = 2, 3, \dots, \eta$$

e os seus autovetores são quaisquer das $\eta - 1$ soluções lineares, independentes da equação:

$$\rho(\alpha_{1j} + \alpha_{2j} + \dots + \alpha_{\eta j}) = 0$$

Em muitos casos, o primeiro autovetor é aquele que apresenta elementos com o mesmo sinal e magnitude, logo, seu autovalor é o coeficiente a ser usado na estimação do coeficiente de repetibilidade de ABEYWARDENA (1972).

RUTLEDGE (1974), com base no fato de que $\lambda_1 = 1 + (\eta - 1)\rho$, relatou que λ_1 é influenciado pelo número de medições dos indivíduos. Assim sendo, o estimador r torna-se mais adequado à estimação do coeficiente de repetibilidade do que λ_1 .

$$r = \frac{\hat{\lambda}_1 - 1}{\eta - 1}$$

em que $\hat{\lambda}_1$ é o autovalor de R associado ao autovetor cujos elementos têm mesmo sinal e magnitude semelhante. Esta última expressão foi a utilizada para estimar o coeficiente de repetibilidade.

2.2.2.2. Método dos componentes principais - matriz de co-variância

Uma alternativa para estimar o coeficiente de repetibilidade com o uso do método de componentes principais é por meio da aplicação da matriz de variâncias e co-variâncias fenotípicas.

Para o modelo estatístico já definido no método anterior:

$Y_{ik} = \mu + g_i + c_k + \varepsilon_{ik}$, tem-se, para o caso de $\sum_{k=1}^c c_k = 0$ (c_k é, portanto, o efeito fixo

de ambiente temporário), a matriz de co-variância:

$$\Gamma = \sigma_Y^2 \begin{bmatrix} 1 & \rho & \dots & \rho \\ \rho & 1 & \dots & \rho \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ \rho & \rho & & \dots \end{bmatrix}$$

em que

$$V(Y_{ij}) = V(Y_{ij'}) = \sigma_e^2 + \sigma_g^2 = \sigma_Y^2; e$$

$$COV(Y_{ij}, Y_{ij'}) = (\sigma_g^2 + \sigma_e^2)\rho = \rho\sigma_Y^2.$$

MORRISON (1967) relatou que, para matriz com essa estrutura, o primeiro autovalor é dado por: $\lambda_1\sigma_Y^2[1+(\eta-1)\rho]$. O autovetor correspondente é dado por:

$\alpha'_1 = \left[\frac{1}{\sqrt{\eta}} \dots \frac{1}{\sqrt{\eta}} \right]$. Assim, neste caso, um estimador do coeficiente de repetibilidade

é expresso por:

$$r = \hat{\rho} = \frac{\hat{\lambda}_1 - \hat{\sigma}_Y^2}{\hat{\sigma}_Y^2(\eta - 1)}$$

sendo $\hat{\lambda}_1$ é o estimador de $\hat{\Gamma}$ associado ao autovetor cujos elementos têm mesmo sinal e magnitude semelhante.

2.2.3. Análise Estrutural

Segundo CRUZ et al. (2004), o método da análise estrutural, proposto por MANSOUR et al. (1981), apresenta apenas diferenças conceituais em relação ao método dos componentes principais. Foram obtidas as estimativas de repetibilidade pelo método da análise estrutural, com base na matriz de correlações entre os genótipos, em cada par de avaliação.

Esse método considera R a matriz paramétrica de correlações entre genótipos, em cada par de avaliação, e \hat{R} , o seu estimador. Nesse caso, o estimador do coeficiente de repetibilidade é dado por:

$$r = \frac{\alpha' \hat{R} \alpha - 1}{\eta - 1}$$

em que α' é o autovetor com elementos paramétricos, associados ao maior autovalor da matriz de correlação uniforme R, que é dado por:

$$\alpha'_1 = \left[\frac{1}{\sqrt{\eta}} \dots \frac{1}{\sqrt{\eta}} \right]$$

Como neste caso, verifica-se que:

$$\alpha' \hat{R} \alpha = 1 + \frac{2}{\eta} \sum_j \sum_{<j} r_{jj}$$

conseqüentemente, tem-se

$$r = \frac{2}{\eta(\eta-1)} \sum_j \sum_{<j'} r_{jj'}$$

Assim, esse estimador do coeficiente de repetibilidade é a média aritmética das correlações fenotípicas entre genótipos, considerando cada par de medições.

2.2.4. Número de medições

Para cada característica, o número mínimo de medições necessárias para prever o valor real dos genótipos, com base em um coeficiente de determinação (R^2) preestabelecido (0,80, 0,85, 0,90, 0,95 e 0,99), foi calculado por meio da seguinte expressão (CRUZ et al. 2004):

$$\eta_o = \frac{R^2(1-r)}{(1-R^2)r}$$

em que

η_o = número de medições para predição do valor real;

R^2 = coeficiente de determinação; e

r = coeficiente de repetibilidade obtido de acordo com um dos diferentes métodos utilizados.

2.2.5. Coeficiente de determinação

Para cada característica, com base na média das η medições e na estimação dos coeficientes de repetibilidade obtidos de acordo com um dos métodos utilizados, foi calculado o coeficiente de determinação (R^2) por meio da seguinte expressão:

$$R^2 = \frac{\eta r}{1+r(\eta-1)}$$

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o uso do aplicativo computacional GENES – versão 2005 (CRUZ, 2001).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise de variância, utilizando-se o modelo com dois fatores de variação (famílias e ciclo de produção), provenientes das medidas realizadas em 2 ciclos de produção em 37 famílias para as 9 características em estudo são apresentados no Quadro 2. Com exceção da produção estimada por planta (PR), cujo valor de F não foi significativo, indicando inexistência de variação entre os indivíduos, para as demais características, os valores de F apresentaram-se significativos a 1% e somente para número de frutos por planta à 5% de probabilidade, evidenciando a existência de variabilidade nessas características entre os indivíduos.

