

# SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPOPULACIONAL EM MARACUJAZEIRO-AZEDO VIA MODELOS MISTOS<sup>1</sup>

RULFE TAVARES FERREIRA<sup>2</sup>, ALEXANDRE PIO VIANA<sup>3</sup>,  
FERNANDO HIGINO DE LIMA E SILVA<sup>4</sup>, EILEEN AZEVEDO SANTOS<sup>5</sup>,  
JARDEL OLIVEIRA SANTOS<sup>6</sup>

**RESUMO** - O maracujazeiro pertence ao gênero *Passiflora*, considerado o de maior importância econômica da família Passifloraceae. O objetivo do trabalho foi estimar para o maracujazeiro-azedo parâmetros e valores genotípicos pelo procedimento REML/BLUP em nível de progênie. Foram avaliadas 27 progênies de meios-irmãos oriundas do segundo ciclo de seleção recorrente conduzido na UENF, selecionadas via índice de seleção. As características avaliadas foram: número de frutos por parcela (NF); massa total de frutos por parcela (MTF) e massa média de frutos (MMF). Os valores genéticos foram estimados por meio do *Software* SELEGEN, utilizando o procedimento REML/BLUP. Nas estimativas dos parâmetros genéticos via REML, as duas características ligadas diretamente à produção e, portanto, consideradas as mais importantes, NF e MTF apresentaram estimativas de herdabilidade média de progênies de 0,395 e 0,439, respectivamente. Na seleção e nas estimativas dos ganhos via BLUP, o coeficiente de coincidência revelou concordância do resultado da seleção entre as progênies, mostrando que para as três características avaliadas, as mesmas 8 progênies são superiores para as três características simultaneamente. A metodologia REML/BLUP mostrou-se adequada para a avaliação, possibilitando obter estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos que revelaram a possibilidade de sucesso com a seleção de progênies superiores, com ganhos simultaneamente de 18,02%, 23,08% e 9,65% para NF, MTF e MMF, respectivamente.

**Termos para indexação:** *Passiflora edulis* Sims, modelos mistos, seleção recorrente.

## INTRAPOPOPULATION RECURRENT SELECTION IN SOUR PASSION FRUIT BY MIXED MODELS

**ABSTRACT** – Passion fruit belongs to the family Passifloraceae, and the genus *Passiflora* is regarded the most economically important. The aim of this study was to estimate parameters and genotypic values by REML/BLUP method in level of progenies. A total of 27 half-sib progenies of the sour passion fruit derived from the second cycle of recurrent selection conducted in UENF, selected by the selection index were evaluated. The characteristics evaluated were: number of fruits (NF), total fruit mass (TFM) and fruit average mass (FAM). Breeding values were estimated by the Software SELEGEN using the procedure REML/BLUP. In the estimates of genetic parameters by REML, both characteristics directly linked to production and thus considered the most important (NF and TFM) showed average heritability estimates of progenies of 0.395 and 0.439, respectively. The selection and BLUP estimates of earnings by the coefficient of coincidence revealed agreement of the results of the selection among the progenies, showing that for all traits the same 8 progenies are superior to the three characteristics simultaneously. The REML/BLUP methodology was adequate for evaluation, allowing to obtain estimates of genetic and phenotypic parameters revealed that the possibility of successful selection of superior progenies, simultaneously with gains of 18.02%, 23.08% and 9.65% for NF, TFM and FAM, respectively.

**Index terms:** *Passiflora edulis* Sims., mixed models, recurrent selection.

<sup>1</sup>(Trabalho 260-14). Recebido em: 23-09-2014. Aceito para publicação em: 20-05-2015.

<sup>2</sup>Engenheiro Agrônomo. Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro UENF, Av. Alberto Lamego, 2000, Parque Califórnia, Campos dos Goytacazes - RJ, 28013-602. E-mail: rulfetf@yahoo.com.br

<sup>3</sup>Engenheiro Agrônomo. Professor Associado da UENF. E-mail: pirapora@uenf.br

<sup>4</sup>Engenheiro Agrônomo. Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas pela UENF. E-mail: fernandohiginolima@gmail.com

<sup>5</sup>Bióloga. Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas pela UENF. E-mail: eileenazevedo@yahoo.com.br

<sup>6</sup>Biólogo. Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas pela UENF. E-mail: jrdl\_2@yahoo.com.br

## INTRODUÇÃO

O maracujazeiro pertence ao gênero *Passiflora*, que é considerado o mais importante da família Passifloraceae. Dentre as espécies cultivadas do gênero, destaca-se *Passiflora edulis* Sims, popularmente conhecida como maracujá-azedo (BERNACCI et al., 2008), que representa aproximadamente 90% dos pomares brasileiros, devido principalmente à sua qualidade, produtividade, vigor e rendimento em suco.

