

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

**EDINÉIA ZULIAN DALBOSCO**

**Progresso genético a partir de índices de seleção aplicado no  
melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo**

TANGARÁ DA SERRA  
MATO GROSSO - BRASIL  
DEZEMBRO - 2015

EDINÉIA ZULIAN DALBOSCO

**Progresso genético a partir de índices de seleção aplicado no  
melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo**

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

Orientador: Prof. D.Sc. Willian Krause

TANGARÁ DA SERRA  
MATO GROSSO - BRASIL  
DEZEMBRO – 2015

Dalbosco, Edinéia Zulian

Progresso genético a partir de índices de seleção aplicado no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo./Edinéia Zulian Dalbosco. Tangará da Serra: UNEMAT, 2015.

77 f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade do Estado de Mato Grosso. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, 2015.

Orientador: Willian Krause

1. Maracujá azedo – seleção recorrente – ganhos genéticos.
2. Maracujá azedo – ganhos genéticos.
3. Maracujá azedo – seleção recorrente. I. Título.

CDU: 634.776.3

Ficha catalográfica elaborada por Tereza Antônia Longo Job CRB1-1252


PROGRESSO GENÉTICO A PARTIR DE ÍNDICES DE SELEÇÃO  
APLICADO AO MELHORAMENTO INTRAPOPULACIONAL DO  
MARACUJAZEIRO AZEDO

**Edinéia Zulian Dalbosco**

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

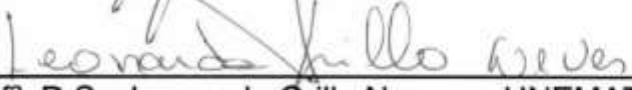
Aprovada em 15 de dezembro de 2015.

Comissão Examinadora:



---

Prof. D.Sc. Edison Romais Schmidt – UFES



---

Prof.<sup>a</sup>. D.Sc. Leonarda Grillo Neves – UNEMAT



---

Prof. D.Sc. Willian Krause – UNEMAT  
(Orientador)

*“Um sonho que você sonha sozinho é apenas um sonho.  
Um sonho que você sonha junto é realidade”. John Lennon.*

Aos meus familiares, em especial  
minha querida filha Isadora Dalbosco.

**Dedico.**

## AGRADECIMENTOS

Ao meu bondoso *Deus* pelo dom da vida, pela sabedoria diante das dificuldades e sustento espiritual.

À minha *Família* pelo apoio incondicional em todas as etapas da minha vida.

À minha querida e amada filha *Isadora Dalbosco* por compreender minha ausência, nesse logo período de formação. Saiba que é a razão do meu viver.

Ao meu esposo *Laudecir Dalbosco* pelo companheirismo, parceria e apoio, por me aconselhar diante dos obstáculos da vida e acreditar em mim.

A *CAPES* e *FAPEMAT* pelo financiamento do projeto de pesquisa e concessão da bolsa de estudo.

À *Universidade do Estado de Mato Grosso* e ao *Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas* pela oportunidade de realizar o mestrado.

Aos *Professores* do mestrado externo meu muito obrigada por toda dedicação, ensinamentos, amizade e conselhos.

Ao Prof. D. Sc. *Willian Krause*, por aceitar-me como sua orientada, pela dedicação e atenção desprendida, pelos aconselhamentos científicos. Meu reconhecimento e gratidão.

Ao Prof. Ph. D. *Edilson Romais Schmildt* e a Profa. D. Sc. *Leonarda Grillo Neves*, por aceitar o convite de participar da banca de defesa, assim, contribuindo cientificamente na minha dissertação e formação acadêmica. Em especial a *Profa. Leonarda* pelo auxílio e orientação ao rodar as análises.

À secretaria do CPEDA *Mariana Acauan Schertel* pela atenção e dedicação.

Aos técnicos de laboratório *Edilson Aranda de Oliveira* e D. Sc. *Ednamar Gabriela Palú*, pela disponibilidade de ajudar nas análises do material.

Aos meus amigos de mestrado: *Natan Ramos Cavalcante* pelo repasse dos conhecimentos, a *Kemely Mara Ramalho Hiega*, a *Cintia Graciele da Silva*, *Patricia Campos da Silva*, *Talita Oliveira Nascimento* pelas horas de convivência, cumplicidade, amizade construída, zelo uma com as outras e as contribuições nos trabalhos desenvolvidos.

Aos *colegas da turma 2014* pelos dias e noites de estudo. Desejo a todos prosperidade em suas carreiras profissionais.

Aos ICs do Laboratório de Melhoramento de Plantas e Sementes, em especial ao meu IC *Dhiego Pereira Krause*, carinhosamente batizado de “meu pupilo”, pelo trabalho desenvolvido, confiança e credibilidade, e àqueles que de uma forma ou outra contribuíram com este.



## BIOGRAFIA

Edinéia Zulian Dalbosco, nascida aos vinte e seis dias do mês de dezembro do ano de um mil novecentos setenta e nove, em Francisco Beltrão no sudoeste do Paraná. Filha do Sr. Darcy Zulian e da Sra. Ivonete Zanini Zulian, irmã de Eliane Zulian Simonetto, Édina Zulian Guancino e Ediclea Zulian Pires. Em 1998, constituiu sua família com Laudecir Dalbosco e juntos tiveram uma filha Isadora Dalbosco. Entre os anos de 2003 a 2011 trabalhou no Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis – IBAMA, devido ao contato direto com produtores rurais e estudantes pelo projeto de educação ambiental e interesses pessoais ingressou em 2008 no curso bacharel em Ciências Biológicas da Universidade Paranaense – UNIPAR, *campus* de Francisco Beltrão. Enquanto acadêmica participou de vários projetos de iniciação científica, seu trabalho de conclusão de curso foi intitulado: Levantamento e identificação de fungos basidiomicetos macroscópicos em um fragmento florestal no município de Francisco Beltrão - PR, sobre a orientação da professora M. Sc. Rosa Cristina Gallassini Tonini. Em fevereiro de 2014, iniciou o curso de pós-graduação *Stricto sensu* em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade do Estado de Mato Grosso, sobre a orientação do professor D. Sc. Willian Kause, findando em dezembro de 2015.

## SUMÁRIO

RESUMO.....	1
ABSTRACT .....	1
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	3
2.1 Parâmetros genéticos .....	3
2.2 Seleção recorrente .....	4
2.3 Seleção recorrente intrapopulacional .....	5
2.4 Seleção simultânea de características.....	7
2.4.1 Índices de seleção não paramétricos .....	8
2.4.2 Índice de seleção paramétrico .....	10
2.4.2.1 Índice de seleção paramétrico não restrito.....	10
2.4.2.2 Índice de seleção paramétrico restrito.....	11
2.5 Modelos mistos .....	12
2.5.1 Índices de seleção via modelos mistos.....	13
2.5 Programas de melhoramento genético do maracujazeiro azedo da UNEMAT	14
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	16
3.1 Descrição e delineamento do experimento.....	16
3.2 Material genético .....	17
3.3 Características avaliadas.....	17
3.4 Análise de variância e estimação dos parâmetros genéticos .....	19
3.5 Seleção simultânea de características.....	20
3.5.1 Índices de seleção não paramétrico.....	21
3.5.1.1 Índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978).....	21
3.5.1.2 Índice livre de pesos e parâmetros de Elston (1963) .....	21
3.5.1.3 Índice multiplicativo de Subandi et al. (1973) .....	22
3.5.1.4 Índice de distância genótipo - ideótipo (Cruz, 2006) .....	22
3.5.2 Índice de seleção paramétrico .....	23
3.5.2.1 Índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) .....	23
3.5.2.2 Índice baseado nos ganhos desejados – Pesek e Baker (1969).....	24
3.5.2.3 Índice base de Willians (1962) .....	25
3.5.3 Índice de seleção restrito .....	25

3.5.3.1 Índice de seleção restrito de Kempthorne e Nordskog (1959) .....	25
3.5.3.2 Índice de seleção restrito de Tallis (1962).....	26
3.5.3.3 Índice de seleção restrito de James (1968).....	27
3.5.4 Índice de seleção via modelos mistos .....	27
3.6 Seleção das famílias.....	29
3.7 Índice de coincidência.....	29
3.8 Eficiência relativa entre os índices de seleção não paramétricos e paramétricos .....	29
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	31
4.1 Análise de variância e parâmetros genéticos .....	31
4.2 Índices de seleção não paramétricos .....	34
4.3 Índices de seleção paramétrico .....	38
4.3.1 Índices de seleção paramétricos não restritos.....	38
4.3.2 Índices de seleção paramétricos restritos.....	44
4.4 Comparações entre índices de seleção não paramétricos e paramétricos.....	48
4.5 Índices de seleção via modelos mistos.....	50
5. CONCLUSÕES .....	54
6. REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA.....	56

## RESUMO

DALBOSCO, Edinéia Zulian; M. Sc.; Universidade do Estado de Mato Grosso; Dezembro de 2015; **Progresso genético a partir de índices de seleção aplicado no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo.** Professor Orientador: D. Sc. Willian Krause.

O maracujazeiro azedo possui grande relevância para o Brasil por apresentar grande importância socioeconômica. O Estado de Mato Grosso apresenta condições edafoclimáticas favoráveis para o desenvolvimento e expansão da cultura, desta forma, torna-se um campo promissor da aplicação do melhoramento. O melhoramento genético do maracujazeiro azedo tem como finalidade disponibilizar materiais genéticos com maior produtividade e qualidade do fruto. Isto posto, a Universidade do Estado de Mato Grosso, iniciou o programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo via seleção recorrente. A seleção recorrente é um processo gradativo e cíclico que visa melhorar o desempenho da população, que envolve basicamente quatro etapas, obtenção de progênies, avaliação, seleção e recombinação. Para tornar a seleção mais eficiente, ferramentas biométricas têm sido utilizadas. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e prever o progresso genético por diferentes índices de seleção em uma população de maracujazeiro azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. O plantio ocorreu em setembro de 2014, num delineamento em blocos casualizados, três repetições, três plantas por parcela. Foram avaliadas 118 famílias de irmãos completos e três testemunhas adicionais, sendo Unemat S30, FB200 e BRS Rubi do Cerrado, por meio de 13 características agronômicas e empregada a análise de variância. Para estimar os ganhos de seleção foram utilizados diferentes índices de seleção, os não paramétricos, paramétricos não restritos e paramétricos restritos. Foram utilizados como pesos econômicos o coeficiente de variação genética, desvio padrão genético, herdabilidade e os pesos aleatórios. As restrições foram estabelecidas de acordo com a metodologia de cada índice de seleção. As análises dos índices de seleção paramétricos e não paramétricos foram realizadas no programa Genes. Também foram estimados os ganhos genéticos utilizando os índices de seleção linear via modelos mistos pelo programa Selegen. Por meio das estimativas da predição dos ganhos por seleção foram obtidas as 30 melhores famílias de irmãos completos. Foi realizada a coincidência das famílias selecionadas pelos índices de seleção e também a comparação da eficiência relativa entre os índices de

seleção não paramétricos com os índices de seleção paramétricos, levando em consideração os percentuais preditos dos ganhos das características número de fruto e produtividade. A análise estatística revelou diferença significativa para o dia de florescimento, produtividade, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, formato do fruto, espessura da casca, rendimento de polpa, acidez total titulável e ratio ao nível de 1% de probabilidade e para o número de fruto e massa de fruto com diferença significativa a 5% de probabilidade. A herdabilidade foi de baixa magnitude para as características coloração de polpa e teor de sólido solúvel, de magnitude média foi para massa de fruto, diâmetro de fruto, produtividade e número de fruto e de alta magnitude para as características espessura de casca, rendimento de polpa, ratio acidez total titulável, dia de florescimento, formato de fruto e comprimento de fruto. O coeficiente de variação genético, desvio padrão genético e peso aleatório como pesos econômicos para os índices de seleção não paramétricos tiveram ganhos satisfatórios e equilibrados para os índices de seleção de Mulamba e Mock e distância genótipo ideótipo. O índice de Willians proporcionou maiores ganhos que os índices de Smith e Hazel, e Pesek e Baker. Para o índice de Kempthorne e Nordskog com a restrição nula para a característica massa de fruto permitiu maiores ganhos do que a restrição em massa de fruto e acidez total titulável simultaneamente. No índice de Tallis com o valor da restrição diferente de zero na covariância entre os escores do índice e o valor genético da característica massa de fruto (1000 e 5000) promoveu ganho proporcional de 0,0025 e 0,0124%, respectivamente, porém de valor irrisório. No índice de James a restrição de ganho igual a 100 para a produtividade apresentou ganho de 17,88% sendo o maior ganho em comparação aos demais valores de restrição de ganho. Na eficiência relativa os índices de seleção paramétricos restritos foram superiores aos índices de seleção não paramétricos. Os índices de seleção paramétricos restritos foram mais eficientes no aumento dos ganhos genéticos do que os índices de seleção não paramétricos e os paramétricos não restritos. Nos índices de seleção via modelos mistos o índice multiplicativo apresentou ganhos genéticos de 58,43%, superiores ao do índice clássico de Smtih e Hazel (21,65%), porém inferiores aos observados pelo índice de Mulamba e Mock (85,79%).

Palavras chave: ganhos genéticos, paramétricos, restrição, seleção recorrente.

## ABSTRACT

DALBOSCO, Edinéia Zulian; M. Sc.; University of State of Mato Grosso; December 2015; **Genetic progress using selection indices applied in the sour passion fruit intrapopulation improvement.** Professor Advisor: D. Sc. Willian Krause.

The sour passion fruit has great relevance to Brazil for presenting great socioeconomic importance. The state of Mato Grosso brings a favorable edaphoclimatic conditions to the development and expansion of the culture, this way, it becomes a promising application field of the improvement. The goal of the genetic improvement of the sour passion fruit is to provide genetic material with higher productivity and fruit quality. That said, the State University of Mato Grosso started the breeding program of the sour passion fruit via recurrent selection. Recurrent selection is a gradual and cyclical process that aims to improve people's performance, which basically involves four steps, obtaining progeny, evaluation, selection and recombination. To make this selection more efficient, biometric tools have been used. In this context, the aim of this study was to estimate genetic parameters and predict the genetic progress through different levels of selection in a population of sour passion fruit under intrapopulation recurrent selected. The planting process took place in September 2014, in a randomized block design, three repeats, and three plants per portion. It has been assessed 118 full-sib families and three additional witnesses, such as Unemat S30, FB200 and BRS Rubi Cerrado through 13 agronomic characteristics and it was used the analysis of variance. To estimate the selection gains were used different levels of selection, and they are non-parametric, non-parametric restricted and restricted parametric. The coefficient of genetic variation, genetic standard deviation, heritability and random weights were used as economic weights. The restrictions were established according to the methodology of each selection index. The analysis of parametric selection indices and nonparametric were held in the Genes program. Also, it was estimated the genetic gains by using the linear selection indices via mixed models by Selegen program. Through these predicting estimates of gains by selection, it was obtained the top 30 full-sib families. It was performed the coincidence of families selected by using the selection indexes, and also the comparison of the relative efficiency among non-parametric selection indices with the parametric selection indices, always considering the predicted percentage of the gains of number of fruit and productivity characteristics. The statistical analysis showed a significant difference

to the day of flowering, productivity, fruit length, fruit diameter, fruit shape, skin thickness, pulp efficiency, total titratable acidity and ratio at the level of 1% of probability and the number fruit and its weight with a significant difference at 5% of probability. The heritability was a low magnitude for staining characteristics pulp and soluble solid content, average magnitude for fruit weight, fruit diameter, productivity and number of fruit, and high magnitude to the skin thickness characteristics, pulp efficiency, ratio titratable acidity, day of flowering, fruit length and fruit shape. The coefficient of genetic variation, genetic standard deviation and random weight as economic weights for non-parametric selection indices had a satisfactory and balanced gains for Mulamba and Mock selection indices and distance ideotype genotype. The Williams' index provided greater gains than the Smith and Hazel indexes, and Pesek and Baker. The Kempthorne and Nordskog index with null restriction on the characteristic mass of fruit allowed larger gains than the restriction in fruit weight and titratable acidity simultaneously. In the Tallis' index with the value of restriction different of zero in the covariance between the indices' scores and the genetic value of the characteristic mass of fruit (1000 and 5000) provided proportional gain of 0.0025 and 0.0124%, respectively, however, the insignificant amount. In James index, the restriction of gain equal 100 for productivity, presented gain of 17.88% being the constraint values gain the biggest gain when we compare with the others. In the relative efficiency, the restricted parametric selection indices were higher than the non-parametric selection indices. The restricted parametric selection indices were more efficient in increasing genetic gain than non-parametric selection indices and not restricted parametric. The selection indices by mixed models, the multiplicative index presented genetic gain of 58.43%, higher than the classic index Smith and Hazel (21.65%). However, lower than those observed by Mulamba and Mock index (85.79%).

Keywords: genetic gains, parametric, restriction, recurrent selection.