As estimativas do coeficiente de repetibilidade, obtidas para as nove características por meio das quatro metodologias utilizadas, encontram-se nos Quadros 3 a 6. Verifica-se que as estimativas do coeficiente de repetibilidade, obtidas pelo método da análise de variância, são sempre menores ou iguais às estimativas obtidas pelos demais métodos, e que, pelo método dos componentes principais (baseado na matriz de co-variâncias), essas estimativas foram sempre maiores às obtidas pelos demais métodos.

Trabalhos nos quais foram obtidas e comparadas estimativas de repetibilidade de características de plantas perenes pelo método da ANOVA e métodos multivariados (análise estrutural e componentes principais), como seringueira (VASCONCELLOS et al., 1985), *Pinus* (CORNACCHIA et al., 1995b) e acerola (LOPES et al., 2001) mostraram que as estimativas obtidas pelo método da ANOVA foram sempre inferiores às obtidas pela análise multivariada.

Segundo CRUZ et al. (2004), o método da análise estrutural, proposto por MANSOUR et al. (1981), apresenta apenas diferenças conceituais em relação ao método dos componentes principais e, portanto, as estimativas obtidas pelos respectivos métodos tendem a ser próximas. Quando os valores das estimativas do coeficiente de repetibilidade são menores, a diferença entre os resultados obtidos pelos diferentes métodos aumenta, como ocorre com as características NF e PR, fato também verificado por VASCONCELLOS et al. (1985) e LOPES et al. (2001).

Quadro 2 – Análise de variância dos caracteres agronômicos medidos em 2 ciclos de produção em 37 famílias de maracujazeiro e estimativas dos componentes de variância genética e ambiental

FV	GL	QM								
		C ^{/1}	D ^{/2}	MF ^{/3}	MP ^{/4}	MC ^{/5}	EC ^{/6}	SST ^{/7}	NF ^{/8}	PR ^{/9}
Medições	1	677,243	1064,771	31165,270	1362,109	19552,175	14,622	13,754	809143,829	28622,631
Famílias	36	89,795**	25,958**	1314,176**	307,450**	398,801**	0,895**	0,909**	4382,083*	124,785 ^{ns}
Resíduo	36	7,903	6,473	223,558	51,686	93,616	0,341	0,246	2513,026	89,980
Média		75,875	71,164	157,149	79,947	77,179	6,790	14,935	160,667	27,487
CV (%)		3,705	3,575	9,5144	8,993	12,536	8,604	3,321	31,201	34,51
$\hat{\sigma}_g^2$		40,946	9,742	545,309	127,882	152,592	0,277	0,332	934,529	17,403
$\hat{\sigma}^2$		7,903	6,473	223,558	51,686	93,616	0,341	0,246	2513,026	89,980

1/comprimento do fruto (mm), 2/diâmetro equatorial do fruto (mm), 3/massa do fruto (g), 4/massa da polpa (g), 5/massa da casca (g), 6/espessura de casca (mm), 7/teor de sólidos solúveis totais, 8/número de frutos por planta, 9/produção por planta (kg/planta).

** e * significativo a 1 e 5% de probabilidade; ns não significativo.

Quadro 3 - Estimativas dos coeficientes de repetibilidade (\hat{r}), coeficiente de determinação (R^2) e do número de medições calculados (η_0), utilizando o método da análise de variância, medidas em 2 ciclos de produção em 37 progênies de maracujazeiro-amarelo

Características	Valores obtidos a partir de duas medições		Nº de medições necessárias para diferentes (R^2)	
	\hat{r}	R^2 (%)	R^2	η_0 *
Comprimento do fruto	0,8382	91,1985	0,80	1 (0,772)
			0,85	1 (1,094)
			0,90	2 (1,737)
			0,95	4 (3,667)
			0,99	19 (19,109)
Diâmetro do fruto	0,6008	75,0644	0,80	3 (2,658)
			0,85	4 (3,765)
			0,90	6 (5,979)
			0,95	13 (12,623)
			0,99	66 (65,774)
Massa do fruto	0,7092	82,9888	0,80	2 (1,64)
			0,85	2 (2,323)
			0,90	4 (3,69)
			0,95	8 (7,789)
			0,99	41 (40,587)
Massa da polpa	0,7122	83,1889	0,80	2 (1,617)
			0,85	2 (2,29)
			0,90	4 (3,638)
			0,95	8 (7,679)
			0,99	40 (40,013)
Massa da casca	0,6198	76,5256	0,80	3 (2,454)
			0,85	4 (3,477)
			0,90	6 (5,522)
			0,95	12 (11,657)
			0,99	61 (60,737)
Espessura casca	0,4479	61,8663	0,80	5 (4,931)
			0,85	7 (6,986)
			0,90	11 (11,095)
			0,95	23 (23,423)
			0,99	122 (122,045)
SST	0,5742	72,9544	0,80	3 (2,966)
			0,85	4 (4,201)
			0,90	7 (6,673)
			0,95	14 (14,087)
			0,99	73 (73,402)
Nº frutos por planta	0,2711	42,6523	0,80	11 (10,756)
			0,85	15 (15,238)
			0,90	24 (24,202)
			0,95	51 (51,093)
			0,99	266 (266,219)
Produção Kg/planta	0,1621	27,8924	0,80	21 (20,682)
			0,85	29 (29,299)
			0,90	46 (46,534)
			0,95	98 (98,238)
			0,99	512 (511,87)

* Número aproximado (número calculado)

Quadro 4 - Estimativas dos coeficientes de repetibilidade (\hat{r}), coeficiente de determinação (R^2) e do número de medições calculados (η_0), utilizando o método dos componentes principais com base na matriz de correlação, medidas em 2 ciclos de produção em 37 progênies de maracujazeiro-amarelo