O Brasil é o maior produtor mundial de maracujá-azedo, com uma produção em torno de 923 mil toneladas (IBGE, 2013). Tendo em vista a importância do cultivo dessa fruteira, é de grande relevância o aprimoramento dos trabalhos de melhoramento genético a fim de possibilitar com maior rapidez o desenvolvimento de novas cultivares.

Na cultura do maracujazeiro, existe carência de genótipos adaptados às regiões de cultivo, sendo necessária a adoção de métodos precisos na seleção dos melhores indivíduos. Segundo Cruz e Carneiro (2003), o êxito do melhoramento genético está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos, ou seja, os genitores das próximas gerações. Esta dependência entre eficiência de escolha dos melhores indivíduos e o êxito, torna-se ainda mais pronunciada nas espécies perenes e semiperenes, que apresentam ciclos reprodutivos longos e expressões de diferentes caracteres por possíveis alterações dos genes controladores ao longo das várias idades. Assim, a utilização de métodos que permitam a predição do valor genético de um indivíduo por intermédio de suas características fenotípicas torna-se uma alternativa promissora.

Para esse fim, a avaliação genética com base em modelos mistos do tipo REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/ melhor predição linear não viesada) tem merecido atenção especial dos pesquisadores. A metodologia dos modelos mistos caracteriza-se por um modelo que apresenta tanto fatores de efeitos fixos como aleatórios, além do erro experimental e da constante  $\mu$ , possibilitando modelar, simultaneamente, os efeitos fixos e aleatórios (RESENDE, 2004). Assim, é possível obter estimativas para os efeitos fixos e predições para os efeitos aleatórios. Para o último, o mais utilizado, atualmente, é o BLUP.

O procedimento BLUP maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior ou, pelo menos, igual a qualquer outro método (FARIAS NETO et al., 2009). O BLUP tem sido usado no melhoramento de fruteiras para a seleção de progênies e/ou indivíduos em goiabeira (QUINTAL, 2013), pequi

(GIORDANI et al., 2012), pessegueiro (BRUNA et al., 2012), açaizeiro (FARIAS NETO et al., 2011) e coqueiro (FARIAS NETO et al., 2009).

O presente trabalho objetivou estimar, em uma população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional, parâmetros e valores genotípicos pelo procedimento REML/BLUP em nível de progênie.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi implementado no ano de 2009, na área de experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, região norte do Estado do Rio de Janeiro, com latitude 21° 45' S, longitude 41° 20' W e 11 m de altitude. O sistema de condução foi o de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m, espaçados de 4 metros e com um fio de arame número 12 a partir de 1,80 m do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 m a fim de possibilitar a mobilização de máquinas dentro do experimento. Os tratamentos culturais foram os recomendados para a cultura do maracujazeiro.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados. Por questões de exequibilidade o experimento foi conduzido em três repetições e com parcelas constituídas de cinco plantas. Foram avaliadas 27 progênies de meios-irmãos resultantes da recombinação de 30% das melhores progênies das 140 progênies de irmãos completos selecionadas via índice de seleção, no segundo ciclo de seleção recorrente (SILVA et al., 2009). Esta recombinação foi feita utilizando meios-irmãos maternos, onde a mãe foi a própria progênie selecionada, e o pai foi a mistura de pólen de todas as progênies selecionadas. As progênies avaliadas, desta forma, representam a população de trabalho para a condução do terceiro ciclo de seleção recorrente.

As avaliações das progênies foram realizadas de abril a julho de 2010, mensurando as características quantitativas: número de frutos por parcela (NF); massa total de frutos por parcela (MTF), em kg; e massa média de frutos (MMF), em gramas (g).

Para a variável NF, foram realizadas colheitas semanais e, ao final do período de avaliação (cerca de oito meses), o número de frutos por parcela foi somado. A variável MTF foi obtida através de amostras de dez frutos por parcela, divididos em três coletas ao longo do ciclo produtivo. A variável MMF foi obtida pela relação entre a massa e o número total de frutos por parcela, mensurados semanalmente ao longo do período de avaliação (cerca de oito meses). Para esta variável, a unidade amostral foi composta

de dez frutos por parcela, coletados ao longo dos meses de produção.

As variáveis de massa foram obtidas com auxílio de uma balança digital semi-analítica com precisão de 0,001g, marca Shimadzu.