## 1. INTRODUÇÃO

O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims.), com produtividade no ano de 2014 de 838.284 toneladas em uma área cultivada de 57.183 hectares, com rendimento médio de 14.488 kg ha<sup>-1</sup> (IBGE, 2015). Embora do destaque na produção nacional, a produtividade ainda é muito baixa, considerando o potencial produtivo da cultura ser superior a 50 t ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> (Faleiro et al., 2008).

A cultura do maracujazeiro azedo está inserida em quase todos os estados brasileiros. No Estado de Mato Grosso, apesar da cultura do maracujazeiro azedo estar em expansão com aumento de cinco vezes a área plantada de 2005 para 2014, obteve produtividade de 15.837 kg ha<sup>-1</sup> em 2014 (IBGE, 2015), também é considerada baixa.

A carência de genótipos adaptados as condições edafoclimáticas homogêneo e produtivo, tolerante às principais pragas e doenças que afetam a cultura, tem sido um fator limitante para elevar a qualidade e a produtividade dos pomares (Meletti et al., 2000), o que reflete a necessidade do melhoramento genético.

Dessa forma, a Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), iniciou em 2009 o programa de melhoramento genético utilizando o método da seleção recorrente intrapopulacional do maracujazeiro azedo para as condições edafoclimáticas do estado de Mato Grosso. A seleção recorrente intrapopulacional é um processo cíclico e progressivo, que visa a cada ciclo melhorar a performance *per se* da população. Esse processo envolve quatro etapas: obtenção de famílias, avaliação, seleção e recombinação (Souza Júnior, 2001). A etapa de seleção requer genótipos com uma série de atributos favoráveis capaz de manter a variabilidade genética em níveis adequados, que confirmam maior rendimento e satisfaçam as exigências do mercado, com isso, a seleção baseada em múltiplas características deve ser empregada.

Na cultura do maracujazeiro azedo, além da produtividade, existem características do fruto a serem melhoradas como o tamanho e massa, espessura da casca, rendimento de polpa e teor de sólidos solúveis totais, seja o fruto destinado para o consumo *in natura* ou para industrialização (Meletti et al., 2000; Bruckner et al., 2002; Meletti et al., 2003; Viana et al., 2005; Gonçalves et al., 2007). Neste caso, como



há várias características agronomicamente importantes, faz-se necessário realizar a seleção simultânea das mesmas. Para isto é indicado o uso dos índices de seleção.

Ao empregar os índices de seleção estima-se um valor numérico denominado valor genotípico agregado de cada progênie. Este funciona como carácter adicional (super carácter) que é resultante da combinação de determinadas características selecionadas (Smith, 1936). Os vários índices permitem adquirir resultados precisos, rápido e com maior acurácia para o melhoramento da população.

Os índices de seleção vêm sendo aplicados no melhoramento da cultura do maracujazeiro azedo e tem apresentado bons resultados nos ganhos genéticos. Dentre os índices avaliados, tem-se destacado a soma de ranks de Mulamba e Mock (1978), clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e o índice baseado nos ganhos desejados (Pesek e Baker, 1969).

Assim, objetivou-se neste trabalho estimar os parâmetros genéticos e predizer o progresso genético por diferentes índices de seleção em uma população de maracujazeiro azedo sob seleção recorrente intrapopulacional.

## 2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros genéticos têm fundamental importância, as quais permitem identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle das características quantitativas. Assim, analisar a eficácia das diversas estratégias de melhoramento pela obtenção de ganhos genéticos preditos e manutenção de uma base genética adequada, sendo a herdabilidade, covariâncias genéticas, desvio padrão genético, a variância genética aditiva e não aditiva e a razão entre coeficiente de variação genética e coeficiente de variação ambiental os mais importantes (Cruz et al., 2014).

As estimativas das variâncias genéticas são obtidas a partir da análise de variância dos dados, realizadas conforme delineamentos genéticos e experimental. Os quadrados médios dessas análises são desdobrados nas suas partes, ou seja, em seus componentes de variância. Segundo Cruz et al. (2014) entende-se por delineamento genético qualquer experimento planejado de cruzamento constituído de forma que se conheça a relação de parentesco entre indivíduos ou grupos de indivíduos, por exemplo, os dialelos, os ensaios de famílias e os delineamentos I, II e III de Comstock e Robinson (1948).

Fisher (1918) foi o primeiro quem descreveu a variação genotípica, desmembrada em variância genética aditiva atribuída aos efeitos médios dos genes, variância devida aos desvios da dominância resultante de interações entre alelos de um mesmo loco e variância epistática atribuída a interações alélicas entre diferentes locos.

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

Hanson (1963) define a herdabilidade como a proporção do diferencial de seleção que se espera ganhar quando a seleção é praticada, podendo ser empregada no sentido amplo ou restrito. No sentido amplo considera-se a variância genética total em relação à variância fenotípica total. Para o sentido restrito, avalia-se somente a

porção aditiva da variação genética em relação à fenotípica, ou seja, a fração das diferenças fenotípicas entre os pais que se espera recuperar entre os descendentes.

Nos programas de melhoramento, as estimativas de componentes de variância genética e do coeficiente de herdabilidade são importantes para subsidiar a escolha apropriada da estratégia a ser empregada, além de permitir a obtenção de estimativas de ganhos com a seleção. Essas informações ajudam na identificação de genótipos superiores, com base em valores fenotípicos (Falconer, 1987).

Viana et al. (2004) ao iniciarem o programa de melhoramento na UENF, estimaram coeficientes de herdabilidade em dois ambientes Campos dos Goytacazes e Macaé de uma população de maracujazeiro azedo, encontraram para as características número de frutos e comprimento de frutos, herdabilidade de magnitude alta 92,10% e 82,84%, respectivamente. As características acidez total titulável (19,07%) e porcentagem de suco (0%) apresentaram herdabilidade de magnitude baixa.

## **2.2 Seleção recorrente**

A seleção recorrente permite o ganho genético de forma contínua e progressiva e designa todo processo cíclico de melhoramento, tendo como objetivo melhorar a performance de uma população através do aumento da frequência de alelos favoráveis, sendo que, a variabilidade genética deve ser mantida em níveis adequados para permitir o melhoramento nos ciclos subsequentes (Hull, 1945; Hallauer et al., 2010). Esta pode ser feita pela escolha sistemática dos indivíduos desejáveis na população, seguida pela recombinação desses indivíduos entre si, formando uma nova população de média superior à original e sem redução na sua variabilidade (Fehr, 1987).

A seleção recorrente é classificada em duas categorias: seleção recorrente interpopulacional e intrapopulacional. Na seleção recorrente interpopulacional a finalidade é o melhoramento do cruzamento entre duas populações, ou seja, o híbrido interpopulacional, já na seleção recorrente intrapopulacional o intuito é melhorar a performance *per se* da população (Souza Júnior, 1993; Hallauer et al., 2010).

O método de seleção recorrente intrapopulacional, segundo Borém (2001) é mais utilizado do que o interpopulacional, já que é de fácil execução e aplicação das análises agronômicas.

### **2.3 Seleção recorrente intrapopulacional**

A seleção recorrente intrapopulacional vem sendo empregada em programas de melhoramento delineados para médio e longo prazo (Souza Júnior, 2001). É eficiente para a cultura do maracujazeiro azedo pela facilidade de execução e as várias características importantes apresentarem ação gênica predominantemente aditiva (Reis et al., 2011). Com os avanços dos ciclos de seleção, acredita-se que o desempenho médio da população melhore, permitindo que cada ciclo possa ser utilizado como fonte de material genético e esse, por sua vez, possa ser empregado para o desenvolvimento ou participar do processo de reciclagem de materiais elites (Souza Júnior, 2001).

Segundo Hallauer et al. (2010) a seleção recorrente intrapopulacional envolve basicamente quatro etapas (Figura 1). A primeira etapa consiste em obter famílias que podem ser famílias de meios irmãos (FMI) ou famílias de irmãos completos (FIC), sendo a população base de seleção e a unidade de recombinação. O ponto de partida para constituição da população base, além da identificação de genótipos superiores são os atributos agronômicos relacionados ao interesse de mercado (Freitas et al., 2012).

A segunda etapa compreende a avaliação das famílias de meio irmãos ou irmãos completos mediante a utilização de delineamentos experimentais, para que os resultados tenham boa acurácia e sejam confiáveis (Miranda Filho, 1987).

A terceira etapa consiste na seleção de famílias superiores a partir das características agronômicas de interesse. A seleção praticada em uma determinada característica, normalmente proporciona alterações em outras, em virtude da correlação genética existente. Tal fenômeno é denominado de resposta correlacionada à seleção podendo ser ou não de interesse para o melhorista (Bárbaro et al., 2007). A seleção em uma ou em poucas características tem se mostrada inadequada, pois a característica selecionada no genótipo pode apresentar

superioridade, mas em relação ao conjunto de características podem apresentar o desempenho menos favorável (Cruz et al., 2014).

Para amenizar essa situação, os índices de seleção é uma alternativa eficiente. Os índices permitem combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, visando à máxima eficiência na seleção, aquela que tem os índices estabelecidos como critério visa, sobretudo, melhorar gradativamente as frequências de alelos favoráveis para o conjunto de características de importância (Cruz et al., 2014).

No que preconiza a seleção recorrente intrapopulacional todas as etapas são de crucial importância. Certos cuidados devem ser tomados no momento de selecionar as famílias que constituirão a próxima geração, principalmente com a fixação aleatória dos alelos, oscilação genética que podem alterar as frequências gênicas e, conseqüentemente, alterar a magnitude da variabilidade genética de uma população sob seleção recorrente intrapopulacional (Helms et al., 1989).

A longevidade de um programa de seleção recorrente intrapopulacional tem uma relação muito íntima com a variabilidade genética, a qual deve permanecer em níveis adequados ao longo dos ciclos de seleção (Pereira e Vencovsky, 1988).

A quarta e última etapa corresponde à recombinação das famílias selecionadas, fechando o ciclo de seleção. Com uma boa condução, a recombinação entre genótipos selecionados aumenta a frequência de genes desejáveis, recompõe a variabilidade genética para o próximo ciclo e resgata a condição de equilíbrio perdida a partir da seleção (Souza Junior, 1998).

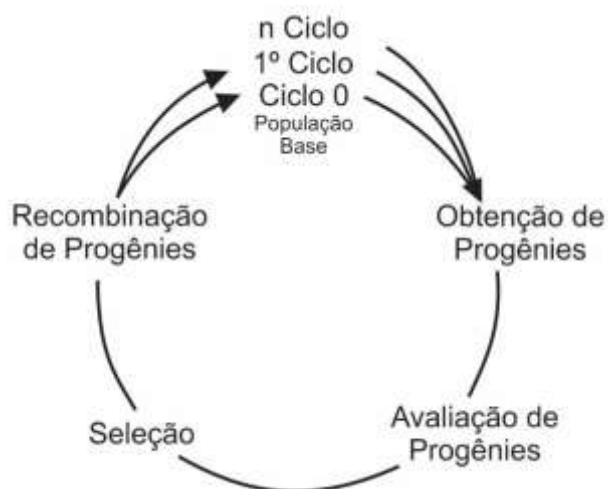


Figura 1 – Representação esquemática das etapas da seleção recorrente intrapopulacional do maracujazeiro azedo.

A seleção recorrente intrapopulacional tem sido utilizada no programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). O início das atividades ocorreu em 1998, pela coleta inicial de vários genótipos em três regiões produtoras e distintas do Norte Fluminense. Na população de maracujazeiro azedo foram avaliadas 97 progênies utilizando o delineamento I de Comstock e Robinson (1948) para a formação da população base (Gonçalves et al., 2007). Baseado em índices de seleção, 27 progênies foram selecionadas e recombinadas constituindo o primeiro ciclo de seleção recorrente.

O segundo ciclo de seleção, foi conduzido por Silva et al. (2009) no qual as progênies foram obtidas de cruzamentos dirigidos envolvendo as 27 progênies selecionadas. Na etapa de recombinação foram obtidas 140 progênies de irmãos completos, formando a população do novo ciclo e, utilizando índice de seleção foram selecionados 30% dessas progênies, constituída por 39 genótipos (Silva et al., 2009).

O programa de melhoramento do maracujazeiro azedo da UENF, neste ano de 2015, fez o lançamento de uma cultivar adaptada as condições do Estado do Rio de Janeiro, com produtividade de até 25 t ha<sup>-1</sup> e os frutos com propriedade que apresentam maior rendimento e qualidade do suco.

## **2.4 Seleção simultânea de características**

A produtividade e as características físicas e químicas dos frutos são de grande importância para o melhoramento genético do maracujazeiro azedo. Os critérios de avaliação dos frutos preconizam a qualidade visual, cor da casca, tamanho do fruto, peso do fruto, ausência de defeitos, rendimento de suco, produtividade e as propriedades organolépticas, sabor dos frutos sólidos solúveis e elevada acidez para conferir a vida útil pós-colheita garantindo sua qualidade para o mercado *in natura* e para a indústria (Braga et al., 2005; Medeiros et al., 2009; Abreu et al., 2009).

O modo mais rápido e prático de obter ganhos em relação a uma característica é praticar a seleção direta sobre ela. No entanto, a seleção praticada em apenas uma característica poderá provocar modificações favoráveis ou desfavoráveis em outras (Paula et al., 2002).

Dessa forma, para obter-se um genótipo superior, que reúne todas as características favoráveis simultaneamente, que lhe confira um desempenho comparativamente mais elevado e que satisfaça as exigências do mercado (Cruz et al. 2012), uma opção viável é o uso de índices de seleção. Segundo Granate et al. (2002), Neves et al. (2011), índice de seleção são uma técnica multivariada que associa as informações relativas a várias características de interesse agrônomo com os atributos genéticos da população avaliada.

Na teoria de índice de seleção obtém-se um valor numérico que funciona como um caráter adicional, resultante da combinação de determinadas características escolhidas para a prática de seleção simultânea. Desse modo, o ganho sobre uma característica é reduzido, no entanto essa redução é compensada por uma melhor distribuição dos ganhos no conjunto de características (Cruz et al., 2014).

Os índices de seleção podem ser paramétricos ou não paramétricos. E ainda, dentre os paramétricos, há os índices que utilizam restrições e os não restritos. Além destes, há também os índices de seleção via modelos mistos. Esses índices serão apresentados abaixo.

#### **2.4.1 Índices de seleção não paramétricos**

Alguns autores propuseram índices não lineares, também conhecidos como índices não paramétricos que têm como objetivo a simples classificação dos genótipos. Nesse sentido, pode-se citar índice livre de pesos e parâmetros (Elston, 1963), multiplicativo (Subandi et al., 1973), índice de distância genótipo – ideótipo (Cruz, 2006) e o tradicionalmente utilizado índice de soma de ranks (Mulamba e Mock, 1978).

O índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978) é um tipo de índice fenotípico, de fácil aplicabilidade, que consiste em classificar os genótipos a partir da média de cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento. Após a classificação, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada característica, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção.

O índice de Mulamba e Mock (1978) elimina a necessidade de estimativas de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas (Garcia e Souza Júnior, 1999), mas pode ser utilizado para obtenção de ganhos genéticos. Os pesos econômicos

podem ser utilizados valores advindos do próprio experimento e peso aleatório atribuído pelo melhorista (Cruz, 2006).

O índice livre de peso e parâmetros elaborado por Elston (1963) é fundamentado unicamente nos valores fenotípicos das características e cada característica recebe igual ênfase na seleção e não requer estimação de parâmetros genotípicos e fenotípicos. Esta metodologia possibilita um processo para selecionar plantas para várias características, quando pouco é conhecido sobre as características, exceto que altos ou baixos valores de cada característica, são desejados no material selecionado.

Índice multiplicativo de Subandi et al. (1973) é pressuposto que o índice seja diretamente proporcional a variável analisada, ou inversamente de acordo com o desejado pelo melhorista. A relação do agregado genotípico com a variável resulta na estimação dos ganhos desejados pela seleção direta e indireta.

O índice de distância genótipo - ideótipo (Cruz, 2006) consiste em estabelecer um valor ideal para cada característica, indicando, desse modo, um genótipo ideal, ou ideótipo, que pode ou não existir na população. Logo, obtém-se a diferença entre a média de cada característica e o valor atribuído ao ideótipo, e finalmente, calcula-se, para cada genótipo, uma distância em relação a esse ideótipo, sendo essa distância o próprio índice (Lessa et al., 2010).

Gonçalves et al. (2007) utilizaram uma população de maracujazeiro azedo com 113 progênies, estruturada no delineamento I de Comstock e Robinson (1948), concluíram que a seleção simultânea é a alternativa mais indicada de seleção, com os maiores ganhos preditos. Os usos de índices de seleção permitem a predição de ganhos simultâneos em várias características, indicando que o índice de Mulamba e Mock foi o mais adequado.

Para Oliveira et al. (2008) ao avaliar os ganhos genéticos preditos via índice de seleção, em seis caracteres relacionados ao fruto, de 16 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro azedo, o índice distância genótipo ideótipo foi superior na predição de maiores ganhos genéticos, de forma equilibrada para todas características.