Características	Valores obtidos a partir de duas medições		Nº de medições necessárias para diferentes (R^2)	
	\hat{r}	R^2 (%)	R^2	η_0 *
Comprimento do fruto	0,8479	91,7704	0,80	1 (0,717)
			0,85	1 (1,016)
			0,90	2 (1,614)
			0,95	3 (3,408)
			0,99	18 (17,756)
Diâmetro fruto	0,6212	76,6315	0,80	2 (2,440)
			0,85	3 (3,456)
			0,90	6 (5,489)
			0,95	12 (11,588)
			0,99	60 (60,379)
Massa do fruto	0,7531	85,9156	0,80	1 (1,311)
			0,85	2 (1,858)
			0,90	3 (2,951)
			0,95	6 (6,229)
			0,99	32 (32,459)
Massa da polpa	0,717	83,5176	0,80	2 (1,579)
			0,85	2 (2,237)
			0,90	4 (3,552)
			0,95	7 (7,499)
			0,99	39 (39,076)
Massa da casca	0,7085	82,9392	0,80	2 (1,646)
			0,85	2 (2,331)
			0,90	4 (3,703)
			0,95	8 (7,817)
			0,99	41 (40,729)
Espessura casca	0,4482	61,9022	0,80	5 (4,924)
			0,85	7 (6,975)
			0,90	11 (11,078)
			0,95	23 (23,387)
			0,99	122 (121,859)
SST	0,5758	73,0764	0,80	3 (2,947)
			0,85	4 (4,176)
			0,90	7 (6,632)
			0,95	14 (14,0)
			0,99	73 (72,949)
Nº frutos por planta	0,4671	63,6795	0,80	5 (4,563)
			0,85	7 (6,464)
			0,90	10 (10,267)
			0,95	22 (21,674)
			0,99	113 (112,932)
Produção Kg/planta	0,3151	47,9181	0,80	9 (8,695)
			0,85	12 (12,318)
			0,90	20 (19,564)
			0,95	41 (41,302)
			0,99	215 (215,205)

* Número aproximado (número calculado)

Quadro 5 - Estimativas dos coeficientes de repetibilidade (\hat{r}), coeficiente de determinação (R^2) e do número de medições calculados (η_0), utilizando o método dos componentes principais com base na matriz de co-variâncias medidas em 2 ciclos de produção em 37 progênies de maracujazeiro-amarelo

Características	Valores obtidos a partir de duas medições		Nº de medições necessárias para diferentes (R^2)	
	\hat{r}	R^2 (%)	R^2	η_0 *
Comprimento do fruto	0,8517	91,9905	0,80	1 (0,697)
			0,85	1 (0,987)
			0,90	2 (1,567)
			0,95	3 (3,309)
			0,99	17 (17,24)
Diâmetro fruto	0,6522	78,9508	0,80	2 (2,133)
			0,85	3 (3,022)
			0,90	5 (4,799)
			0,95	10 (10,131)
			0,99	53 (52,789)
Massa do fruto	0,7849	87,9495	0,80	1 (1,096)
			0,85	2 (1,553)
			0,90	3 (2,466)
			0,95	5 (5,207)
			0,99	27 (27,129)
Massa da polpa	0,7215	83,8246	0,80	2 (1,544)
			0,85	2 (2,187)
			0,90	3 (3,473)
			0,95	7 (7,333)
			0,99	38 (38,207)
Massa da casca	0,7867	88,0634	0,80	1 (1,084)
			0,85	2 (1,536)
			0,90	2 (2,44)
			0,95	5 (5,151)
			0,99	27 (26,838)
Espessura casca	0,4497	62,0448	0,80	5 (4,894)
			0,85	7 (6,933)
			0,90	11 (11,011)
			0,95	23 (23,246)
			0,99	121 (121,124)
SST	0,5788	73,3207	0,80	3 (2,911)
			0,85	4 (4,124)
			0,90	7 (6,55)
			0,95	14 (13,827)
			0,99	72 (72,046)
Nº frutos por planta	0,8583	92,377	0,80	1 (0,66)
			0,85	1 (0,935)
			0,90	2 (1,485)
			0,95	3 (3,136)
			0,99	16 (16,339)
Produção Kg/planta	0,8728	93,2055	0,80	1 (0,583)
			0,85	1 (0,826)
			0,90	1 (1,312)
			0,95	3 (2,77)
			0,99	14 (14,434)

* Número aproximado (número calculado)

Quadro 6 - Estimativas dos coeficientes de repetibilidade (\hat{r}), coeficiente de determinação (R^2) e do número de medições calculados (η_0), utilizando o método da análise estrutural com base na matriz de correlações, medidas em 2 ciclos de produção em 37 progênies de maracujazeiro-amarelo

Características	Valores obtidos a partir de duas medições		Nº de medições necessárias para diferentes (R^2)	
	\hat{r}	R^2 (%)	R^2	η_0 *
Comprimento do fruto	0,8479	91,7704	0,80	1 (0,717)
			0,85	1 (1,016)
			0,90	2 (1,614)
			0,95	3 (3,408)
			0,99	18 (17,756)
Diâmetro fruto	0,6212	76,6315	0,80	2 (2,44)
			0,85	4 (3,456)
			0,90	6 (5,489)
			0,95	12 (11,588)
			0,99	60 (60,379)
Massa do fruto	0,7531	85,9156	0,80	1 (1,311)
			0,85	2 (1,858)
			0,90	3 (2,951)
			0,95	6 (6,229)
			0,99	33 (32,459)
Massa da polpa	0,717	83,5176	0,80	2 (1,579)
			0,85	2 (2,237)
			0,90	4 (3,552)
			0,95	8 (7,499)
			0,99	39 (39,076)
Massa da casca	0,7085	82,9392	0,80	2 (1,646)
			0,85	2 (2,331)
			0,90	4 (3,703)
			0,95	8 (7,817)
			0,99	41 (40,729)
Espessura casca	0,4482	61,9022	0,80	5 (4,924)
			0,85	7 (6,975)
			0,90	11 (11,078)
			0,95	23 (23,387)
			0,99	122 (121,859)
SST	0,5758	73,0764	0,80	3 (2,947)
			0,85	4 (4,176)
			0,90	7 (6,632)
			0,95	14(14,0)
			0,99	73 (72,949)
Nº frutos por planta	0,4671	63,6795	0,80	5 (4,563)
			0,85	7 (6,464)
			0,90	10 (10,267)
			0,95	22 (21,674)
			0,99	113 (112,932)
Produção Kg/planta	0,3151	47,9181	0,80	9 (8,695)
			0,85	12 (12,318)
			0,90	20 (19,564)
			0,95	41 (41,302)
			0,99	215 (215,205)