Os valores genéticos foram estimados por meio do software SELEGEN, utilizando o procedimento REML/BLUP, com relação às características: número total de frutos por planta (NF); massa total de frutos por parcela (MTF), em kg; e massa média de frutos (MMF), em g.

A predição dos valores genéticos segue o modelo misto:

$$Y = Xb + Za + e$$

em que,

Y= Vetor de observações fenotípicas para um caráter;

X= Matriz de incidência para os efeitos fixos;

b = Vetor de efeitos fixos (média geral e efeitos de blocos);

Z = Matriz de incidência para os efeitos genéticos aleatórios;

a = Vetor de efeitos genéticos aleatórios;

e = Vetor de efeitos do erro de natureza aleatória.

As distribuições e estruturas de médias e variâncias foram:

$$y|b, V \sim N(Xb, V)$$

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$e| \sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

$$\text{Cov}(a, c') = 0; \text{Cov}(a, e') = 0; \text{Cov}(c, e') = 0, \text{ ou seja, } e1:$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & R \\ GZ' & G & 0 \\ R & 0 & R \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$G = A \sigma_a^2$$

$$R = I \sigma_e^2$$

$$V = ZA \sigma_a^2 Z'$$

$$I \sigma_e^2 = ZGZ' + R$$

As equações de modelos mistos para estimar os efeitos fixos e prever os efeitos aleatórios pelo procedimento BLUP, apresentados por Resende (2000), foram dadas por:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I^{-1}\lambda_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2}{h^2};$$

As soluções para as equações de modelos mistos foram obtidas por métodos iterativos de resolução de sistemas de equações lineares.

Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmos EM (Expectation-Maximização) foram, e3:

Herdabilidade individual no sentido restrito no bloco.

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

Variância genética aditiva.(e4)

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

Variância residual (e5).

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

,em que:

tr: operador-traço matricial;

r(x): posto da matriz X;

N, q: número total de dados, número de indivíduos, respectivamente; e

C<sup>22</sup> advém de:(e6)

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C_{21} & C_{22} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix},$$

em que:

C: matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos.

Estimador da variância do erro de predição dos valores genéticos.

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

Acurácia da predição dos valores genéticos:

$$r_{aa}^2 = [1 - PEV / \sigma_a^2]^{1/2}$$

Desvio-padrão do erro de predição do valor genético:

$$SEP = [(1 - r_{aa}^2) \sigma_a^2]^{1/2}$$

Varição fenotípica:

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2$$

Coefficiente de variação genética: (e7)

$$CVg\% = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}}$$

Coefficiente de variação experimental:(e8)

$$CVe\% = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\hat{m}}$$

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### *Estimativas dos parâmetros genéticos via REML*

As duas características ligadas diretamente à produção e, portanto, consideradas as mais importantes, número de frutos (NF) e massa total do fruto (MTF), apresentaram estimativas de herdabilidade média de progênies de 0,3952 e 0,4397, respectivamente (Tabela 1).

Valores apresentados por Silva et al. (2009) para estimativas de herdabilidade no sentido amplo de 39,19% (NF) e 28,04% (PT), respectivamente, foram considerados baixos, para uma população estruturada sob o mesmo controle genético. Entretanto, vale ressaltar que tais estimativas foram obtidas pela metodologia dos momentos ou análise de variância, obtendo valores diferentes dos estimados via modelos mistos. Os valores para herdabilidade para NF foram bem próximos, porém para MTF os valores apresentaram certa discrepância. As estimativas de valores de baixa magnitude de herdabilidade podem ocorrer devido à interferência ambiental na característica. Maiores valores de coeficientes de variação residual, como para NF (32,88), indicam serem mais influenciadas pelo ambiente. Sabe-se, porém, que a herdabilidade não é uma característica imutável, sendo uma propriedade não só da característica, mas também da população e das condições ambientais a que a população foi submetida (FALCONER, 1987). As condições experimentais relacionadas ao número de repetições, ao número de plantas por parcela, além de tratos culturais uniformes, também influenciam diretamente nas estimativas de herdabilidade.

Para a característica NF, Linhales (2007) e Silva et al. (2009) observaram estimativas de herdabilidade no sentido amplo de 0,330 e 0,369, respectivamente, mostrando certa concordância nessas estimativas com a obtida neste trabalho.

Para MMF, a herdabilidade média de progênies estimada foi 0,5609, valor próximo aos apresentados em outros trabalhos, cuja estimativa de herdabilidade no sentido amplo variou de 0,56 a 0,70 (VIANA et al., 2004; GONÇALVES et al., 2007; SILVA et al., 2009).