Lessa et al. (2010) ao selecionar híbridos de bananeira a fim de aumentar o aproveitamento da variabilidade existente no banco de germoplasma. Os índices de Elston (1963), Mulamba e Mock (1978) e da distância genótipo ideótipo foram



eficientes em classificar os híbridos diplóides de bananeira. Entretanto, os dois primeiros índices propiciam uma classificação mais adequada desses híbridos.

#### **2.4.2 Índice de seleção paramétrico**

Para os índices paramétricos são necessárias as matrizes de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas, bem como pesos econômicos relativos as várias características avaliadas. Os ganhos genéticos são obtidos a partir da maximização da correlação entre o valor genotípico e o índice, visando a máxima eficiência na seleção e sobretudo, melhorar gradativamente a frequência dos alelos favoráveis para o conjunto de características de importância (Cruz, 2006).

Cruz (2006) sugere que os pesos econômicos possam ser estimados a partir de estatísticas dos próprios dados experimentais, sendo o coeficiente de variação genético, o desvio-padrão genético, a herdabilidade e ainda pesos aleatórios estabelecidos pelo melhorista. Essas informações podem ser um bom referencial, uma vez que é diretamente proporcional à variância genética disponível, o que mantém, de certa forma a proporcionalidade entre as características e é um valor adimensional.

Os índices de seleção paramétricos dividem-se em dois grupos. Os índices de seleção paramétricos não restritos que são constituídos pelas matrizes de covariância genotípicas e fenotípicas de cada característica em avaliação e os pesos econômicos. Os índices de seleção paramétricos restritos além das matrizes de covariância e dos pesos econômicos podem ser estabelecidas restrições.

##### **2.4.2.1 Índice de seleção paramétrico não restrito**

O idealizador da metodologia de índice de seleção foi Smith (1936) que vem sendo vastamente aperfeiçoada até a atualidade, principalmente com os avanços na área de bioinformática, permitindo melhorias nos programas e resultados rápidos, avaliações críticas e comparações com outros métodos de seleção para múltiplas características.

O índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) tem como objetivo maximizar a correlação entre o índice e o valor genotípico dos indivíduos. O índice de seleção é

uma função linear dos valores fenotípicos observados nas várias características de importância econômica, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice de seleção e o agregado genotípico.

Pesek e Baker (1969) recomendaram o uso de ganhos genéticos desejados de características individuais para suprir os pesos econômicos referido no cálculo dos índices de seleção. Para permitir essa alteração é necessário calcular as médias dos genótipos, as matrizes de variância, covariância genotípica e fenotípica. Portanto, podem-se calcular os coeficientes dos índices, sem a necessidade de estabelecer os pesos econômicos, resultando em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na especificação do ganho desejado (Cruz, 2006).

Por outro lado, Willians (1962) recomendou ponderar os valores fenotípicos pelos seus respectivos pesos econômicos, evitando a interferência das imprecisões das matrizes de variâncias e covariâncias.

#### **2.4.2.2 Índice de seleção paramétrico restrito**

A ideia inicial de restrição foi proposta por Kempthorne e Nordskog (1959) onde atribuições das funções lineares são para maximizar o ganho simultaneamente, ou seja, restringe-se um conjunto de características, para otimizar o ganho em um outro conjunto de características de interesse.

A restrição de Kempthorne e Nordskog (1959) além de utilizar as matrizes de covariâncias fenotípicas, genotípicas e os pesos econômicos, pode ser estabelecida a restrição em uma ou conjunto de características, ou seja, covariância entre os escores do índice e o valor genético igual a zero ( $Cov(I, g_i) = 0$ ). Ao restringe-se o progresso em certas características, enquanto ganhos máximos são conseguidos em outros, incluídos no índice. Tal restrição é muito útil quando as características que a recebem já se encontram em um nível aceitável ou apresentem negatividade no ganho (Cotterill et al., 1989).

A partir da proposta de restrição de Kempthorne e Nordskog (1959), onde a covariância entre o índice e o valor genótipo de uma ou mais características seja zero. Tallis (1962) compreendeu que a metodologia de restrição para atingir a eficaz seria interessante a dedução das expressões para obtenção dos coeficientes do índice

sujeito a restrição, ou seja,  $(Cov(I, g_j) \neq 0)$ . Segundo Tallis (1962) a aplicação do índice com restrições levaria à seleção de famílias com características próximas a um valor ótimo e outras características teriam um ganho genético máximo sob as restrições específicas. Os índices nem sempre alcançam por completo seus objetivos devido aos erros acumulados na aplicação dos mesmos (Tallis, 1960), entretanto, podem ser recalculados no decorrer do tempo. Hoje, com o avanço da bioinformática, a manipulação e acompanhamento dos efeitos de cada ajuste, tornou-se tarefa fácil.

Posteriormente, James (1968) mostrou que as restrições poderiam simultaneamente ser impostas nos resultados genéticos da seleção e o cálculo dos coeficientes do índice. Nesse índice, os coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a sua correlação com um agregado genotípico, mas sujeito à restrição de que, para certas características, o ganho exista e possa ser estabelecido a partir da covariância não nula entre o carácter e o índice.

Contudo, há uma escassez de informações, na literatura atual, de pesquisas desenvolvidas no melhoramento genético do maracujazeiro azedo envolvendo a metodologia de índices de seleção restritos para obtenção de ganhos genéticos preditos.

## **2.5 Modelos mistos**

No melhoramento de plantas semiperenes, as técnicas de avaliação genética exercem papel fundamental, permitindo gerar estimativas não tendenciosas de parâmetros pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e pela predição dos valores genéticos e genotípicos pelo procedimento BLUP, conduzindo à maximização do ganho genético por avaliar e ordenar os genótipos à seleção com precisão (Resende, 2007).

Henderson (1973) afirma que a metodologia de REML/BLUP é necessária a definição do modelo misto, tanto para os fatores de efeitos fixos como aleatórios, além do erro experimental.

Resende (2007) destaca que o método REML associado à metodologia de modelos mistos (BLUP) é uma ferramenta flexível para a estimação dos parâmetros genéticos. As vantagens geradas pelas estimativas não tendenciosas dos parâmetros levam em conta a covariância genética entre as observações e ponderam os

genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações. Simultaneamente corrige os dados para os efeitos ambientais, estima os parâmetros genéticos e prediz os valores genéticos, maximiza a acurácia seletiva, permite a predição de efeitos de dominância.

Permite ainda utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de diferentes gerações, locais e idades, não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, os quais não precisam estar associados a delineamentos, bastando que se tenha informações sobre a genealogia dos indivíduos sob medidas repetidas (Resende, 2007).

### **2.5.1 Índices de seleção via modelos mistos**

Além dos índices mencionados, há também o índice de seleção linear via modelos mistos que constituem uma técnica multivariada que associa as informações relativas a várias características de interesse com propriedades genéticas da população avaliada que podem resultar em processos seletivos acurados (Resende, 2007).

A seleção de indivíduos ou progênies de uma população pode ser fenotípica quando o valor fenotípico do caráter é o referencial, ou genotípica, quando baseada nos valores genéticos desses indivíduos (Ferreira, 2013). Pelo procedimento de BLUP os valores genéticos aditivos são efeitos aleatórios, que estima os efeitos fixos (médias de blocos) pelo método dos mínimos quadrados generalizados, considerando as variâncias. O procedimento permite ainda predizer os valores dos efeitos genéticos aleatórios e dos efeitos aleatórios não correlacionados incluídos no modelo (Resende, 2007).

O índice de seleção nos programas de melhoramento foi proposto por Smith (1936) com critério de seleção, com finalidade de selecionar diversas características simultaneamente. Hazel (1943) adaptou esse procedimento ao melhoramento animal. O índice de seleção baseia-se no evento de que cada indivíduo tem um valor genético pleno que lhe é peculiar. Tal valor genético, para fins de seleção, corresponde as estimativas das variâncias genotípicas e fenotípicas entre cada par de características de importância, sendo estabelecido para cada característica um valor econômico relativo.

Os índices de seleção via modelos mistos para predizer dos ganhos genéticos pode ser obtido por três diferentes abordagens, sendo: aditivo, multiplicativo e ranks médio. No índice de seleção aditivo de Smith (1936) e Hazel (1943) são fornecidos pesos econômicos de cada característica e os valores genéticos padronizados. Para o índice multiplicativo o agregado genotípico refere-se aos ganhos das características e o índice de ranks médio, adaptado de Mulamba e Mock os valores genotípicos são classificados para cada característica e a média dos *rankings* de cada genótipo para todas as características são apresentadas como resultado final (Resende, 2007).

Farias Neto et al. (2011) estimaram parâmetros genéticos e fenotípicos de 50 progênies de açaizeiro e as predições de valores genéticos foram de 22,76%, utilizando índice de seleção.

Quintal (2013) utilizando os três índices de seleção via modelos mistos para selecionar progênies de goiabeira por meio de três características relacionadas a produtividade e cinco características de qualidade em três épocas de colheita, concluí que dentre os índices, o de Mulamba e Mock proporcionou os maiores ganhos nas variáveis utilizadas simultaneamente, (800, 50, 800 e 66%) para a primeira, segunda, terceira época e para variáveis de qualidade, respectivamente além dos maiores valores de acurácia, bem como a primeira época foi a mais expressiva.

## **2.5 Programas de melhoramento genético do maracujazeiro azedo da UNEMAT**

O programa de melhoramento genético da UNEMAT tem por objetivo o desenvolvimento de uma população de polinização aberta de maracujazeiro azedo mais produtivo e adaptado às condições edafoclimáticas do estado de Mato Grosso. O programa teve início em 2009 com os cruzamentos de oito cultivares comerciais. Os  $F_{1s}$  foram avaliados num delineamento experimental, em blocos casualizados, com dez repetições e dez plantas por parcela.

Assunção et al. (2015) observaram na população de maracujazeiro azedo que as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, herdabilidades individuais de alta e mediana magnitude para diferentes características e os ganhos de seleção visando o consumo *in natura* foram altos, indicando sucesso na seleção para caracteres físicos e químicos dos frutos, via metodologia REML/BLUP. Utilizando

índice de seleção foi selecionado individualmente 30 progênies, e o programa de seleção recorrente intrapopulacional implantou a população base.

A Figura 2 esquematiza os avanços anuais do programa de melhoramento genético de maracujazeiro azedo da UNEMAT, via seleção recorrente intrapopulacional.

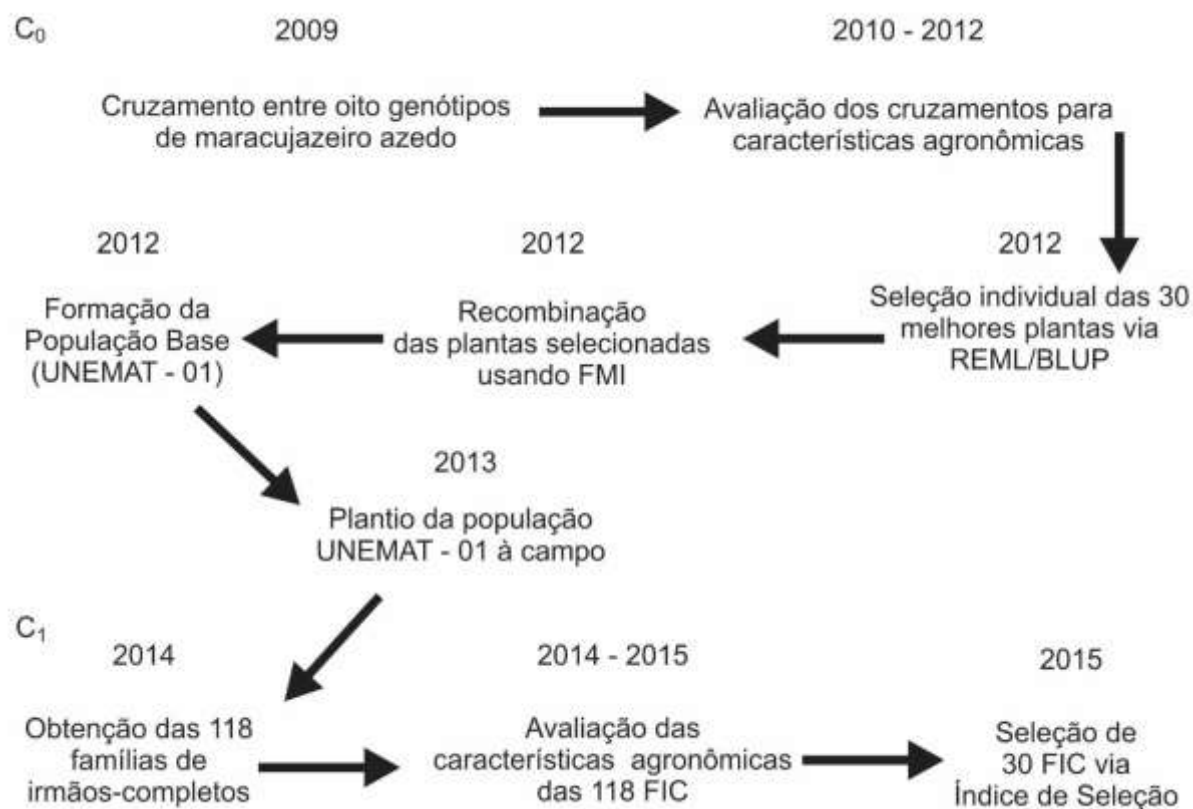


Figura 2 - Fluxograma do programa de seleção recorrente intrapopulacional do maracujazeiro azedo da UNEMAT.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Descrição e delineamento do experimento

O plantio do experimento foi realizado em setembro de 2014 na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso, município de Tangará da Serra, MT (14°39' latitude e 57°25' longitude e altitude de 321 m). O clima da região é tropical apresentando estação seca e chuvosa bem definida, a precipitação média anual varia de 1300 a 2000 mm ano<sup>-1</sup>, com uma temperatura anual que varia de 16 a 36°C (Martins et al., 2010).

O solo é classificado como Latossolo Vermelho Distroférico, de textura argilosa e relevo plano à levemente ondulado (Embrapa, 2006). O resultado da análise de solo feita a 0-20 cm de profundidade demonstrou os seguintes valores (Tabela 1).

Tabela 1. Característica química e física do solo da área experimental

pH	P	K	Ca	Mg	Al	H+Al	V	MO	Areia	Silte	Argila
CaCl <sub>2</sub>	resina	----- mmol <sub>c</sub> dm <sup>-3</sup> -----					%	g dm <sup>-3</sup>	----- g kg <sup>-1</sup> -----		
4,7	6	0,8	14	7	2	46	29	40	256	183	561

A calagem e adubações de plantio e de cobertura foram efetuadas de acordo com a análise de solo, seguindo as recomendações de Borges et al. (2006).

O delineamento foi em blocos casualizados, três repetições, três plantas por parcela. O espaçamento foi de 3,0 m entre plantas e de 3,0 m entre linhas de plantio a fim de possibilitar a mobilidade de maquinário dentro do experimento. O sistema de condução das plantas foi o de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m, espaçados de 6,0 m e com um fio de arame liso número 12 a partir de 2,0 m do solo. Os tratamentos culturais como irrigação, adubação, podas, controle de pragas e doenças foram os recomendados para a cultura do maracujazeiro azedo (Bruckner e Picanço, 2001). Durante a condução do experimento a polinização manual foi realizada duas vezes por semana.

### **3.2 Material genético**

Foram avaliadas 118 famílias de irmãos completos (FIC) e três testemunhas adicionais, sendo um genótipo proveniente do programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo da UNEMAT denominado população UNEMAT S30 e as cultivares comerciais FB200 e BRS Rubi do Cerrado.

### **3.3 Características avaliadas**

As características produtividade e número de frutos foram avaliados até setembro de 2015. As características químicas e físicas dos frutos foram avaliadas no período de maio a setembro de 2015, utilizando nove frutos por parcela. Foram avaliadas as seguintes características:

Dias para o florescimento (DFL): foi por meio da medida pela contagem de dias do plantio até a abertura da primeira flor na parcela.

Produtividade (Prod) em kg ha<sup>-1</sup>/ano evidenciada pela soma do total de colheitas realizadas durante a condução do experimento.

Massa de frutos (MF) em g: calculada pela razão entre a produtividade de cada parcela pelo número total de frutos colhido, a pesagem ocorreu de forma direta com auxílio de uma balança digital da marca Marte (modelo MS 30 K1).

Número de frutos (NF): o número de frutos coletados na parcela ao longo da condução do experimento foi dividido pelo número de plantas na parcela.

Comprimento médio dos frutos em mm (CF): obtido com a média aritmética das dimensões longitudinais dos frutos.

Diâmetro médio de frutos em mm (DF): obtido com a média aritmética das dimensões transversais dos frutos.

Formato de fruto (FF): obtido a partir da divisão de CF por DF.

Espessura média de casca em mm (EC): determinada por meio da média aritmética das medidas de quatro pontos da casca externa na porção mediana dos frutos (cortados transversalmente, no sentido de maior diâmetro).