* Número aproximado (número calculado)

O método da ANOVA não permite isolar o fator periodicidade, que, quando ocorre, fica incluído no erro experimental (σ^2), elevando seu valor, e então, a repetibilidade é subestimada (VASCONCELLOS et al., 1985). Neste caso, o coeficiente de repetibilidade é mais eficientemente estimado pelo método dos componentes principais, que leva em consideração o comportamento cíclico do caráter (ABEYWARDENA, 1972; KENDALL, 1975).

Para a característica comprimento do fruto, as estimativas obtidas pelas quatro metodologias utilizadas, demonstraram acurácia das medições realizadas, de alta regularidade da superioridade dos indivíduos de um ciclo para o outro e que a expressão da característica tem bom controle genético.

Coefficientes de determinação superior a 90% são obtidos para essa característica, a partir de duas medições. Para predição de valores reais dos indivíduos, com coeficiente de determinação acima de 95%, são necessárias, em média 3 medições.

Em relação a característica diâmetro do fruto, o número de medições necessárias para predizer o valor real dos genótipos, com nível de certeza de 85% foi de 3 medições, utilizando o método dos componentes principais com base na matriz de co-variâncias. Segundo NEVES et al. (2005), seriam necessárias no mínimo 7 e 10 medidas para as características comprimento e diâmetro do fruto para um mínimo de certeza de 90% em maracujazeiro amarelo.

As estimativas dos coeficientes de repetibilidade para massa do fruto, da polpa e da casca, variaram entre 0,6198 a 0,7849 e o coeficiente de determinação, em torno de 80%. O número mínimo de medições necessárias para predizer o valor real dos genótipos, com nível de certeza de 90% para massa do fruto, da polpa e da casca foram 3, 3, e 2 respectivamente pelo método dos componentes principais com base na matriz de co-variância. Entretanto, NEVES et al. (2005), verificaram que seriam necessários 15 e 16 medidas para massa do fruto e massa da polpa para alcançar um coeficiente de determinação de 90% por meio do mesmo método também em maracujazeiro amarelo. Isto evidencia que os coeficientes de repetibilidade no presente trabalho foram mais elevados, indicando que a variância ambiental destas características entre ciclos foi menor.

A influência de anos (ciclos de produção) sobre SST pode ser bastante divergente entre as espécies. No maracujá-roxo, a temperatura pode agir elevando os conteúdos de SST em regiões mais quentes (NASCIMENTO FILHO et al., 1994). Em videira, a variância de anos foi responsável por 2% da variância total para esta característica (SATO et al., 1993). Em goiaba-serrana, DEGENHARDT et al. (2002), verificaram grande variação nesta característica devido à influência do ambiente, necessitando 23 medições para um coeficiente de determinação de 80%.

O coeficiente de repetibilidade foi relativamente alto para SST e espessura de casca, apresentando coeficiente de determinação de 73,3207 e 62,0448, respectivamente (Quadro 5). Para obter dados com precisão de 85% para as características SST e espessura da casca verificou-se a necessidade de 4 e 7 medições respectivamente, para todos os métodos utilizados (Quadro 3 - 6).

Na seleção para a característica SST, constata-se não ser vantajoso o aumento do número de repetições, visando a maior certeza na predição do valor real dos indivíduos. Com três medições, seria possível obter um coeficiente de determinação acima de 80%.

Em relação às características número de frutos e produção, houve grande variação no coeficiente de repetibilidade entre os métodos utilizados. O coeficiente de repetibilidade para número de frutos foi de 0,2711 por meio do método da ANOVA e 0,8583 pelo método dos componentes principais baseado na matriz de co-variância com coeficiente de determinação de 92,38% para duas medições por meio deste último método. Já para a produção, o coeficiente de repetibilidade foi de 0,1621 pelo método da ANOVA e 0,8728 pelo método dos componentes principais baseado na matriz de co-variância com coeficiente de determinação de 93,20% para duas medições por meio deste último método.

Como o maracujazeiro é uma planta que produz frutos por 2 ou 3 anos, quando bem manejados, verifica-se a necessidade de avaliação de suas características somente durante esse período.

4. RESUMO E CONCLUSÕES

Este estudo foi desenvolvido com objetivo de estimar os coeficientes de repetibilidade de características físicas e químicas de frutos e características da planta de maracujazeiro amarelo, importantes no processo de seleção; determinar o número de medidas que devem ser feitas para uma predição acurada do valor real dos indivíduos e calcular o coeficiente de determinação para cada característica, obtidos de acordo com cada um dos métodos utilizados. Foram avaliadas 37 famílias segregantes de maracujazeiro amarelo. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com 37 tratamentos, 3 repetições e 4 plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi 3,5 x 3,5 m, em espaldeira com um fio de arame. As medições fenotípicas foram repetidas em dois ciclos de produção: janeiro a maio de 2003 e de 2004. Durante a condução do experimento, foram realizados os tratos culturais recomendados à cultura, como condução da planta, poda, adubação, controle de plantas daninhas e controle de pragas e doenças. As estimativas dos coeficientes de repetibilidade das características foram obtidas por meio de quatro metodologias: análise de variância (ANOVA), componentes principais (CP) com base na matriz de correlações e de co-variâncias e análise estrutural (AE), com base na matriz de correlações. O coeficiente de repetibilidade para comprimento do fruto foi de 0,8517, necessitando apenas duas medições para obter um coeficiente de determinação de 90%. De acordo com as análises realizadas, conclui-se que:

1) A característica comprimento do fruto, demonstrou alta regularidade na superioridade dos indivíduos de um ciclo para outro e que dois ciclos de avaliação são suficientes para predizer o valor real dos indivíduos com nível de certeza acima de 90% em todos os métodos utilizados;

2) Massa do fruto, da polpa e da casca também apresentaram regularidade de um ciclo para outro, sendo que seriam necessários 3, 3 e 2 medições para um nível de certeza de 90% pelo método dos componentes principais com base na matriz de co-variância;

3) São constatadas diferenças entre as estimativas dos coeficiente de repetibilidade obtido pelo método da ANOVA e pelos métodos multivariados,

sendo que o método dos componentes principais com base na matriz de co-variância sempre apresentou estimativas maiores, principalmente para número de frutos e produção;

4) O método dos componentes principais com base na matriz de co-variância foi superior aos demais, sempre apresentando maiores estimativas de repetibilidade;

5) A característica teor de sólidos solúveis totais demonstrou ser bastante influenciada pelo ambiente, sendo necessárias, no mínimo, 4 medições por meio do método dos componentes principais com base na matriz de co-variância, para predizer com precisão de 85% o valor real dos indivíduos.

CONCLUSÕES GERAIS

Houve variabilidade genética significativa em todas as características, exceto para produção por planta. Os critérios de seleção utilizados mostraram-se eficientes para aplicação no melhoramento do maracujazeiro, em todas as características avaliadas, mas os maiores ganhos genéticos foram proporcionados pelo índice de seleção combinada. Para todas as características avaliadas, o índice de seleção combinada identificou maior número de famílias que a seleção entre e dentro. O índice de seleção combinada é indicado como critério mais apropriado para o melhoramento genético na população estudada, pois apresentou os melhores resultados em termos de ganhos.

As correlações genotípicas entre os caracteres comprimento, diâmetro, massa do fruto, massa da polpa e da casca, foram de alta magnitude e positivas, evidenciando associações favoráveis entre os mesmos. O segundo modelo causal, o qual se considerou a variável básica produção estimada (kg/parcela), seus componentes primários (número de frutos por parcela e peso do fruto) e seus componentes secundários (massa da polpa e massa da casca) foi o que melhor explicou as variações na variável básica. Os processos de seleções direta e indireta entre médias de famílias não foram eficientes para proporcionar distribuições de ganhos esperados adequados aos propósitos do presente trabalho.

A característica comprimento do fruto demonstrou alta regularidade na superioridade dos indivíduos de um ciclo para outro e que dois ciclos de avaliação são suficientes para predizer o valor real dos indivíduos com nível de certeza acima de 90% em todos os métodos utilizados. Massa do fruto, da polpa e da casca também apresentaram regularidade de um ciclo para outro, sendo que seriam necessários 3, 3 e 2 medições para um nível de certeza de 90% pelo método dos componentes principais com base na matriz de co-variância. São constatadas diferenças entre as estimativas dos coeficiente de repetibilidade obtido pelo método da ANOVA e pelos métodos multivariados, sendo que o método dos componentes principais com base na matriz de co-variância sempre apresentou estimativas maiores. O método dos componentes principais com base

na matriz de co-variância foi superior aos demais, sempre apresentando maiores estimativas de repetibilidade. A característica teor de sólidos solúveis totais demonstrou ser bastante influenciada pelo ambiente, sendo necessárias, no mínimo, 4 medições por meio do método dos componentes principais com base na matriz de co-variância, para predizer com precisão de 85% o valor real dos indivíduos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABEYWARDENA, V. An application of principal component analysis in genetics. **Journal of genetics**, Bangalore, v.61, n.1, p.27-51, 1972.

AGRIANUAL. **Anuário Estatístico da Agricultura Brasileira**. São Paulo: FNP Consultoria e Comércio, 2005. p. 536.

AKAMINE E.K. & GIROLAMI, G. **Pollination and fruit set in the yellow passion fruit**. Honolulu: University of Hawaii, Hawaii Agricultural Experiment Station, 1959. 44p. (Technical Bulletin, 39).

ALBUQUERQUE, A.S. **Diversidade e parâmetro genéticos em pessegueiro (*Prunus persica* L. Batsch)**. 1997. 90 f. Tese (Mestrado em Fitotecnia) – Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1997.

ALBUQUERQUE, A.S. **Seleção de genitores e híbridos em maracujazeiro (*Passiflora edulis* Sims)**. 2001. 90 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2001.

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. Belém, 2002. **Anais...**Belém, PA: Embrapa, 2002. Cd-room.

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Tradução por A. BLUMENSCHHEIM, E. PATERNIANI, J.T.A. GURGEL, São Paulo: Editora Edgard Blucher, 1971. 381p.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2001. 500p.

BREWBAKER, J.L. **Genética na agricultura**. Tradução de J.T.A. Gurgel e R. Vencovsky. São Paulo: polígono, 1969. 224 p.

BRUCKNER, C.H.; Perspectivas do melhoramento do maracujazeiro. In: Manica, I. (Ed.). **Maracujá: temas selecionados (1) melhoramento, morte prematura, polinização, taxonomia**. Porto Alegre: Cinco Continentes. 1997. p. 25-46.