As mensurações contaram com o auxílio de um paquímetro digital (Stainles shardened 150mm).



Rendimento de polpa (RP): foi obtido pela pesagem da polpa com o auxílio de uma balança digital da marca Marte (modelo MS 30 K1), logo, dividiu-se o valor obtido pela massa total dos frutos e multiplicado por 100.

Coloração da polpa (CP): foi obtida pela avaliação visual da coloração da polpa dos frutos, por meio de uma escala de notas de um a seis, onde nota 1 (amarelo branqueado), 2 (amarelo claro), 3 (amarelo), 4 (ouro), 5 (laranja claro), 6 (laranja), de acordo com Linhales (2007).

Teor de sólidos solúveis totais (SS): foi obtido por refratometria, utilizando-se refratômetro digital de bancada (Instrutherm Refractive index modelo RTD-45), com leitura na faixa de 0 a 45% ° Brix. As leituras foram realizadas pingando gotas do suco até a indicação do aparelho.

Acidez total titulável (ATT): foi determinada de acordo com a metodologia recomendada pela Association Of Official Agriculture Chemists (1990) e modificada por Araújo (2001), diluindo-se 5 mL de suco, em água destilada na proporção de 5:1 e 5 gotas de fenolftaleína a 1 g L<sup>-1</sup> como indicador. Em seguida com auxílio de Bureta Digital (Digitrate Pro 50 mL – Jencons) a amostra foi titulada com NaOH 0,1 mol L<sup>-1</sup>, sob agitação. Os resultados foram expressos em grama de ácido cítrico por 100 mL de suco, após a aplicação de seguinte fórmula:

$$G = \frac{V.f.N.PE.100}{P}$$

Onde:

G = equivalente de ácido cítrico por 100 mL de suco;

V (L) = volume de NaOH 0,1 mol L<sup>-1</sup> gasto na titulação;

f = fator de correção devido a padronização;

N = normalidade do NaOH (eq L<sup>-1</sup>) foi de 0,1;

PE = peso equivalente do ácido cítrico (g eq<sup>-1</sup>) de 64; e

P = volume de suco de 5 mL.

Ratio: foi realizada pela divisão do valor encontrado de SS pelo valor encontrado de ATT.

### 3.4 Análise de variância e estimação dos parâmetros genéticos

Foi empregada a análise de variância para cada uma das características pelo programa Genes (Cruz, 2013) e geradas as matrizes de médias e as covariâncias genóticas e fenotípicas. O modelo estatístico foi:

$$Y_{ij} = m + T_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$  = é o valor observado no i-ésimo tratamento, no j-ésimo bloco;

$m$  = é a média geral do ensaio;

$T_i$  é o efeito do i-ésimo tratamento;

$b_j$  é o efeito do j-ésimo bloco; e

$\varepsilon_{ij}$  é o efeito do erro aleatório.

Para  $i = 1, 2, \dots, g$ , obteve-se o efeito aleatório das FIC, e para  $i = g+1, g+2, g+3$ , o efeito fixo de testemunhas.

A partir dos valores de quadrados médios, obtidos pelas análises de variância, foram estimados os parâmetros genéticos associados aos efeitos de natureza genética e ambiental dos modelos estáticos (Cruz, 2013):

Variância fenotípica média:

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

QMG = quadrado médio das 118 FIC

$r$  = número de repetição do experimento

Variância ambiental média:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QMR}{r}$$

QMR = quadrado médio do resíduo

$r$  = número de repetição do experimento

Variância genotípica média:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QMR}{r}$$

Herdabilidade para seleção baseada na média de família:

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

A herdabilidade pode ser classificada em: baixa, mediana ou alta magnitude. A baixa magnitude  $\leq 20\%$ , mediana  $> 20\% < 40\%$  e alta  $\geq 40\%$  (Bourdon, 1997).

Coeficiente de variação genético:

$$CV_g \% = \frac{100 \sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{M_g}$$

$M_g$  = média das 118 FIC

Coeficiente de variação experimental:

$$CV_e \% = \frac{100 \sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{M_g}$$

### 3.5 Seleção simultânea de características

As características NF, Prod, MF, CF, DF, FF, RP, CP, SS e ratio foram avaliadas no sentido de acréscimo e as características DFL, EC e ATT no sentido de decréscimo.

Os pesos econômicos foram estabelecidos a partir dos próprios dados experimentais, sendo as estimativas de coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ), o desvio padrão genético ( $DP_g$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e os pesos aleatórios (PA).

Os pesos aleatórios (PA) utilizados para as características principais NF, Prod e MF foram de 20, 100, 10, respectivamente, e as demais características consideradas secundárias foi adotado o valor igual a 1.

No índice de seleção distância genótipo ideótipo (Cruz, 2006) o porte de corte para selecionar as famílias de irmãos completos foi estabelecido a maior média das características NF, Prod, MF, CF, DF, FF, RP, CP, SS e ratio e menor média DFL, EC e ATT.

No índice de Elston (1963) foram utilizadas as médias das características em avaliação e o critério de seleção para NF, Prod, MF, CF, DF, FF, RP, CP, SS e ratio acima do  $k_i$  e DFL, EC e ATT abaixo de  $k_i$ .

As análises dos índices de seleção paramétricos e não paramétricos foram realizadas utilizando o programa Genes (Cruz, 2013).

### 3.5.1 Índices de seleção não paramétrico

#### 3.5.1.1 Índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978)

Consistiu em classificar os genótipos em relação a cada uma das características em ordem favorável ao melhoramento. Foram somados do peso econômico de cada característica multiplicada pelo rank de cada FIC na característica, resultando no índice de seleção. Assim tem-se:

$$l_i = \sum p_j r_{ij}$$

Sendo:

$l_i$  = índice da  $i$ -ésima FIC;

$p_j$  = o peso econômico atribuído à  $j$ -ésima característica;

$r_{ij}$  = rank da  $i$ -ésima FIC na  $j$ -ésima característica.

#### 3.5.1.2 Índice livre de pesos e parâmetros de Elston (1963)

O procedimento foi realizado utilizando da média das características como ponto de corte, sendo dada pela expressão:

$$l_{Ei} = \log \prod_{j=1}^m (x_{ij} - k_j) = \log [(x_{i1} - k_1)(x_{i2} - k_2) \dots (x_{in} - k_n)]$$

Em que:

$l_{Ei}$  = índice livre de pesos e parâmetros na  $i$ -ésima FIC;

$x_{ij}$  = média da  $i$ -ésima FIC na  $j$ -ésima característica;

$k_j$  = o menor valor selecionável:

$$\left( k_j = \frac{n(\text{mín. } x_{ij}) - \text{máx. } x_{ij}}{n - 1} \right)$$

$n$  = o número de FIC, e

$\text{mín. } x_{ij}$  e  $\text{máx. } x_{ij}$  foram, respectivamente, a menor e maior média da característica  $j$ .

### 3.5.1.3 Índice multiplicativo de Subandi et al. (1973)

O cálculo do índice multiplicativo foi realizado pela multiplicação dos valores padronizados de cada característica para cada FIC, da seguinte forma:

$$I = y_1^{k_1} y_2^{k_2} \dots y_n^{k_n}$$

Em que:

$y_j$  = refere-se a média da característica  $j$ ;

$k_j = 1$ , se for considerada a relação direta do índice com a variável; e

$k_j = -1$ , se for considerada a relação inversa do índice com a variável.

### 3.5.1.4 Índice de distância genótipo - ideótipo (Cruz, 2006)

Definiu-se os valores ótimos para cada variável, bem como o intervalo de valores considerados favoráveis para o melhoramento. Para cada variável foi calculado a média, o máximo e o mínimo dos valores. Foi considerado  $X_{ij}$  o valor fenotípico médio do  $i$ -ésimo genótipo em relação à  $j$ -ésima característica e também o valor  $Y_{ij}$  que representa o valor fenotípico médio transformado, e  $C_j$  uma constante relativa à depreciação da média do genótipo, por não estar dentro dos padrões desejados pelo melhorista.

Assim, têm-se:

$L_j$  = limite inferior a ser apresentado pelo genótipo, relativo à característica  $j$ , conforme o padrão desejado pelo melhorista;

$LS_j$  = limite superior a ser apresentado pelo genótipo; e

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

Se  $L_j \leq X_{ij} \leq LS_j$ , então  $Y_{ij} = X_{ij}$ ;

Se  $X_{ij} < L_j$ ,  $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - L_j - C_j$ ;

Se  $X_{ij} > LS_j$ ,  $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j + C_j$ .

O procedimento foi considerado  $C_j = LS_j - L_j$ .

O valor  $C_j$  garante que qualquer valor de  $X_{ij}$  dentro do intervalo de variação em torno do ótimo resultou num valor de  $Y_{ij}$  com magnitude próxima do valor ótimo ( $VO_j$ ), ao contrário dos valores de  $X_{ij}$  fora desse intervalo. Assim, a transformação  $X_{ij}$  foi

realizada para garantir a depreciação dos valores fenotípicos fora do intervalo. Os valores de  $Y_{ij}$  obtidos por transformação foram, posteriormente, padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada característica, obtendo os valores  $Y_{ij}$ , conforme especificado a seguir:

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

Onde:

$S(Y_j)$  = o desvio padrão dos valores fenotípicos médios e o peso econômico das características.

Para o cálculo, também foram necessárias a padronização e a ponderação de  $VO_j$ , conforme especificado:

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

Calculou-se então os valores do índice (DGI) expressos pelas distâncias entre os genótipos e o ideótipo, conforme ilustrado:

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

### 3.5.2 Índice de seleção paramétrico

#### 3.5.2.1 Índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943)

Consistiu na combinação linear das várias características de importância econômica, onde os coeficientes de ponderação foram estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e o agregado genotípico. O agregado foi constituído por outra combinação linear, abrangendo os valores genéticos, os quais foram ponderados pelos respectivos coeficientes de ponderação, sendo estimada pela expressão:

$$H = a_1g_1 + a_2g_2 + \dots + a_n g_n = \sum_{i=0}^n a_i g_i = g'a$$

e

$$I = b_1y_1 + b_2y_2 + \dots + b_ny_n = \sum_{i=0}^n b_iy_i = y'b$$

Em que:

H = agregado genotípico ou combinação linear dos valores genotípicos desconhecidos;

I = índice de seleção a ser estimado;

n = número de características no índice;

g' = vetor (1 x n) de valores genéticos desconhecidos dos n características considerados;

y' = vetor (1 x n) de médias;

a = vetor (n x 1) de pesos (ou valores) econômicos previamente estabelecidos pelo melhorista; e

b = vetor (n x 1) dos coeficientes de ponderação do índice.

Seja:

P = matriz (n x n) de variâncias e covariâncias fenotípicas; e

G = matriz (n x n) de covariâncias genéticas, obtidas em nível de média de famílias.

Assim, o vetor b foi estimado por meio de:

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

O ganho esperado na característica i quando a seleção foi praticada sobre o índice foi expresso por:

$$\Delta g_{j(i)d} = DS_{j(i)} h_j^2$$

### 3.5.2.2 Índice baseado nos ganhos desejados – Pesek e Baker (1969)

Neste índice os pesos econômicos foram substituídos pelos ganhos desejados para a característica. A construção do índice envolveu o conhecimento da expressão do ganho esperado das várias características, por:

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

$\Delta g$  = o ganho estimado pelo índice;

G = a matriz de dimensão n x n, de variâncias e covariâncias genéticas entre as características;

$b$  = o vetor, de dimensão  $1 \times n$ , dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado;

$i$  = o diferencial de seleção, em unidades de desvio-padrão do índice  $I$ ;

$\hat{\sigma}_I$  = o desvio padrão do índice  $I$ .

Substituindo-se  $\Delta g$  por  $\Delta g_d$ , que foi o vetor dos ganhos desejados, que foi vetor de ganhos desejados, e estima-se  $b$  pela expressão:

$$\hat{b} = G^{-1} \Delta g_d \frac{\hat{\sigma}_I}{i}$$

$\frac{\hat{\sigma}_I}{i}$  não afeta a proporcionalidade dos  $\hat{b}_i$  s, pode-se estimar  $b$  simplesmente por:

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

Onde:

$b$  = estimativa;

$\Delta g_d$  = o vetor dos ganhos desejados.

### 3.5.2.3 Índice base de Willians (1962)

O procedimento consistiu em estimar um índice dado pela combinação linear dos valores fenotípicos médios das características, os quais foram ponderados diretamente pelos respectivos pesos econômicos, ou seja, utilizou-se o seguinte índice como critério de seleção:

$$I = a_1 y_1 + a_2 y_2 + \dots + a_n y_n = \sum_{i=1}^n a_i y_i = y' a$$

Sendo:

$y$  = média da  $j$ -ésima característica para determinado indivíduo ou família; e

$a$  = peso econômico atribuído pelo usuário à  $j$ -ésima característica.

### 3.5.3 Índice de seleção restrito

#### 3.5.3.1 Índice de seleção restrito de Kempthorne e Nordskog (1959)

Foram realizadas duas restrições, uma na característica MF e na outra a restrição foi para as características MF e ATT, simultaneamente. Os coeficientes do índice foram dados pela seguinte fórmula:



$$b = [I - P^{-1}GC(C'GP^{-1}GC)^{-1}C'G]P^{-1}Ga$$

Em que:

b = vetor de coeficientes do índice estimado;

I = valor do índice de seleção;

P = matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas;

G = matriz de variâncias e covariâncias genotípicas;

a = vetor de peso econômico das características estudadas;

C = matriz n x r de restrições (r foi o número de restrições feitas no índice), de forma que  $b'GC = 0$ . Sendo  $C_{ij}$  (i = 1, 2, ..., n e j = 1, 2, ..., r) elemento da matriz C, então se verifica:

$C_{ij} = 1$  se; i = j e  $C_{ij} = 0$ , nos casos contrários.

### 3.5.3.2 Índice de seleção restrito de Tallis (1962)

Após análise dos ganhos adquiridos no índice de Kempthorne e Nordskog (1959) a operacionalização do índice de Tallis (1962) foi realizada utilizando peso econômico de 20, 100 e 10 para as características NF, Prod e MF, respectivamente e as demais igual a 1. Foi aplicada somente a restrição para a característica MF, onde a  $Cov(I, g_j)$  foi igual a 1000 e 5000. A fórmula proposta por Tallis (1962) é dada:

$$b = [I - P^{-1}GC(C'GP^{-1}GC)^{-1}C'G]P^{-1}Ga + P^{-1}GC(C'GP^{-1}GC)^{-1}K$$

b = vetor de coeficientes do índice estimado;

I = valor do índice de seleção;

P = matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas;

G = matriz de variâncias e covariâncias genotípicas;

a = vetor de peso econômico das características estudadas;

C = matriz (n x r) de restrições, em que os coeficientes dos valores genotípicos das variáveis sob restrição têm o valor unitário, e os demais coeficientes, o valor zero; e

K = vetor (r x 1) de valores arbitrários estabelecidos para as covariâncias entre os escores do índice e os valores genéticos das características sob restrição.

### 3.5.3.3 Índice de seleção restrito de James (1968)

Além da restrição estabelecida no índice de Tallis (1962) ( $Cov(l, g_j) \neq 0$ ), foi proposta a restrição de ganhos (valor de  $b_j$ ). Para este trabalho a restrição de ganho foi estabelecida para a característica produtividade com três diferentes pesos RG 50, RG 100 e RG 200, de forma que se obteve:

$$b'GC = k'$$

$b'$  = vetor de dimensão  $1 \times n$ , de coeficientes de ponderação das características no índice;

$G$  = matriz de dimensão  $n \times n$ , de variâncias e covariâncias genéticas entre as características;

$C$  = matriz de dimensão  $n \times r$ , com elementos 0 e 1 que determinam as  $r$  restrições de ganhos nas  $n$  características;

$K'$  = vetor de dimensão  $1 \times r$ , que contém os valores estabelecidos para cada covariância entre o índice e a característica com restrição; e

$r$  = número de restrições feitas quanto aos ganhos (ou covariâncias).

### 3.5.4 Índice de seleção via modelos mistos

Primeiramente foi realizada a análise de predição dos ganhos genéticos e estimativa dos componentes de variância via REML/BLUP. O modelo utilizado foi:

$$y = Xr + Zg + Wp + \varepsilon$$

Onde temos que:

$y$  = o vetor de dados,

$r$  = o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,

$g$  = o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),

$p$  = o vetor dos efeitos de parcela,  $\varepsilon$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

$X$ ,  $Z$  e  $W$  – foram matrizes de incidência conhecidas, formadas por valores 0 e 1, as quais associam as incógnitas  $r$ ,  $g$  e  $p$  ao vetor de dados  $y$ , respectivamente.

Também foram estimados os seguintes componentes de variância:

$V_g$  = variância genotípica entre progênes de irmãos germanos, equivalendo a  $(1/2)$  da variância genética aditiva mais  $(1/4)$  da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia;

Vf = variância fenotípica individual;

Vparc = variância ambiental entre parcelas;

c<sup>2</sup>parc = coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

h<sup>2</sup>m = herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa;

Acprog = acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.