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

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

CARVALHO, C.G.P. de; OLIVEIRA, V.R.; CRUZ, C.D.; CASALI, V.W.D. Análise de trilha sob multicolinearidade em pimentão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.4, p.603-613, 1999.

CAVALCANTE, J.J.V.; PAIVA, J.R. de; BARROS, L. de M.; CRISÓSTOMO, J.R.; CORRÊA, M.P.F. Repetibilidade de caracteres de produção e porte da planta em clones de cajueiro-anão precoce. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.4, p.773-777, 2000.

CASTOLDI, F.L. **Comparação de métodos multivariados aplicados na seleção em milho**. 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1997.

CEAGESP. **Classificação do maracujá (*Passiflora edulis* Sims)**. Programa Brasileiro para a melhoria dos padrões comerciais e embalagens de hortigranjeiros. jun 2001.

CORNACCHIA, G. **Variabilidade genética em procedências de *P. caribaea* var. hondurensis Barr & Golf, *P. oocarpa* Schiede e *P. tecunumanii* (Schw.) Eguiluz Perry no oeste do estado da Bahia**. Viçosa, MG: UFV, 1994. 154 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, 1994.

CORNACCHIA, G.; CRUZ, C. D.; PIRES, W. Seleção combinada e seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos de três espécies do gênero *Pinus*. **Revista Árvore**, v. 19, n. 2, p. 200-212, 1995a.

CORNACCHIA, G.; CRUZ, C. D.; LOBO, P. R.; PIRES, I. E. Estimativas do coeficiente de repetibilidade para características fenotípicas de procedências de *Pinus tecunumanii* (Schw.) Eguiluz , Perry e *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barret, Golfari. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 19, n. 3, p. 333-345, 1995b.

COSTA, J.G. de. Estimativas de repetibilidade de alguns caracteres de produção em mangueira. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.33, n.2, p.263-266, 2003.

COSTA, J.G. da; LEDO, A.S.; OLIVEIRA, M.N. Estimativas de repetibilidade de características de frutos de cupuaçuzeiro no Estado do Acre. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.19, n.3, p.313-318, 1997.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000.

COTTERIL, P.P. & DEAN, C.A. **Succosafui trea breeding with indox selection**. Australia: CSIRO, Division of Forestry and Forest Products, 1990. 80 p.

CRUZ, C.D. **Programa GENES – versão Windows – Aplicativo Computacional em Genética e Estatística**. Ed. UFV, Viçosa, 2001. 648 p.

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

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

CUNHA, M.A.P. da. & BARBOSA, L.V Criação e seleção de variedades de maracujazeiro In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE FRUTEIRAS, 2, 2000, Viçosa **Anais...**Viçosa: UFV, 2000. p. 164.

CUNHA, M.A.P. da & BARBOSA, L.V. Aspectos botânicos. In: LIMA, A. de A. (Ed. Técnico). **Maracujá Produção: aspectos técnicos**. Brasília: Embrapa Informação tecnológica, 2002. p. 11-14. (Frutas do Brasil, 15).

DEGENHARDT, J.; DUCROQUET, J.P.; REIS, M.S. dos; GUERRA, M.P.; NODARI, R.O. Efeito de anos e determinação do coeficiente de repetibilidade de características de frutos de goiabeira-serrana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 9, p. 1285-1293, 2002.

D'EECKENBRUGGE, G.C. Exploração da diversidade genética das passifloras. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DO MARACUJAZEIRO, 6., Campos dos Goytacazes, 2003. **Palestras**. Campos dos Goytacazes:cd-rom, 2003.

EBERHART, S.A. Factors affecting efficiencies of breeding methods. **Afri. Soils**, Bangui, v. 15, p. 669-672, 1970.

ECHEVERRY, F., CARDONA, G., TORRES, F., PELÁEZ, C., QUIÑONES, W., RENTERÍA, E. Ermain: an insect deterrent flavonoid from *Passiflora foetida* resin. **Phytochemistry**, v. 30, n.1, p. 153-156, 1991.

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

FALCONER, D. S. & MACKAY, T.F. **Introduction to quantitative genetics**. [S.l. : s.n.], 1996. 464p.

FERREIRA, F.R. Germoplasma de *Passiflora* no Brasil. In: SÃO JOSÉ, A.R. (Ed.). **Maracujá: produção e mercado**. Vitória da Conquista: DFZ/UESB, 1994. p. 24-26.

FERREIRA, F.R.; VALLINI, P.C.; RUGGIERO, C.; LAM-SANCHEZ, ALFREDO. Correlações fenotípicas entre diversas características do fruto do maracujá amarelo (*Passiflora edulis* flavicarpa) In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 3. Rio de Janeiro, 1975. **Anais...**Rio de Janeiro, RJ: Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, UFRRJ, 1975.

FONSECA, C.E.L.; ESCOBAR, J.R.; BUENO, D.M. Variabilidade de alguns caracteres físicos e químicos do fruto do cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.25, n.7, p.1079-1084, 1990.

GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; PEREIRA, M.G.; BEZERRA NETO, F.V. Predição de ganhos de seleção em características produtivas de maracujazeiro-amarelo baseada no delineamento I. In: REUNIÃO TÉCNICA DE PESQUISAS EM MARACUJAZEIRO, 4. Planaltina, 2005. **Anais...**Planaltina, DF: Embrapa. P. 172-176, 2005.

HERNÁNDEZ, A. & BERNAL, R. Lista de especies de Passifloraceae de Colombia. **Biota Colombiana**, v.1, p. 320-335, 2000.

KAGEYAMA, P.Y.; SPELTZ, R.M.; SILVA, A.P.; PEREIRA, M. Variação genética entre e dentro de progênies de *Pinus patula* Schiede e Deppe na região de Telêmaco Borba – PR. **IPEF**, n. 15, p. 21-39, 1977.