A partir dos valores genotípicos preditos, foram aplicados os índices aditivo (SH), multiplicativo (IM) e Mulamba e Mock (MM). No índice SH foi realizado seis análises com pesos econômicos aleatórios de diferentes grandezas para as características principais NF, Prod e MF: PA 1 (20, 100, 10), PA 2 (500, 500, 250), PA 3 (500, 1000, 500), PA 4 (1000, 1000, 500), PA 5 (1000, 5000, 500) e PA 6 (2000, 10000, 1000). Para as demais características o peso foi estabelecido 1.

Para os índices de seleção de os índices aditivo (SH) e Mulamba e Mock (MM). SH à direção foi estabelecida para NF, Prod, MF, CF, DF, FF, RP, CP, SS e ratio o sentido maior e DFL, EC e ATT menor.

Os índices de seleção SH, IM e MM foram apresentados pelas seguintes fórmulas:

$$\text{SH} = ((p*\text{DFL}) * (\text{VG}*\text{DFL})) + ((p*\text{NF}) * (\text{VG}*\text{NF})) + ((p*\text{Prod}) * (\text{VG}*\text{Prod})) + ((p*\text{MF}) * (\text{VG}*\text{MF})) + ((p*\text{CF}) * (\text{VG}*\text{CF})) + ((p*\text{DF}) * (\text{VG}*\text{DF})) + ((p*\text{FF}) * (\text{VG}*\text{FF})) + ((p*\text{EC}) * (\text{VG}*\text{EC})) + ((p*\text{RP}) * (\text{VG}*\text{RP})) + ((p*\text{CP}) * (\text{VG}*\text{CP})) + ((p*\text{SS}) * (\text{VG}*\text{SS})) + ((p*\text{ATT}) * (\text{VG}*\text{ATT})) + ((p*\text{ratio}) * (\text{VG}*\text{ratio}))$$

$$\text{IM} = (\text{VG}*\text{DFL}) + (\text{VG}*\text{NF}) + (\text{VG}*\text{Prod}) + (\text{VG}*\text{MF}) + (\text{VG}*\text{CF}) + (\text{VG}*\text{DF}) + (\text{VG}*\text{FF}) + (\text{VG}*\text{EC}) + (\text{VG}*\text{RP}) + (\text{VG}*\text{CP}) + (\text{VG}*\text{SS}) + (\text{VG}*\text{ATT}) + (\text{VG}*\text{ratio})$$

$$\text{MM} = (r*\text{VG}*\text{DFL}) + (r*\text{VG}*\text{NF}) + (r*\text{VG}*\text{Prod}) + (r*\text{VG}*\text{MF}) + (r*\text{VG}*\text{CF}) + (r*\text{VG}*\text{DF}) + (r*\text{VG}*\text{FF}) + (r*\text{VG}*\text{EC}) + (r*\text{VG}*\text{RP}) + (r*\text{VG}*\text{SS}) + (r*\text{VG}*\text{ATT}) + (r*\text{VG}*\text{ratio})$$

Em que:

\*= sinal de multiplicação;

p = peso econômico estabelecido para o caráter;

VG = valor genotípico predito; e

r = rank da FIC.

Na análise de predição dos ganhos genéticos e estimativa dos componentes de variância via REML/BLUP foi utilizado o modelo 147 e para os índices de seleção

o modelo 101 pelo programa Selegen – Seleção Genética Computadorizada conforme descrito por Resende (2007).

### **3.6 Seleção das famílias**

As estimativas da predição dos ganhos por seleção, utilizando os índices de seleção, foram obtidas com base na seleção de 25%, sendo selecionadas as 30 melhores famílias de irmãos completos.

### **3.7 Índice de coincidência**

Foi realizado o índice de coincidência das 30 FIC selecionadas. Para estimar o índice de coincidência, foi utilizado o método de Hamblin e Zimmermann (1986) pela expressão:

$$IC (\%) = \frac{A - C}{C - B} \times 100$$

Onde:

A = é o número de FIC que coincidentes em dois índices de seleção;

B = é o número de FIC selecionadas, no caso 30; e

C = o número de coincidências atribuídas ao acaso, sendo adotado, nesse caso, 10% de B.

### **3.8 Eficiência relativa entre os índices de seleção não paramétricos e paramétricos**

Foi realizada a eficiência relativa entre os índices de seleção não paramétricos e paramétricos que obteve o maior ganho genético nas características principais número de fruto e produtividade. Para estimar a eficiência relativa foi utilizada a expressão de Faria et al. (2012), adaptado:

$$ER (\%) = \frac{<GS}{>GS} \times 100$$

Onde:

ER = Eficiência relativa;

<GS = índice de seleção com maior ganho genético;

>GS = índice de seleção com menor ganho genético; e  
100% valor de referência.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Análise de variância e parâmetros genéticos

Houve diferença significativa nas FIC para as características DFL, Prod, CF, DF, FF, EC, RP, ATT e ratio ao nível de 1% de probabilidade e para as características NF e MF com diferença significativa a 5% de probabilidade (Tabela 2). A significância da fonte de variação entre as FIC indica a existência de variabilidade genética, essencial para a realização da seleção de genótipos superiores e obtenção de ganhos genéticos.

O coeficiente de variação experimental ( $CV_e$ ) revelou valores de 5,0 a 45,8%. O maior  $CV_e$  foi detectado para Prod, sendo a característica que obteve maior influência ambiental na condução do experimento. Dourado Neto (1998) relata que o crescimento e desenvolvimento de plantas visam buscar informações básicas das diversas interações planta x ambiente, maximizando o uso de recursos naturais de cada região ou de uma determinada condição de cultivo. Ferreira et al. (2010) obtiveram em experimento com progênies de maracujazeiro azedo o  $CV_e$  de 4,8 a 46,4%.

Quanto ao NF no primeiro ciclo de produção as FIC apresentaram média de 47719,13 frutos, a média das testemunhas foi de 55576,72 e a média geral de 47913,94. Cavalcante (2015), no primeiro ciclo de produção obteve valores para NF de 14210,87.

A média de Prod das FIC avaliadas foi de 9019,54 kg ha<sup>-1</sup> no avaliativo, denota-se que da implantação, formação de cortina até o início da produtividade as plantas semi-perenes, como é o caso do maracujazeiro azedo, gastam muito valor energético para atingir a fase de estabilidade e adaptabilidade, porém levando em consideração experimento anterior, onde a produtividade foi 3671,26 kg ha<sup>-1</sup> para o primeiro ciclo avaliativo da UNEMAT S10 (Cavalcante, 2015), observa-se que esse material é pertencente ao programa de melhoramento da UNEMAT, portanto, há evidência que o material genético exposto ao processo de seleção recorrente vem obtendo progresso genético para formação de uma população elite e adaptada a região.

Tabela 2. Resumo da análise de variância para as 13 características avaliadas das 118 famílias de irmãos completos e das testemunhas. Tangará da Serra-MT, 2015

FV	GL	Quadrados médios <sup>1/</sup>												
		DFL Dias	NF un ha <sup>-1</sup>	Prod kg ha <sup>-1</sup>	MF G	CF -----mm-----	DF	FF CF/DF	EC mm	RP %	CP	SS °Brix	ATT g 100mL <sup>-1</sup>	Ratio
Bloco	2	2577,3	17846030670,0	673917096,2	335,7	4,2	25,0	0,003	3,06	35,2	0,78	2,25	0,76	1,96
Tratamento	120	1389,3**	743314296,4*	25025954,9**	2139,9*	98,1**	26,5**	0,009**	0,89**	70,0**	0,29 <sup>ns</sup>	1,62 <sup>ns</sup>	0,33**	0,57**
FIC	117	1378,3**	758046282,2*	25521225,6**	2178,1*	94,2**	24,4**	0,009**	0,90**	70,9**	0,27 <sup>ns</sup>	1,61 <sup>ns</sup>	0,33**	0,56**
Test	2	2586,1*	155638261,9 <sup>ns</sup>	5251785,3 <sup>ns</sup>	956,4 <sup>ns</sup>	275,1**	85,1**	0,006 <sup>ns</sup>	0,08 <sup>ns</sup>	45,9 <sup>ns</sup>	1,35**	2,42 <sup>ns</sup>	0,23 <sup>ns</sup>	0,72 <sup>ns</sup>
FIC vs Test	1	282,5 <sup>ns</sup>	195024029,5 <sup>ns</sup>	6627628,9 <sup>ns</sup>	32,4 <sup>ns</sup>	205,5**	123,4**	0,00005 <sup>ns</sup>	0,83 <sup>ns</sup>	18,2 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	0,58 <sup>ns</sup>	0,72*	0,98 <sup>ns</sup>
Erro	240	647,0	455589266,9	16966957,0	1585,0	29,2	16,3	0,003	0,52	38,1	0,25	1,41	0,17	0,29
Total	362	327160,5	234231200956,4	8423018478,9	637857,5	18819,5	7120,5	1,92	236,4	17622,3	96,7	535,9	81,5	141,1
Média geral	-	146,6	47602,3	8997,9	191,1	92,7	79,3	1,17	6,4	41,7	4,9	11,7	3,4	3,6
Média FIC	-	146,4	47719,1	9019,5	191,2	92,6	79,2	1,17	6,4	41,6	4,9	11,7	3,4	3,6
Média test	-	152,1	43005,3	8150,6	189,2	97,5	82,9	1,17	6,1	43,0	5,0	11,5	3,7	3,2
CV <sub>e</sub> (%)	-	17,4	44,8	45,8	20,8	5,8	5,1	5,0	11,3	14,8	10,2	10,1	12,0	15,1

<sup>1/</sup>Dias para o florescimento (DFL), número de fruto (NF), produtividade (Prod), massa de fruto (MF), comprimento do fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), formato de fruto (FF), espessura de casca (EC), rendimento de polpa (RP), coloração de polpa (CP), teor de sólidos solúvel (SS), acidez total titulável (ATT).

<sup>ns</sup> não significativo. \*\* e \* significativo a 1 e 5%, respectivamente.

As estimativas de herdabilidade foram classificadas como alta magnitude para as características EC (42,79%), RP (46,28%), ratio (49,32%), ATT (50,20%), DFL (53,05%), FF (62,01%) e CF (68,92%); média para MF (27,23%), DF (33,15%), Prod (33,51%) e NF (39,89%) e baixa para CP (6,11%) e SS (12,83%) (Tabela 3). A herdabilidade permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (Ramalho, 2008).

As magnitudes de herdabilidade alta indicam a possibilidade de selecionar genótipos superiores e obter elevados ganhos com maior segurança (Oliveira et al., 2015). A herdabilidade associada a coeficiente de variação genético e experimental, pode auxiliar a maximização dos ganhos no processo de seleção de características quantitativas (Marchioro et al., 2003). Desse modo, há expectativa de ganhos com a seleção de genótipos com as características de alta magnitude.

Krause et al. (2012) ao conduzirem experimento para avaliação de 111 FIC de maracujazeiro azedo nas mesmas condições no cerrado mato-grossense obtiveram valores de herdabilidade alta para as características Prod (52,59%), PF (50,59%), RP (55,71%), MF (52,77%) e CF (58,05%).

A característica NF (21,04%), Prod (18,72%) e DFL (10,66%) apresentaram os maiores valores de  $CV_g$  (Tabela 3). O coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) por ser diretamente proporcional a variância genética admite ter uma informação da grandeza relativa das alterações que podem ser adquiridas por meio de seleção, ao longo de um programa de melhoramento, visto que almeja-se que quanto maior for o valor da estimativa do  $CV_g$ , maior a probabilidade de liberação de variabilidade genética (Falconer, 1987).

As características que apresentaram maior desvio padrão genético foram NF e Prod, com valores de 9.793,28 e 1.639, respectivamente. Esse parâmetro genético é obtido como resposta do quanto de variação ou dispersão existe em relação à média em um experimento.



Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos para característica dias para o florescimento (DFL), número de fruto (NF), produtividade (Prod), massa de fruto (MF), comprimento do fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), formato de fruto (FF), espessura de casca (EC), rendimento de polpa (RP), coloração de polpa (CP), teor de sólidos solúvel (SS), acidez total titulável (ATT) e ratio das 118 FIC de maracujazeiro azedo. Tangará da Serra-MT, 2015

Características		Parâmetros genéticos <sup>1/</sup>		
avaliadas		h <sup>2</sup> %	CV <sub>g</sub> %	DP <sub>g</sub> %
DFL	Dias	53,05	10,66	15,72
NF	un ha <sup>-1</sup>	39,89	21,04	9793,28
Prod	kg ha <sup>-1</sup>	33,51	18,72	1639
MF	G	27,23	3,75	13,60
CF	mm	68,92	5,02	4,79
DF	mm	33,15	2,07	1,81
FF	CF/DF	62,01	3,72	0,04
EC	mm	42,79	5,61	0,35
RP	%	46,28	7,95	3,26
CP		6,11	1,50	0,10
SS	°Brix	12,83	2,24	0,26
ATT	g 100 mL <sup>-1</sup>	50,20	7,00	0,23
Ratio		49,32	8,58	0,30

<sup>1/</sup>herdabilidade (h<sup>2</sup>); coeficiente variação genético (CV<sub>g</sub>); Desvio padrão genético (DP<sub>g</sub>).

#### 4.2 Índices de seleção não paramétricos

Para os índices de seleção não paramétrico de Mulamba e Mock (MM) e distância genótipo ideótipo (DGI) foram utilizados os pesos econômicos, sendo eles peso aleatório (PA), herdabilidade (h<sup>2</sup>), coeficiente de variação genética (CV<sub>g</sub>) e desvio padrão genético (DP<sub>g</sub>).

Na avaliação dos pesos econômicos para os índices de seleção MM e DGI evidenciou que eles proporcionaram ganhos satisfatórios e equilibrados, exceto quando utilizou a h<sup>2</sup> (Tabela 4). No entanto, o CV<sub>g</sub> obteve ganhos menores que o PA e o DP<sub>g</sub>. Observa-se que o PA no índice de MM proporcionou ganhos de 16,27 e 13,99% para as características NF e Prod, respectivamente. Enquanto que o PA no

índice DGI obteve ganhos de 15,97 e 13,94% para NF e Prod, respectivamente. Demonstrando que houve pequenas variações nos ganhos entre os índices considerando o mesmo peso. As semelhanças nos ganhos para NF e Prod também ocorreram quando foram utilizados os pesos  $CV_g$  e  $DP_g$ .

Oliveira et al. (2008) observaram no maracujazeiro azedo os maiores ganhos no índice DGI para as características peso de fruto, rendimento de polpa, comprimento do fruto, largura de fruto, formato do fruto e número de fruto por planta, quando atribuíram os pesos aleatórios de 2, 1, 1, 1, 1, 2, respectivamente. Neves et al. (2011) adotaram como pesos econômicos os valores do desvio padrão genético, o coeficiente de variação genético de fêmea, a razão entre o coeficiente de variação genético de fêmea e o coeficiente de variação experimental, e pesos obtidos aleatoriamente por tentativas para o índice de MM, o qual proporcionou ganhos totais satisfatórios a partir da análise genotípica e fenotípica.

Para o índice multiplicativo os valores permitiram a obtenção de ganhos positivos e satisfatórios nas características principais NF (15,63%), Prod (13,30%) e MF (0,12%), sendo que nessa última o ganho pode ser considerado estável (Tabela 4).

No índice de seleção de Elston os ganhos genéticos positivos para as características NF (9,10%), Prod (8,44%) e MF (0,62%), no entanto, bastante abaixo dos ganhos obtidos pelo índice de MM, DGI e IM.

Tabela 4. Estimativas dos ganhos percentuais por seleção das características dias para o florescimento (DFL), número de fruto (NF), produtividade (Prod), massa de fruto (MF), comprimento do fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), formato de fruto (FF), espessura de casca (EC), rendimento de polpa (RP), coloração de polpa (CP), teor de sólidos solúvel (SS), acidez total titulável (ATT) e ratio das 118 FIC de maracujazeiro azedo. Tangará da Serra-MT, 2015

Índice de seleção <sup>1/</sup>	Peso econômico <sup>2/</sup>	Ganho de seleção (%)												
		DFL Dias	NF un ha <sup>-1</sup>	Prod kg ha <sup>-1</sup>	MF G	CF -----mm-----	DF	FF CF/DF	EC mm	RP %	CP	SS °Brix	ATT g 100 mL <sup>-1</sup>	Ratio
MM	PA	-4,67	16,27	13,99	0,23	-1,20	-0,29	-0,61	0,59	1,11	0,16	0,19	0,70	0,03
MM	h <sup>2</sup>	-2,32	4,11	4,61	0,65	1,80	0,13	1,34	-0,35	2,29	0,12	0,30	-2,51	3,62
MM	CV <sub>g</sub>	-4,96	15,77	13,16	-0,16	-1,22	-0,25	-0,69	-0,13	1,24	0,13	0,22	-0,61	1,53
MM	DP <sub>g</sub>	-4,45	16,73	13,59	-0,40	-1,33	-0,39	-0,55	0,51	1,73	0,14	0,11	0,49	-0,11
DGI	PA	-4,50	15,97	13,94	0,35	-1,04	-0,20	-0,61	0,59	1,30	0,15	0,12	0,75	-0,35
DGI	h <sup>2</sup>	-2,07	3,70	4,09	0,46	1,94	0,06	1,60	-0,87	1,93	0,09	0,28	-2,36	3,39
DGI	CV <sub>g</sub>	-4,59	14,82	12,78	0,21	-1,06	-0,23	-0,59	-0,34	1,20	0,08	0,27	-0,84	1,96
DGI	DP <sub>g</sub>	-4,45	16,73	13,59	-0,40	-1,33	-0,39	-0,55	0,51	1,73	0,14	0,11	0,49	-0,11
IM	D/I	-4,70	15,63	13,30	0,12	-1,29	-0,38	-0,55	-0,47	1,50	0,10	0,24	-0,30	1,33
EL	MED	2,30	9,10	8,44	0,62	4,30	1,31	1,59	0,47	2,96	-0,23	0,78	6,49	-3,70

<sup>1/</sup>Mulamba e Mock (MM); Distância genótipo ideótipo (DGI); Multiplicativo (IM); Elston (EL).

<sup>2/</sup>Pesos aleatórios atribuídos por tentativas (PA) (1, 20, 100, 10, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1); herdabilidade (h<sup>2</sup>); coeficiente de variação genética (CV<sub>g</sub>); desvio padrão genético (DP<sub>g</sub>); direta ou inversa (D/I); médias (MED).

Ao considerar os ganhos estimados com as estratégias de seleção via índices de seleção não paramétricos, verificou-se que os índices de Mulamba e Mock (MM), distância genótipo ideótipo (DGI), multiplicativo (IM) e Elston obtiveram ganhos satisfatórios para as características de interesse, com pequena diferença nos ganhos nos índices IM e Elston.

Gonçalves et al. (2007) selecionando progênies de maracujazeiro azedo verificaram que o índice de seleção de MM demonstrou superioridade em relação a outros índices. Santos (2008) verificou que o índice de MM proporcionou ganhos preditos satisfatórios ao selecionar progênies de maracujazeiro azedo quanto ao vigor e resistência à verrugose. Krause et al. (2012) ao selecionar progênies superiores do programa de melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo observaram ganhos genéticos positivos nas características agrônômicas de interesse usando do índice de seleção de MM.

Observou-se que dentre as 30 FIC selecionadas pelos índices de seleção não paramétrico, a maior coincidência foi entre os índices de MM e DGI na atribuição do peso econômico  $DP_g$ , correspondendo a 100% (Tabela 5). Ainda os índices de MM e DGI apresentaram o segundo maior valor de coincidência das FIC selecionadas, sendo de 96,30% com o peso econômico PA. Entretanto, a menor coincidência nos referidos índices foi de 29,63% para os pesos econômicos  $PA \times h^2$  e também para  $DP_g \times h^2$ . O índice de Elston não foi submetido a avaliação no índice de coincidência, porque a metodologia selecionou apenas três FIC. Este fato também foi observado por Rosado et al. (2012) ao selecionar 20% de progênies de maracujazeiro azedo. A diferença do número de famílias selecionadas se faz em decorrência do índice de Elston ser multiplicativo, ponderando como zero o índice multiplicativo maior ou menor do ponto de corte quanto ao sentido de seleção (Rosado et al., 2012). De acordo com Pedrozo et al. (2009) quanto maior o índice de coincidência entre dois índices, maior será a concordância dos resultados de seleção entre eles.

Tabela 5. Índice de coincidência das 30 FIC selecionadas de maracujazeiro azedo pelos índices de seleção não paramétricos. Tangará da Serra-MT, 2015

IS <sup>1/</sup>	MM h <sup>2</sup>	MM CV <sub>g</sub>	MM DP <sub>g</sub>	DGI PA	DGI h <sup>2</sup>	DGI CV <sub>g</sub>	DGI DP <sub>g</sub>	IM
MM PA	37,04	81,48	85,19	96,30	29,63	81,48	88,89	85,19
MM h <sup>2</sup>		48,15	29,63	37,04	92,59	51,85	33,33	48,15
MM CV <sub>g</sub>			74,07	88,89	44,44	92,59	81,48	92,59
MM DP <sub>g</sub>				92,59	33,33	70,37	100,00	77,78
DGI PA					33,33	81,48	88,89	85,19
DGI h <sup>2</sup>						48,15	29,63	40,74
DGI CV <sub>g</sub>							70,37	92,59
DGI DP <sub>g</sub>								77,78

<sup>1/</sup>Índice de seleção (IS); Mulamba e Mock (MM); distância genótipo ideótipo (DGI); multiplicativo (IM); peso aleatório (PA); herdabilidade (h<sup>2</sup>); coeficiente de variação genética (CV<sub>g</sub>); desvio padrão genético (DV<sub>g</sub>).

### 4.3 Índices de seleção paramétrico

#### 4.3.1 Índices de seleção paramétricos não restritos

Os pesos econômicos PA, h<sup>2</sup>, CV<sub>g</sub> e DP<sub>g</sub> atribuídos para o índice clássico de Smith e Hazel (SH), demonstraram ganhos semelhantes. Cabe destacar que para a h<sup>2</sup> e o CV<sub>g</sub> os ganhos obtidos nas características avaliadas foram iguais (Tabela 6). Em relação a característica EC, onde a seleção é realizada no sentido de reduzir, usando todos os pesos econômicos no índice SH os ganhos foram negativos, haja vista que é um ganho desejável no melhoramento do fruto de maracujazeiro azedo por proporcionar maior rendimento de polpa.

Gonçalves et al. (2007) utilizaram apenas como peso econômico os pesos atribuídos aleatoriamente nos índices de SH e Pesek e Baker (PB) para as características número de fruto, peso de fruto, comprimento de fruto, largura de fruto, espessura de casca, número de dias até a antese e verificaram que o índice de SH obteve os menores ganhos preditos.

O índice de Willians (WI) proporcionou ganhos genéticos expressivos e superiores. O maior ganho obtido na característica NF foi de 16,73% com os pesos econômicos h<sup>2</sup>, CV<sub>g</sub> e DP<sub>g</sub>. Para a característica Prod o ganho foi de 13,97% usando o PA (Tabela 6). No entanto, também foi observado que no índice WI os ganhos foram

próximos para as características principais NF e Prod considerando os diferentes pesos econômicos. No emprego do PA além dos ganhos consideráveis com as características NF (16,60%) e Prod (13,97%), destaca-se a característica MF que permaneceu estável em relação aos outros pesos econômicos que apresentaram ganhos negativos.

Granate et al. (2002) ao avaliarem a viabilidade do uso do índice de seleção de WI em milho pipoca, utilizando o  $CV_g$  como peso econômico, concluíram que esse peso não permitiu a obtenção de estimativas de ganhos preditos simultâneos nas principais características.

Tabela 6. Estimativas dos ganhos percentuais para características dias para o florescimento (DFL), número de fruto (NF), produtividade (Prod), massa de fruto (MF), comprimento do fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), formato de fruto (FF), espessura de casca (EC), rendimento de polpa (RP), coloração de polpa (CP), teor de sólidos solúvel (SS), acidez total titulável (ATT) e ratio das 118 FIC, em maracujazeiro azedo. Tangará da Serra-MT, 2015

Índice de seleção <sup>1/</sup>	Peso econômico <sup>2/</sup>	Ganho de seleção (%)												
		DFL Dias	NF un ha <sup>-1</sup>	Prod kg ha <sup>-1</sup>	MF g	CF -----mm-----	DF	FF CF/DF	EC mm	RP %	CP	SS °Brix	ATT g 100 mL <sup>-1</sup>	Ratio
SH	PA	-4,50	12,28	8,66	-1,16	-3,05	-1,05	-1,05	-0,35	2,69	-0,14	0,13	1,21	-0,61
SH	h <sup>2</sup>	-4,76	12,35	8,61	-1,24	-3,28	-1,01	-1,32	-0,51	2,71	-0,14	0,16	1,15	-0,45
SH	CV <sub>g</sub>	-4,76	12,35	8,61	-1,24	-3,28	-1,01	-1,32	-0,51	2,71	-0,14	0,16	1,15	-0,45
SH	DP <sub>g</sub>	-4,39	12,65	8,45	-1,53	-3,32	-1,04	-1,30	-0,73	2,77	-0,19	0,09	0,87	-0,45
WI	PA	-4,42	16,60	13,97	0,02	-1,48	-0,44	-0,61	0,49	1,46	0,14	0,04	0,24	-0,08
WI	h <sup>2</sup>	-4,45	16,73	13,59	-0,40	-1,33	-0,39	-0,55	0,51	1,73	0,14	0,11	0,49	-0,11
WI	CV <sub>g</sub>	-4,45	16,73	13,59	-0,40	-1,33	-0,39	-0,55	0,51	1,73	0,14	0,11	0,49	-0,11
WI	DP <sub>g</sub>	-4,45	16,73	13,59	-0,40	-1,33	-0,39	-0,55	0,51	1,73	0,14	0,11	0,49	-0,11
PB	PA	-0,42	-3,68	-2,60	1,34	0,47	-0,33	0,92	1,13	-4,03	0,20	0,46	1,23	0,31
PB	h <sup>2</sup>	-0,82	-2,58	-1,96	1,17	0,17	-0,39	0,74	0,96	-4,33	0,20	0,44	0,79	0,71
PB	CV <sub>g</sub>	-0,82	-2,58	-1,96	1,17	0,17	-0,39	0,74	0,96	-4,33	0,20	0,44	0,79	0,71
PB	DP <sub>g</sub>	-4,08	4,83	3,37	0,44	-1,73	-0,89	-0,12	0,20	-2,36	0,11	0,61	1,18	0,94

<sup>1/</sup>Smith e Hazel (SH); Willians (WI); Pesek e Baker (PB).

<sup>2/</sup>Pesos aleatórios atribuídos por tentativas (PA) (1, 20, 100, 10, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1); herdabilidade (h<sup>2</sup>); coeficiente de variação genética (CV<sub>g</sub>); desvio padrão genético (DP<sub>g</sub>).

Os piores ganhos genéticos preditos foram obtidos com a utilização do índice de PB (Tabela 6). Na atribuição de todos os pesos econômicos no índice de PB os ganhos foram negativos para as características NF e Prod, exceto quando utilizou-se o  $DP_g$  que apresentou ganhos genéticos de NF (4,83%) e Prod (3,37%). Além disso, para o  $DP_g$  as características que apresentaram ganhos genéticos preditos favoráveis ao melhoramento do maracujazeiro azedo, não atingiram valores desejáveis. Ainda podem-se observar ganhos similares quando houve o uso dos valores da  $h^2$  e  $CV_g$  como pesos econômicos. Portanto, a utilização desse índice com os pesos econômicos associados a ele não proporcionou ganhos desejáveis em relação às características estudadas.

Silva e Viana (2012) trabalhando com maracujazeiro azedo, atribuíram como pesos econômicos os parâmetros genéticos coeficiente de variação genética, herdabilidade, além do peso aleatório (1, 200, 200, 200, 1, 1, 1, 200, 1000, 1000, 1000) para as características número de dias para o florescimento, peso de fruto, comprimento de fruto, largura de fruto, espessura de casca, teor de sólidos solúveis totais, cor da polpa, peso da polpa, número total de frutos, produção total, peso médio de fruto, respectivamente. Esses autores também observaram no índice de PB ganhos genéticos negativos em quase todas as características. Oliveira et al. (2008) obtiveram ganhos somente na característica rendimento de polpa para o maracujazeiro azedo, quando utilizaram o índice de seleção de PB, considerando como peso econômico o desvio padrão genotípico. O trabalho desses autores corrobora com os resultados encontrados neste.

Assim, pode-se observar que a seleção simultânea das características do maracujazeiro azedo utilizando o índice de WI proporcionou ganhos maiores do que o SH e PB. No entanto, Neves et al. (2011) comparando diferentes índices de seleção para otimizar os ganhos com a seleção simultânea das características do fruto de maracujazeiro azedo, concluíram que os resultados foram satisfatórios para os índices Smith e Hazel, Pesek e Baker e Willians. Santiago (2014) relatou que os índices de seleção de Smith e Hazel e Willians foram eficientes na seleção em linhagens de milho.

A coincidência entre as FIC selecionadas variou de zero a 100% para os índices de seleção paramétricos (Tabela 7). O índice de seleção SH apresentou coincidência de 100% com pesos econômicos  $h^2 \times CV_g$ . Da mesma forma ocorreu com



o índice de PB. Para o índice de WI a coincidência de 100% foi observada entre pesos econômicos advindos dos parâmetros genéticos.

Tabela 7. Índice de coincidência das 30 FIC selecionadas de maracujazeiro azedo pelos índices de seleção não paramétricos. Tangará da Serra-MT, 2015

IS <sup>1/</sup>	SH h <sup>2</sup>	SH CV <sub>g</sub>	SH DP <sub>g</sub>	WI PA	WI h <sup>2</sup>	WI CV <sub>g</sub>	WI DP <sub>g</sub>	PB PA	PB h <sup>2</sup>	PB CV <sub>g</sub>	PB DP <sub>g</sub>
SH PA	96,30	96,30	88,89	40,74	55,56	55,56	55,56	7,41	14,81	14,81	33,33
SH h <sup>2</sup>		100,00	92,59	48,15	51,85	51,85	51,85	11,11	11,11	11,11	33,33
SH CV <sub>g</sub>			92,59	48,15	55,56	55,56	55,56	11,11	11,11	11,11	37,04
SH DP <sub>g</sub>				40,74	51,85	51,85	51,85	7,41	7,41	7,41	33,33
WI PA					92,59	92,59	92,59	3,70	3,70	3,70	22,22
WI h <sup>2</sup>						100,00	100,00	0	3,70	3,70	22,22
WI CV <sub>g</sub>							100,00	0	3,70	3,70	22,22
WI DP <sub>g</sub>								0	3,70	3,70	22,22
PB PA									96,30	96,30	77,78
PB h <sup>2</sup>										100,00	77,78
PB CV <sub>g</sub>											77,78

<sup>1/</sup>Índice de seleção (IS); Smith e Hazel (SH); Willians (WI); Pesek e Baker (PB); peso aleatório (PA); herdabilidade (h<sup>2</sup>); coeficiente de variação genética (CV<sub>g</sub>); desvio padrão genético (DV<sub>g</sub>).

### 4.3.2 Índices de seleção paramétricos restritos

Os índices de seleção paramétricos restritos possibilitam a realização de restrições na covariância entre os escores do índice e o valor genético e a restrição de ganhos, bem como a inferência de pesos econômicos, que neste trabalho foram utilizados os PA,  $h^2$ ,  $CV_g$  e  $DP_g$ .

Para o índice de Kempthorne e Nordskog foram obtidos os ganhos realizando a restrição apenas para a característica MF e também para MF e ATT simultaneamente. Ambas foram feitas para todos os pesos econômicos. Bhering et al. (2012) quando utilizaram o índice restrito Kempthorne e Nordskog (1959) ao restringir uma característica, concluíram que houve ganho equilibrado nas características de interesse agroindustrial nos ciclos seleção do programa de melhoramento de pinhão manso. Quando comparado os pesos os ganhos foram semelhantes.

No índice de Tallis os valores das restrições para a característica MF foram de 1000 e 5000. Nas características NF e Prod os ganhos foram semelhantes. Para a característica MF utilizando Cov (1000) obteve ganho de 0,0025% e o Cov (5000) 0,0124% (Tabela 8). Portanto, à medida que aumenta o valor do Cov aumenta-se proporcionalmente os ganhos na característica sob restrição, mas estes ganhos nesta característica ainda são irrisórios.