KAGEYAMA, P.Y. **Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. Piracicaba: ESALQ, 1980. 125 p. (Tese de Doutorado).

KAVATI, R., COPPENS D'EECKENBRUGGE, G., FERREIRA, F.R. Sweet maracuja, a promising newcomer. **Fruitrop**, v. 43, p. 20-21, 1998.

KENDALL, M. G. **Multivariate analysis**. New York : MacMillan, 1975. 210 p.

KILLIP, E.P. The American species of *Passifloraceae*. **Field Museum of Natural History**. (Botanical Series), Chicago, v. 19, p. 7-162, 1938.

KILLIP, E.P. Supplemental notes on American species of *Passifloraceae*, Contributions from the U.S. **National Herbarium**, 35 (1), Smithsonian Institution, 1960. 23p.

KNIGHT Jr, R.J. & WINTERS, H.F. Pollination and fruit set of yellow passion fruit in southern Florida. **Proceedings Florida State Horticultural Society**, n. 75, p. 412-8, 1962.

LEITÃO FILHO, H.F. & ARANHA, C. Botânica do maracujazeiro. In: SIMPÓSIO DA CULTURA DO MARACUJÁ, 1. 1971. Campinas. **Anais...** Campinas, SP. Sociedade Brasileira de Fruticultura, 1974. 13 p. (Mimeo.).

LEONE, N.R.F.M. de. **Polinização do maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg.) em Araguari-MG**. Viçosa, MG: UFV, 1990. 76 p. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Viçosa, 1990.

LERNER, I.M. **The genetics basis of selection**. S.I.: Greenwood Press, 1977. 298 p.

LI, C.C. **Path analysis - a primer**. Boxwood: Pacific Grove, 1975. 346p.

LIN, C.Y. & ALLAIRE, F.R. Heritability of a linear combination of traits. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, n.51, p.1-3, 1977.

LOPES, R.; BRUCKNER, C.H.; CRUZ, C.D.; LOPES, M.T.G.; FREITAS, G.B. de. Repetibilidade de características do fruto de aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.3, p.507-513, 2001.

LUSH, J.L. Family merit and individual merit as basis for selection. Part I. **The American Naturalist**. n. 81, p. 246-261, 1947a.

LUSH, J.L. Family merit and individual merit as basis for selection. Part II. **The American Naturalist**. n. 81, p. 36-79, 1947b.

LUSH, J.L. **Melhoramento genético dos animais domésticos**. Tradução de G.G. CARNEIRO, J.M.P.; MEMORIA, G.; DRUMMOND. Rio de Janeiro: (s.n.), 1964. 570 p.

MAÊDA, J. M.; PIRES, I. E.; BORGES, R. 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.

MANSOUR, H.; NORDHEIM, E.V.; RUTLEDGE, J.J. Estimators of repeatability. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 60, n.3, p.151-156, 1981.

MARTIN, F.W. & NAKASONE, H.Y. The edible species of *Passiflora*. **Economic Botanic**, Brons, v. 24, p. 333 - 343, 1970.

MARTINS, I.S. **Comparação entre métodos uni e multivariados aplicados na seleção em *Eucalyptus grandis***. 1999. 94p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa.

MARTINS, M.R.; OLIVEIRA, J.C.de.; MAURO, A.O. de; SILVA, P.C. da. Avaliação de populações de maracujazeiro-doce (*Passiflora alata* Curtis) obtidas de polinização aberta. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal -SP, v. 25, n. 1, p. 111-114, 2003.

MATTA, F. de P. **Mapeamento de QRL para *Xanthomonas axonopodis* pv. *Passiflorae* em maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.)**. Piracicaba, 2005. 230p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

MELETTI, L.M.M. Tendências e perspectivas da pesquisa em melhoramento genético do maracujazeiro. In: REUNIÃO TÉCNICA DE PESQUISA EM MARACUJAZEIRO, 3, 2002. Viçosa. **Anais...Viçosa**, MG: UFV/DFT, 2002a. p. 81-87.

MELETTI, L.M.M. Híbridos de maracujá. In: Programa de sementes e mudas de maracujá-amarelo. 2002, Instituto Agrônomo. Centro de Comunicação e Transferência do Conhecimento, 2002b, Folder.

MELETTI, L.M.M. Comportamento de híbridos e seleções de maracujazeiro (*passifloraceae*) (compact disc). In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DO MARACUJAZEIRO, 6., Campos dos Goytacazes, 2003. **Palestras**. Campos dos Goytacazes: Cluster Informática, 2003.

MELETTI, L.M.M.; SOARES-ECOTT, M.D.; BERNACCI, L.C.; PINTO-MAGLIO, C.A.F.; MARTINS, F.P. Caracterização agrônômica e seleção de germoplasma de maracujá (*Passiflora spp*). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 13., Salvador, 1994. **Anais**, Cruz das Almas: SBF. 1994. v. 3, p. 821-822.

MELETTI, L.M.M.; SOARES-SCOTT, M.D.; BERNACCI, L.C.; MARTINS, F.P. Caracterização de germoplasma de *Passiflora* – *P. amethystina* e *P. cincinnata*. In: SIMPÓSIO LATINOAMERICANO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS, 1. Campinas, 1997. **Anais**, Campinas, 1997, p. 73-74.

MELETTI, L.M.M.; AZEVEDO F.J.A. de; BENTO, M.M. 'IAC-275' – Primeira cultivar de maracujazeiro-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) para a agroindústria de sucos. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE FRUTEIRAS, 2, 2000, Viçosa. **Anais...Viçosa**, MG: UFV/DFT, 2000. p. 166.

MELETTI, L.M.M.; SOARES-SCOTT, M.D.; BERNACCI, L.C.; AZEVEDO, F.J.A. Desempenho das cultivares IAC-273 e IAC-277 de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) em pomares comerciais. In: REUNIÃO TÉCNICA DE PESQUISA EM MARACUJAZEIRO, 3, 2002, Viçosa. **Anais...Viçosa**, MG: UFV/DFT, 2002. p. 166-168.