Tabela 8. Estimativas dos ganhos percentuais das características dias para o florescimento (DFL), número de fruto (NF), produtividade (Prod), massa de fruto (MF), comprimento do fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), formato de fruto (FF), espessura de casca (EC), rendimento de polpa (RP), coloração de polpa (CP), teor de sólidos solúvel (SS), acidez total titulável (ATT) e ratio em 118 FIC de maracujazeiro azedo. Tangará da Serra-MT, 2015

Índice de seleção <sup>1/</sup>	PE <sup>2/</sup>	COV <sup>3/</sup>	Valor de b <sub>j</sub> <sup>4/</sup>	Ganho de seleção (%)												
				DFL Dias	NF un ha <sup>-1</sup>	Prod kg ha <sup>-1</sup>	MF g	CF -----mm-----	DF	FF CF/DF	EC mm	RP %	CP	SS °Brix	ATT g 100 mL <sup>-1</sup>	Ratio
KN	PA	1	-	-7,57	19,27	17,87	0	-2,29	-1,02	-1,31	-0,66	3,11	-0,91	0,95	2,13	-1,37
KN	PA	2	-	-7,79	18,32	16,90	0	-2,79	-1,24	-1,58	-0,68	3,14	-0,80	1,10	0	1,06
KN	h <sup>2</sup>	1	-	-7,45	19,32	17,77	0	-2,35	-1,04	-1,34	-0,66	3,06	-0,89	0,96	2,10	-1,32
KN	h <sup>2</sup>	2	-	-7,65	18,36	16,80	0	-2,84	-1,26	-1,61	-0,69	3,08	-0,78	1,11	0	1,08
KN	CV <sub>g</sub>	1	-	-7,46	19,32	17,77	0	-2,35	-1,04	-1,34	-0,66	3,06	-0,89	0,97	2,10	-1,32
KN	CV <sub>g</sub>	2	-	-7,66	18,36	16,80	0	-2,84	-1,26	-1,62	-0,68	3,08	-0,78	1,11	0	1,08
KN	DP <sub>g</sub>	1	-	-7,42	19,32	17,74	0	-2,37	-1,05	-1,36	-0,66	3,04	-0,88	0,97	2,09	-1,30
KN	DP <sub>g</sub>	2	-	-7,63	18,36	16,76	0	-2,86	-1,27	-1,62	-0,68	3,06	-0,78	1,11	0	1,09
Tallis	PA	COV 1000	-	-7,57	19,27	17,87	0,0025	-2,29	-1,02	-1,31	-0,66	3,11	-0,91	0,95	2,13	-1,37
Tallis	PA	COV 5000	-	-7,57	19,26	17,86	0,0124	-2,29	-1,02	-1,31	-0,65	3,11	-0,91	0,95	2,13	-1,38
James	PA	COV 1000	RG 50	-7,56	19,27	17,82	0	-2,28	-1,04	-1,28	-0,58	2,93	-0,91	0,95	2,22	-1,47
James	PA	COV 1000	RG 100	-7,57	19,24	17,88	0	-2,30	-1,00	-1,33	-0,72	3,24	-0,90	0,96	2,07	-1,30
James	PA	COV 1000	RG 200	-7,44	18,78	17,61	0	-2,27	-0,90	-1,41	-0,96	3,76	-0,87	0,95	1,75	-0,97
James	PA	COV 5000	RG 50	-7,56	19,27	17,82	0	-2,28	-1,04	-1,28	-0,58	2,93	-0,91	0,95	2,26	-1,47
James	PA	COV 5000	RG 100	-7,57	19,24	17,88	0	-2,30	-1,00	-1,33	-0,72	3,24	-0,90	0,95	2,07	-1,30
James	PA	COV 5000	RG 200	-7,44	18,78	17,61	0	-2,27	-0,90	-1,41	-0,95	3,76	-0,87	0,95	1,75	-0,97

<sup>1/</sup>Kemphthorne e Nordskog (KN).

<sup>2/</sup>Peso econômico (PE); pesos aleatórios atribuídos por tentativas (PA) (1, 20, 100, 10, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1); herdabilidade (h<sup>2</sup>); coeficiente de variação genética (CV<sub>g</sub>); desvio padrão genético (DP<sub>g</sub>).

<sup>3/</sup>Covariância entre os escores do índice e o valor genético do caráter (COV); Restrição na característica MF (1); Restrição na característica MF e ATT (2); COV (1000 e 5000) para a característica MF.

<sup>4/</sup>RG: restrição de ganho (50, 100, 200) para a característica Prod.

No índice de James, além da restrição da covariância entre os escores do índice e o valor genético do caráter, pode-se realizar a restrição de ganho. Este tipo de restrição acarreta mudanças nas características em uma quantidade específica ou para um valor ótimo que se queira atingir em determinada característica. Neste trabalho a restrição foi imposta na característica produtividade, onde foram avaliados três valores (50, 100 e 200). Observou-se que os ganhos genéticos preditos comportaram-se de modo semelhante para as restrições de ganho (RG 50, 100 e 200), tanto para o Cov 1000 quanto ao Cov 5000 (Tabela 8). O maior ganho genético para Prod foi de 17,88% com a restrição de ganho com peso equivalente de 100. À medida que este valor aumentou, ou seja, usando RG 200, o ganho reduziu.

De acordo com a semelhança nos ganhos genéticos preditos entre os índices de seleção paramétrico restritos, observa-se que no índice de coincidência a variação foi de 77,78 a 100% para as 30 FIC selecionadas para recombinação (Tabela 9).

Dessa forma, verificou-se que os índices de seleção paramétricos restritos proporcionaram ganhos satisfatórios. No índice de KN a restrição no Cov para uma restrição foi nula e o índice de Tallis a restrição no Cov foi atribuído o valor do Cov 1000, logo os ganhos nas características NF e Prod foram iguais. Quando analisado os resultados entre os índices de KN e Tallis com Cov 5000 houve uma pequena redução nas características NF e Prod, porém houve a contribuição de ganho na característica em restrição.

Assim da restrição de Tallis para a restrição de James a mudança além da restrição na característica MF a restrição de ganho na característica Prod, onde obteve-se os ganhos foram semelhantes. Observou-se que quanto maior o valor na restrição de ganho no índice de James, os valores nos ganhos foram diminuindo na característica Prod.

Verificou-se na aplicação dos índices restritos que houve redução dos ganhos nas características CF, DF e RP, porém, a característica MF permaneceu estável. Segundo Ferreira et al. (2010) a espessura da casca é um fator relevante para o melhoramento genético e a classificação do maracujazeiro azedo, por ser inversamente proporcional a rendimento de polpa.

Tabela 9. Índice de coincidência das 30 FIC selecionadas de maracujazeiro azedo pelos índices de seleção paramétricos sem restrição. Tangará da Serra-MT, 2015

Índice de seleção <sup>1/</sup>	KN PA 2	KN h <sup>2</sup> 1	KN h <sup>2</sup> 2	KN CV <sub>g</sub> 1	KN CV <sub>g</sub> 2	KN DP <sub>g</sub> 1	KN DP <sub>g</sub> 2	Tallis Cov 1000	Tallis Cov 5000	James Cov 1000 RG 50	James Cov 1000 RG 100	James Cov 1000 RG 200	James Cov 5000 RG 50	James Cov 5000 RG 100	James Cov 5000 RG 200	
KN PA 1	85,19	96,30	92,59	96,30	92,59	96,30	92,59	100,00	100,00	88,89	96,30	88,89	88,89	96,30	88,89	
KN PA 2		81,48	88,89	81,48	88,89	81,48	88,89	85,19	85,19	77,78	88,89	96,30	77,78	88,89	96,30	
KN h <sup>2</sup> 1			88,89	100,00	88,89	100,00	88,89	96,30	96,30	88,89	96,30	88,89	88,89	96,30	88,89	
KN h <sup>2</sup> 2				85,19	100,00	85,19	100,00	85,19	85,19	77,78	88,89	88,89	77,78	88,89	88,89	
KN CV <sub>g</sub> 1					85,19	85,19	85,19	96,30	96,30	96,30	96,30	88,89	96,30	96,30	88,89	
KN CV <sub>g</sub> 2						88,89	100,00	85,19	85,19	77,78	88,89	88,89	77,78	88,89	88,89	
KN DP <sub>g</sub> 1							88,89	96,30	96,30	92,59	96,30	88,89	92,59	96,30	88,89	
KN DP <sub>g</sub> 2								85,19	85,19	77,78	88,89	88,89	77,78	88,89	88,89	
Tallis Cov 1000									100,00	92,59	96,30	88,89	92,59	96,30	88,89	
Tallis Cov 5000										92,59	96,30	88,89	92,59	96,30	88,89	
James Cov 1000 RG 50											88,89	81,48	100,00	88,89	81,48	
James Cov 1000 RG 100												92,59	88,89	100,00	92,59	
James Cov 1000 RG 200														81,48	92,59	100,00
James Cov 5000 RG 50															88,89	81,48
James Cov 5000 RG 100																92,59

<sup>1/</sup>Kemphthorne e Nordskog (KN); pesos aleatórios (PA) herdabilidade (h<sup>2</sup>); coeficiente de variação genética (CV<sub>g</sub>); desvio padrão genético (DP<sub>g</sub>); covariância entre os escores do índice e o valor genético do caráter (COV); restrição na característica MF (1); restrição na característica MF e ATT (2); COV (1000 e 5000); restrição de ganho (RG) (50,100,200).

#### 4.4 Comparações entre índices de seleção não paramétricos e paramétricos

O índice paramétrico não restrito de Willians (WI) quando comparado aos não paramétricos de Mulamba e Mock (MM) e distância genótipo ideótipo (DGI) obtiveram ganhos semelhantes para as características principais NF e Prod (Tabelas 10 e 11). Neves et al. (2011) observaram que os índices de seleção paramétricos não restrito de Willians e o não paramétrico de Mulamba e Mock proporcionaram ganhos satisfatórios.

Garcia e Souza Júnior (1999) avaliaram os índices não paramétricos multiplicativo de Elston e MM com o objetivo de verificar a eficiência os índices para a seleção de cultivares de milho precoce. Os autores concluíram que os índices foram adequados na seleção de cultivares.

Silva e Viana (2012) avaliaram os índices não paramétricos de MM e DGI e os paramétricos de Smith e Hazel e Pesek e Baker. Eles verificaram que os ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de MM apresentaram os melhores ganhos para as características número de fruto, produção total e peso médio de fruto, simultaneamente.

Entre os índices de seleção paramétricos restritos os ganhos foram semelhantes. Logo na comparação da eficiência relativa entre eles foi pequena para as características NF e Prod (Tabelas 10 e 11). No entanto, os índices de seleção paramétricos restritos de Kempton e Nordskog (KN), Tallis e James foram superiores em relação ao paramétrico não restrito de WI e aos não paramétricos de MM e DGI, onde apresentaram maiores ganhos genéticos para as características principais NF e Prod. Conseqüentemente também tiveram maior eficiência relativa tanto para a característica NF como para Prod (Tabelas 10 e 11). Observa-se, por exemplo, que a superioridade na eficiência relativa para a característica NF variou de 15% (James x MM DP<sub>g</sub> e DGI DP<sub>g</sub>) a 20,66% (KN e Tallis x DGI DP<sub>g</sub>) (Tabela 10). Para a característica Prod a superioridade da eficiência relativa dos índices de seleção paramétricos restritos de KN, Tallis e James em relação ao paramétrico não restrito de WI e aos não paramétricos de MM e DGI foi ainda maior do que para as características NF, onde variou de 27,73% (Tallis e James x MM PA) a 31,57% (James x DGI DP<sub>g</sub> e MM DP<sub>g</sub>).

Tabela 10. Eficiência relativa entre os índices de seleção não paramétricos e paramétricos para a característica número de fruto. Tangará da Serra-MT, 2015

Índice de seleção <sup>1/</sup>	GS (%)	Número de Fruto						
		Tallis Cov 1000	James RG 100	MM DP <sub>g</sub>	DGI DP <sub>g</sub>	WI PA	MM PA	DGI PA
KN PA 1	19,27	100,00	100,16	115,18	115,18	116,08	118,44	120,66
Tallis Cov 1000	19,27		100,16	115,18	115,18	116,08	118,44	120,66
James RG 100	19,24			115,00	115,00	120,48	118,25	120,48
MM DP <sub>g</sub>	16,73				100,00	100,78	102,83	104,76
DGI DP <sub>g</sub>	16,73					100,78	102,83	104,76
WI PA	16,60						102,03	103,94
MM PA	16,27							101,88
DGI PA	15,97							-

<sup>1/</sup>Kempthorne e Nordskog (KN); Mulamba e Mock (MM); distância genótipo ideótipo; Willians (WI); pesos aleatórios (PA) com restrição na característica MF COV 1; COV 1000; RG: restrição de ganho 100, desvio padrão genético (DP<sub>g</sub>).

Tabela 11. Eficiência relativa entre os índices de seleção não paramétricos e paramétricos para a característica produtividade. Tangará da Serra-MT, 2015

Índice de seleção <sup>1/</sup>	GS (%)	Produtividade						
		Tallis Cov 100	KN	MM PA	WI PA	DGI PA	DGI DP <sub>g</sub>	MM DP <sub>g</sub>
James RG 100	17,88	100,06	100,06	127,81	127,99	128,26	131,57	131,57
Tallis Cov 1000	17,87		100,00	127,73	127,92	128,19	131,49	131,49
KN PA 1	17,87			127,73	127,92	128,19	131,49	131,49
MM PA	13,99				100,14	100,36	102,94	102,94
WI PA	13,97					100,22	102,80	102,80
DGI PA	13,94						102,58	102,58
DGI DP <sub>g</sub>	13,59							100,00
MM DP <sub>g</sub>	13,59							-

<sup>1/</sup>Kempthorne e Nordskog (KN); Mulamba e Mock (MM); Willians (WI); distância genótipo ideótipo; RG: restrição de ganho 100, pesos aleatórios (PA) com restrição na característica MF COV 1; COV 1000; desvio padrão genético (DP<sub>g</sub>).

Pelo exposto, os índices de seleção paramétricos restritos são adequados à seleção de famílias do maracujazeiro azedo e podem ser aplicados em programas de seleção recorrente.



#### 4.5 Índices de seleção via modelos mistos

Em termos de estimativa de ganhos genéticos pode-se observar que para todos os índices houve ganhos satisfatórios (Tabela 12). O uso índice de SH permitiu atribuição dos pesos aleatórios obtendo ganhos percentuais favoráveis de 15,80 (PA 2) a 21,65% (PA 6) (Tabela 12). Nota-se que nas tentativas de otimizar os ganhos no índice de SH com os pesos aleatórios, o valor de PA 6 (2000, 10000, 1000 para as características NF, Prod e MF, respectivamente) foi o dobro do PA 5 (1000, 5000, 500 para as características NF, Prod e MF, respectivamente). No entanto, enquanto que o ganho para o PA 5 foi de 21,61%, o ganho do PA 6 foi de 21,65%, sendo esta diferença mínima.

No índice de seleção IM os ganhos genéticos foram de 58,43% para as 30 FIC selecionadas. Na aplicação do índice de MM verificou-se um aumento substancial nos ganhos totais com famílias de maracujazeiro azedo alcançando ganho de 85,79% (Tabela 12). Assim, o índice de MM foi o que proporcionou o maior ganho em comparação ao de SH e o IM.

Ferreira (2013), também comparou os índices de SH, MM e IM para o maracujazeiro azedo e o índice de MM proporcionou os maiores ganhos chegando a 181,68%. Pedrozo et al. (2009) compararam a eficiência os índices de seleção o clássico, multiplicativo e com base na soma de ranks, a partir de componentes de variância e valores genotípicos preditos pela metodologia REML/BLUP, em três populações de primeira geração clonal de cana-de-açúcar, concluíram que o índice multiplicativo foi o que mostrou maior eficiência de seleção.

Resende et al. (2014) estimaram a divergência genética entre acessos de algodoeiro e classificaram os melhores com base no índice de seleção de MM. Esses autores afirmaram que o índice de MM foi o mais promissor para a seleção simultânea para as características de fibra do algodoeiro.

Tabela 12. Ranqueamento das 30 FIC com base nos ganhos genéticos esperados, utilizando os índices clássico (SH), Mulamba e Mock (MM) e multiplicativo (IM) para 13 características. Tangará da Serra-MT, 2015

Ordem	Índice de seleção <sup>1/</sup>															
	SH PA 1		SH PA 2		SH PA 3		SH PA 4		SH PA 5		SH PA 6		MM		IM	
	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %
1	38	18,59	38	15,80	38	18,24	38	15,91	38	21,61	38	21,65	2	85,79	1	58,43
2	51	18,14	61	15,77	51	18,06	61	15,89	51	21,31	51	21,35	38	65,24	118	58,25
3	110	17,96	51	15,73	61	17,94	51	15,85	110	21,04	110	21,08	42	58,90	51	57,58
4	61	17,79	110	15,53	110	17,77	110	15,66	61	20,88	61	20,91	76	54,84	92	55,88
5	80	17,58	80	15,28	80	17,52	80	15,40	80	20,62	80	20,66	110	51,68	68	54,73
6	22	17,00	22	14,77	22	16,96	22	14,89	22	20,00	22	20,04	58	49,59	63	53,92
7	72	16,38	72	14,13	72	16,28	72	14,24	72	19,26	72	19,29	99	48,05	72	53,08
8	68	15,77	70	13,59	68	15,64	70	13,70	68	18,52	68	18,56	68	46,77	70	52,41
9	70	15,18	68	13,14	70	15,12	68	13,24	70	17,86	70	17,89	119	44,98	110	51,42
10	92	14,69	18	12,71	92	14,60	18	12,82	92	17,28	92	17,31	7	43,47	109	50,54
11	113	14,24	113	12,33	113	14,17	113	12,43	113	16,77	113	16,80	80	42,21	38	49,46
12	52	13,86	92	12,00	52	13,77	92	12,10	52	16,32	52	16,35	1	41,09	52	48,53
13	64	13,48	52	11,70	64	13,40	52	11,79	64	15,88	64	15,91	77	40,11	119	47,66
14	118	13,16	64	11,41	118	13,07	64	11,50	118	15,50	118	15,53	94	39,28	100	46,65

Continua...

Continuação Tabela 12

Ordem	Índice de seleção <sup>1/</sup>															
	SH PA 1		SH PA 2		SH PA 3		SH PA 4		SH PA 5		SH PA 6		MM		IM	
	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %	FIC	GS %
15	77	12,85	118	11,16	48	12,76	118	11,25	48	15,13	48	15,16	72	38,48	15	45,69
16	48	12,56	48	10,91	77	12,47	48	11,00	77	14,80	77	14,83	3	37,77	11	44,78
17	15	12,31	77	10,68	15	12,21	77	10,76	15	14,50	15	14,53	50	37,15	48	43,83
18	109	12,06	15	10,47	109	11,97	15	10,55	109	14,22	109	14,24	82	36,54	76	42,94
19	94	11,84	109	10,27	63	11,74	109	10,35	63	13,95	63	13,98	14	35,98	80	42,05
20	63	11,63	63	10,09	94	11,52	63	10,17	94	13,69	94	13,72	4	35,43	61	41,17
21	76	11,42	94	9,91	76	11,30	94	9,99	76	13,43	76	13,45	52	34,91	29	40,35
22	69	11,22	76	9,72	69	11,10	69	9,80	69	13,19	69	13,21	28	34,44	64	39,49
23	43	11,01	69	9,56	43	10,90	76	9,63	43	12,95	43	12,97	23	33,92	30	38,59
24	116	10,81	43	9,40	116	10,70	43	9,48	116	12,71	116	12,74	69	33,36	101	37,76
25	30	10,63	30	9,23	30	10,52	116	9,31	30	12,50	30	12,52	15	32,80	22	36,97
26	3	10,46	116	9,08	18	10,34	30	9,15	3	12,29	3	12,31	85	32,24	113	36,23
27	82	10,29	4	8,93	3	10,18	4	9,00	82	12,08	82	12,11	30	31,66	78	35,44
28	4	10,13	3	8,79	4	10,02	3	8,86	4	11,89	4	11,91	92	31,12	18	34,70
29	17	9,96	82	8,66	82	9,87	82	8,73	17	11,70	17	11,72	81	30,62	3	33,98
30	33	9,80	17	8,53	17	9,72	17	8,60	33	11,51	33	11,53	36	30,07	58	33,26

<sup>1/</sup> Smith e Hazel (SH) PA 1 (20, 100, 10), PA 2 (500, 500, 250), PA 3 (500, 1000, 500), PA 4 (1000, 1000, 500), PA 5 (1000, 5000, 500) e PA 6 (2000, 10000, 1000), Mulamba e Mock (MM), multiplicativo (IM).

No índice de coincidência entre os índices de seleção via modelos mistos observou-se porcentagem de 40,74 a 100% (Tabela 13). Os índices de seleção que menos coincidiram as FIC foram entre MM e IM com 40,74%. A coincidência de 100% foi no índice de SH PA 3 com PA 2 e PA 4.

Tabela 13. Índice de coincidência das 30 FIC selecionadas de maracujazeiro azedo pelos índices de seleção via modelos mistos. Tangará da Serra-MT, 2015

Índice de seleção <sup>1/</sup>	SH PA 2	SH PA 3	SH PA 4	SH PA 5	SH PA 6	MM	IM
SH PA 1	96,30	96,30	96,30	96,30	96,30	48,15	62,96
SH PA 2		100,00	100,00	96,30	96,30	48,15	66,67
SH PA 3			100,00	96,30	96,30	48,15	66,67
SH PA 4				96,30	96,30	48,15	66,67
SH PA 5					96,30	48,15	62,96
SH PA 6						48,15	62,96
MM							40,74

<sup>1/</sup>Smith e Hazel (SH) PA 1 (20, 100, 10), PA 2 (500, 500, 250), PA 3 (500, 1000, 500), PA 4 (1000, 1000, 500), PA 5 (1000, 5000, 500) e PA 6 (2000, 10000, 1000), Mulamba e Mock (MM), multiplicativo (IM).

## 5. CONCLUSÕES

Evidenciou-se o progresso genético na formação de uma população elite e adaptada a região do cerrado mato-grossense para as características número de fruto de 47.719,13 un ha<sup>-1</sup> e a produtividade de 9.019,54 kg ha<sup>-1</sup>.

Para os índices de seleção não paramétricos os ganhos simultâneos foram satisfatórios e equilibrados para o índice de Mulamba e Mock e distância genótipo ideótipo utilizando os pesos econômicos coeficiente de variação genético, desvio padrão genético e peso aleatório.

O índice de seleção paramétrico não restrito de Willians utilizando os pesos econômicos herdabilidade, coeficiente de variação genético, desvio padrão genético e peso aleatório proporcionou maiores ganhos que os índices de Smith e Hazel e Pesek e Baker.

Para o índice de Kempthorne e Nordskog a restrição somente na característica massa de fruto permitiu ganhos maiores do que a restrição em massa de fruto e acidez total titulável simultaneamente.

No índice de Tallis o aumento do valor da restrição da covariância entre os escores do índice e o valor genético da característica massa de fruto promoveu ganho proporcional, porém de valor irrisório.

No índice de James a restrição de ganho igual a 100 para a característica produtividade apresentou o maior ganho em comparação aos demais valores de restrição de ganho.

A adição das restrições propostas por Tallis e James não foram eficientes ao aumentar o ganho em relação ao índice Kempthorne e Nordskog, visto que os ganhos entre eles foram semelhantes.

Os índices de seleção paramétricos restritos de Kempthorne e Nordskog, Tallis e James com pesos aleatórios foram mais eficientes no aumento dos ganhos genéticos do que os índices de seleção não paramétricos de Mulamba e Mock, distância genótipo ideótipo, índice multiplicativo e Elston e os paramétricos não restritos de Smith e Hazel, Willians e Pesek e Baker.

Na comparação dos pesos econômicos para o índice de Smith e Hazel via modelos mistos, observou-se que os pesos 2000, 10000, 1000 para as características

número de fruto, produtividade e massa de fruto, respectivamente, proporcionou o maior ganho genético.

Nos índices de seleção via modelos mistos o de Mulamba e Mock apresentou o maior ganho de seleção comparado ao Smith e Hazel e o índice multiplicativo.

## 6. REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

- ABREU, S. de P. M.; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; SOUSA, M. A. de F. Características físico-químicas de cinco genótipos de maracujazeiro-azedo cultivados no Distrito Federal. **Revista Brasileira Fruticultura**, 31: 487-491, 2009.
- ARAÚJO, R. da C. **Produção, qualidade de frutos e teores foliares de nutrientes no maracujazeiro amarelo em resposta a nutrição potássica**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 103p. (Tese - Doutorado em fitotecnia).
- ASSOCIATION OF OFFICIAL AGRICULTURE CHEMISTS. **Official methods of analysis of the association of official analytical chemistry**. Arlington: Washington, 1990. p.910-928.
- ASSUNÇÃO, M.; KRAUSE, W.; DALLACORT, R.; SANTOS, P. R. J. dos; NEVES, L. G. Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP. **Revista Caatinga**, 28: 57-63, 2015.
- BÁRBARO, I. M.; CENTURION, M. A. P. da C.; MAURO, A. O. di; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. **Revista Ceres**, 54: 250-261, 2007.
- BHERING, L. L.; LAVIOLA, B. G.; SALGADO, C. C.; SANCHEZ, C. F. B.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A. Genetic gains in physic nut using selection indexes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47: 402-408, 2012.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 1ed. Viçosa: UFV, 2001. 500p.
- BORGES, A. L.; CALDAS, R. C.; LIMA, A. de A. Doses e fontes de nitrogênio em fertirrigação no cultivo do maracujá-amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 28: 301-304, 2006.
- BOURDON, R. M. **Understanding animal breeding and genetics**. 1ed. Nova York: Prentice-Hall, 1997. 523p.
- BRAGA, M. F.; JUNQUEIRA, N. T. V.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; JUNQUEIRA, K. P. Maracujá-doce: melhoramento genético e germoplasma. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Ed.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2005. p.601-616.
- BRUCKNER, C. H.; MELETTI, L. M. M.; OTONI, W. C.; ZERBINI JÚNIOR, F. M. Maracujazeiro. In: BRUCKNER, C. H. (Ed.). **Melhoramento de fruteiras tropicais**. Viçosa: UFV, 2002. p.373-410.

BRUCKNER, C. H.; PIKANÇO, M. C. **Maracujá**: tecnologia de produção, pós colheita, agroindústria, mercado. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2001. 472p.

CAVALCANTE, N. R. **Seleção precoce e avaliação de genótipos melhorados de maracujazeiro azedo**. Tangará da Serra: Universidade do Estado de Mato Grosso, 2015. 88p. (Dissertação - Mestrado em genética e melhoramento).

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**, 4: 254-266, 1948.

COTTERILL, P. P.; DEAN, C. A.; JACKSON, N. **Handbook of applied index selection**. 1 ed. Canberra: CSIRO, 1989. v. 1, p.138.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2014. v. 2, 668p.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. v.1, 514p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes – Biometria**. 1ed. Viçosa: UFV, 2006, v. 1, 668p.

DOURADO NETO, D. Principles of crop modeling and simulation. I. Uses of mathematical models in agriculture science. **Scientia Agricola**, 55: 46-50, 1998.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, 19: 85-97, 1963.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2006. 306p.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. Pesquisa e desenvolvimento do maracujá. In: ALBUQUERQUE, A. C. S.; SILVA, R. C. (Eds.). **Agricultura Tropical: quatro décadas de inovações tecnológicas, institucionais e políticas**. 1 ed. Brasília: Embrapa, 2008. p. 411-416.

FARIA, L. C.; QUEIROZ, S. A.; LÔBO, R. B.; BUZANSKAS, M. Análise genética de características reprodutivas na raça Brahman. **Archivos de zootecnia**, 61, 236, p. 567, 2012.



FARIAS NETO, J. T. de; RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, M. do S. P. de. Seleção simultânea em progênies de açaizeiro irrigado para produção e peso do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 33: 532-539, 2011.

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

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: Macmillan, 1987. v.1, 536p.

FERREIRA, R. T. **Melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis*. Sims) via seleção recorrente e modelos mistos**. Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2013. 119p. (Tese – Doutorado em genética e melhoramento).

FERREIRA, F. M.; NEVES, L. G.; BRUCKNER, C. H.; VIANA, A. P.; CRUZ, C. D.; BARELLI, M. A. A. Formação de supercaracteres para seleção de famílias de maracujazeiro amarelo. **Acta Scientiarum Agronomy**, 32: 247-254, 2010.

FISHER, B. A. The correlation between relatives on the supposition of Medelian Inheritance. **Royal Society**, 52: 399-433, 1918.

FREITAS, J. P. X. de; OLIVEIRA, E. J. de; JESUS, O. N de; NETO, A. J. DA C.; SANTOS, L. R. dos. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro-amarelo com uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47: 393-401, 2012.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, A. L. de Comparação de Índices de Seleção não Paramétricos para a Seleção de Cultivares. **Bragantia**, 58: 253-267, 1999.

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

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

HANSON, W. D. Heritability. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. (eds.) **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: National Academy of Science - National Research Council, 1963. p.125-139.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 2010. 663p.

HAZEL, H. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, 28: 476-490, 1943.

HAMBLIN, J.; ZIMMERMAN, M. J. O. Breeding common bean for yield mixtures. **Plant Breeding Reviews**, 4: 245-272, 1986.

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

HELMS, T. C.; HALLAUER, A. R.; SMITH, S. O. Genetic variability estimates in improved and unimproved Iowa stiff stalk synthetic maize populations. **Crop Science**, 29: 959-962, 1989.

HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Journal American Society of Agronomy**, 37: 134-145, 1945.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – IBGE. **Quantidade produzida, valor da produção, área plantada e área colhida da lavoura permanente no ano de 2014**. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br>. Acesso em: 06, novembro, 2015.

JAMES, J. W. Index selection with restrictions. **Biometrics**, 24: 1015-1018, 1968.

KEMPTHORNE, O.; NORDSKOG, A. W. Restricted selection indexes. **Biometrics**, 1: 10-19, 1959.

KRAUSE, W.; NEVES, L. G.; VIANA, A. P.; ARAÚJO, C. A. T.; FALEIRO, F. G. Produtividade e qualidade de frutos de cultivares de maracujazeiro-amarelo com ou sem polinização artificial. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47: 1737-1742, 2012.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. da S.; SANTOS, V. da S.; SILVA, S. de O. E; PEIXOTO, C. P. Seleção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. **Bragantia**, 69: 525-534, 2010.

LINHALES, H. **Seleção em famílias de irmãos completos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis Sims f. flavicarpa* Deg.) no segundo ano de produção**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2007. 76p. (Dissertação – Mestrado em fitotecnia).

MARCHIORI, V. S.; CARVALHO, F. I. F. DE; OLIVEIRA, A. C. DE; LORENCETTI, C. BENIN, G.; SILVA, J. A. G. DA; KUREK, A. J.; HHARTWIG, I. Herdabilidade e correlações para caracteres de panícula em populações segregantes de aveia. **Revista Brasileira de Agrociência**, 9: 323-328, 2003.

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

MEDEIROS, S. A. F. de; YAMANISHI, O. K.; PEIXOTO, J. R.; PIRES, M. C.; JUNQUEIRAS, N. T.; RIBEIRO, J. G. B. L. Caracterização físico-química de progênies de maracujá-roxo e maracujá-azedo cultivados no Distrito Federal. **Revista Brasileira Fruticultura**, 31: 492-499, 2009.

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

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

MIRANDA FILHO, J. B. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho**. 2 ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987, p.620-650.

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

NEVES, L. G.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; VIANA, A. P.; BARELLI, M. A. A. Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracujazeiro-amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 33: 1322-1330, 2011.

OLIVEIRA, N. S.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; SILVA, D. O.; PASTORIZA, R. J. G.; MELO, R. A.; SILVA, J. W.; MENEZES, D. Seleção e parâmetros genéticos de progênies de coentro tolerantes ao calor. **Horticultura Brasileira**, 33: 319-323, 2015.

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

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**, 37: 159-165, 2002.

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

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

PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente, I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 23: 769-780, 1988.

QUINTAL, S. S. R. **Melhoramento da goiabeira *Psidium guajava* via metodologia de modelos mistos**. Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2013. 193p. (Tese - Doutorado em Produção Vegetal).

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na Agropecuária**. 4ed. Lavras: UFLA, 2008. 463p.

REIS, R. V.; OLIVEIRA, E. J.; VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S. Diversidade genética em seleção recorrente de maracujazeiro-amarelo detectada por marcadores microssatélites, **Revista Brasileira de Fruticultura**, 46: 51–57, 2011.

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

RESENDE, M. D. V. de. Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. **Manual do usuário**. 1 ed. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359p.

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

SANTIAGO, S. de. **Predição de ganho genético utilizando índices de seleção em linhagens de milho**. São Paulo: Universidade Estadual de São Paulo, 2014. 41p. (Dissertação – Mestrado em Agronomia).

SANTOS, C. E. M. dos. **Controle genético de caracteres e estratégias de seleção no maracujazeiro azedo**. Minas Gerais: Universidade Federal de Viçosa, 2008. 99p. (Tese – Doutorado em genética e melhoramento).

SILVA, M. G. M.; VIANA, A. P.; GONÇALVES, G. M.; AMARAL JUNIOR, A. T.;

- PEREIRA, M. G. Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: Alternativa de capitalização de ganhos genéticos. **Ciência e Agrotecnologia**, 33: 170-176, 2009.
- SILVA, M. G. de M.; VIANA, A. P. Alternativas de seleção em população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 34: 525-531, 2012.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES, M. C. (eds) **Recursos genéticos e melhoramento**: planta. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.
- SOUZA JUNIOR, C. L. Seleção recorrente e desenvolvimento de híbridos. In: **XVII Reunión Latinoamericana del Maiz**, Cartagena de Indias, 1998. Cartagena de Indias: Corpoica/CIMMYT, 1998. p. 37-58.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparisons of intra-interpopulation and modified recurrent selection methods. **Revista Brasileira de Genética**, 16: 91-105, 1993.
- SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, 7: 240-250, 1936.
- SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, 13: 184-186, 1973.
- TALLIS, G. M. A selection index for optimum genotype. **Biometrics**, 18: 120-122, 1962.
- TALLIS, G. M. The sampling errors of estimated genetic regression coefficients and the errors os predicted genetic gains. **Australian Journal Statistics**, 2: 66-77, 1960.
- VIANA, A. P.; GONÇALVES, G. M. Genética quantitativa aplicada ao melhoramento genético do maracujazeiro. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Ed.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2005. p.243-274.
- VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M. Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro-amarelo. **Revista Ceres**, 51: 545-555, 2004.
- WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, 18: 375-393, 1962.