MORAIS, O.P. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de inter cruzamentos, usando macho-esterilidade**. Viçosa: UFV, 1992, 251p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético) – Universidade Federal de Viçosa, 1992.

MORRISON, D.F. **Multivariate statistical methods**. New York: McGraw-Hill Book Company, 1967. 338p.

NASCIMENTO FILHO, F.J. do; GARCIA, T.B.; CRUZ, C.D. Estimativa de parâmetros genéticos em clones de guaranazeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 1, p. 91-96, 1994.

NASCIMENTO, W.M.O. do; TOMÉ, A.T.; OLIVEIRA, M. do S.P. de.; CARVALHO, J.E.U. de. Seleção de progênies de maracujazeiro-amarelo (*Passiflora edulis* f.

flavicarpa) quanto à qualidade de frutos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 25, n. 1, p. 186-188, 2003.

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

NEGREIROS, J.R. da S.; ÁLVARES, V. de S.; MORGADO, M.A.D.O.; BRUCKNER, C.H.; CRUZ, C.D. Relação entre características do fruto de maracujá visando seleção indireta de peso do fruto e rendimento de polpa. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 2006. (Submetido à publicação).

NEVES, L.G.; BRUCKNER, C.H.; VIANA, A.P.; CRUZ, C.D.; GONÇALVES, G.M.; MORGADO, M.A.D.O.; PIMENTEL, L.D. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 3., Gramado, 2005. **Anais**. Gramado: CD - room, 2005.

OLIVEIRA, J.C. de. **Melhoramento genético de *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg visando aumento de produtividade**. 1980. 133 f. (Tese de Livre-Docência) Jaboticabal. SP: FCAV-UNESP. 1980.

PAIVA, J.R. de; RESENDE, M.D.V. de; CORDEIRO, E.R. Avaliação do número de colheitas na produção de progênies de aceroleira, repetibilidade e herdabilidade de caracteres. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.23, n.1, p.102-107, 2001.

PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V.; CORDEIRO, E. R. Índice multiefeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 6, p. 799-807, 2002.

PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas, SP: INICAMP, 1987. v.1, p. 215-274.

PAULA, R.C. de. **Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal**. Viçosa, MG: UFV, 1997. 74 p. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Universidade Federal de Viçosa, 1997.

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.

PIRES, I.E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucaliptus* spp.** Viçosa, MG: UFV, 1996. 116 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.

PIRES, I. E.; CRUZ, C. D.; BORGES, R. C. G.; REGAZZI, A. I. Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, v. 20, n. 2, p. 191-197, 1996.

RÊGO, M.M. do; RÊGO, E.; BRUCKNER, C.H.; SILVA, E.A.M. da; FINGER, F.L. Pollen tube behavior in yellow passion fruit following compatible and incompatible crosses. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 101, n. 5/6, p. 685-689, 2000.

ROSADO, A.M. **Seleção entre e dentro de famílias e baseada nos valores genéticos obtidos pelo índice combinado e BLUP em eucalipto**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 76 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, 2003.

RUTLEDGE, J.J. Ascending which removes bias of abeywardena's estimator of repeatability. **Journal of Genetics**, Bangalore, v.61, n.3, p.247-250, 1974.

SATO, A.; YAMADA, M.; YAMANE, H.; HIRAKAWA, N. Repeatability and environmental variation of fruit traits in seedling population of grapes. **Bulletin of the Fruit Tree Research Station**, Hiroshima, n. 24, p. 1-11, 1993.

SILVA, M.A. **Métodos de seleção**. Viçosa-MG: UFV, 1982. 51 p.

SIQUEIRA, E.R. Coeficiente da repetibilidade de produção de frutos de coqueiro comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.17, n.3, p.573-574, 1982.

SOUZA, M. de; GUIMARÃES, P.T.G.; CARVALHO, J. G. de; FRAGOAS, J.C. Maracujá. In: RIBEIRO, A.C.; GUIMARÃES, P.T.G.; ALVARES V.V.H. (Ed.). **Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais – 5ª Aproximação**. Viçosa, MG, 1999. p.242-243.

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

SUHAILA, M.; ZAHARIAH, H.; NORHASHIMAH, A.H. Antimicrobial activity of some tropical fruit wastes (guava, star fruit, papaya, passion fruit, langsat, duku, rambutan and rambai). **Pertanika J. Trop. Agric. Sci.**, v. 17, p. 219-227, 1994.

TAVARES, E.D. & SILVA, L.M.S. Seleção de germoplasma de maracujá amarelo para o estado de Sergipe. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE FRUTEIRAS, 1, 1997, Jaboticabal. **Anais...Jaboticabal**, SP: FCAV/UNESP, 1997. p. 15-16.

VANDERPLANK, J. **Passion flowers and passion fruit**. London: Cassel, 1991. 176p.

VARAJÃO, A.J.C.; RUGGIERO, C.; BANZATTO, D.A. Variações do fruto do maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg.) In: CONGRESSO

BRASILERO DE FRUTICULTURA, 2., Viçosa, 1973. **Anais...Viçosa**, MG: UFV, 1973. p 441-447.

VASCONCELLOS, M. E. C.; GONÇALVES, P. S.; PAIVA, J. R.; VALOIS, A. C. C. Métodos de estimação do coeficiente de repetibilidade no melhoramento da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 4, p. 433-437, 1985.

VENCOVSKY, R. **Princípios de genética quantitativa**. Piracicaba : ESALQ, 1973. 97p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.135-214.

VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 406p.

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, v.20, p.557-585, 1921.

WRIGHT, S. The theory of path coefficients – a replay to Niles' criticism. **Genetics**, Austin, v.52, p.127-138, 1923.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)