Como as herdabilidades estimadas para NF e MTF foram de magnitudes moderadas ( $0,15 < h^2 < 0,50$ ), indica-se a utilização de métodos mais elaborados de seleção, como o utilizado nesta população (seleção recorrente), salientando-se ainda que os estimadores BLUP são recomendados para as características de baixa herdabilidade e que trazem valores consideráveis de ganho genético na seleção

de indivíduos. A característica MMF, por sua vez, apresentou valor alto ( $h^2 > 0,50$ ).

A herdabilidade aditiva dentro das progênies foi alta para NF (0,65), MTF (0,78), MMF (0,65), demonstrando que há possibilidade de ganho genético maior dentro que entre as progênies avaliadas. Nesse caso, pode-se realizar a seleção entre e dentro de progênies para explorar a variabilidade existente e proporcionar o aumento do ganho genético.

Os valores médios das características de NF e MTF estão aquém dos observados nesta mesma população sob seleção recorrente intrapopulacional, conforme já relatado devido às condições climáticas apresentadas, afetando o potencial produtivo das progênies avaliadas. Para a variável MMF, observaram-se elevações das médias das progênies. Silva et al. (2009) observaram a massa média de frutos de 158,0 g, e esta população, no segundo ciclo de seleção, apresentava peso médio de 165,0 g. Isto destaca o potencial da referida população em obtenção de ganhos genéticos na consecução do programa de melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro-azedo da UENF.

O coeficiente de variação genética (CVg), por ser diretamente proporcional à variância genética, permite ao melhorista ter uma noção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção ao longo de um programa de melhoramento, visto que se espera que quanto maior for o valor da estimativa do CVg, maior seja a variabilidade genética. No entanto, é importante salientar que as variações de ambiente ofuscam as de natureza genética.

Considerando o CVg, a característica MTF apresentou o maior valor (15,81), enquanto para NF e MMF, os valores observados foram 15,35 e 6,80, respectivamente. Nesse sentido, o parâmetro índice de variação ( $I_v$ ) é importante na definição da melhor estratégia de melhoramento para cada característica, pois ele representa a razão entre o CVg e CVe. Através do conhecimento da relação CVg/CVe, é possível identificar os caracteres cuja variação se deve mais a causas genéticas do que a ambientais, e quanto mais próxima de 1,0 for esta relação, maior será a variação devido a causas genéticas (NASCIMENTO et al., 2014). No presente trabalho, foram observados valores para NF, MTF e MMF de 0,466; 0,511 e 0,652, respectivamente.

As características MTF e MMF podem proporcionar maiores ganhos genéticos, uma vez que a magnitude de  $I_v$  foi maior que 0,5, evidenciando maior proporção da variação genética. Por outro lado, NF exibiu valores inferiores a 0,5. Para esta última variável, fica evidenciado maior proporção

de variação ambiental, que é uma situação menos favorável ao melhoramento, mas que pode ser contornada com a utilização de estratégias que visem à redução do efeito ambiental.

Os valores de acurácia encontrados entre 0,62 e 0,74 estão de acordo com a classificação de Resende e Duarte (2007), que classificam esta estatística como muito alta ( $Acgen \leq 0,90$ ), alta ( $0,70 \leq Acgen < 0,90$ ), moderada ( $0,50 \leq Acgen < 0,70$ ) e baixa ( $Acgen < 0,50$ ), considerados moderados para NF e MTF e altos para MMF. Essa alta acurácia indica maior precisão no acesso à variação genética verdadeira a partir da variação fenotípica observada em cada uma das características. A baixa acurácia indica que, para essas características, tem-se menor confiabilidade dos dados, possivelmente pelo fato de a característica ser altamente influenciada pelo ambiente.

### ***Seleção e estimativas dos ganhos via BLUP***

Do total das 27 progêneses avaliadas, 12 progêneses, ou seja, 44,44% apresentaram, para suas novas médias, desempenho superior ao da média para o caráter NF, uma vez que se observaram valores positivos para o efeito genético aditivo. (Tabela 2).

A progênie 20 ocupou a posição 1 no *ranking*, com nova média de 12,36 frutos, aumento de 27,00 % na média geral para o caráter. O segundo melhor ranqueado foi o 11, com nova média de 11,969 frutos, aumento de 24,61% na média geral para o caráter. O último selecionado para a característica NF foi a progênie 17, na posição 12 do *ranking*, com nova média de 10,520, aumento de 14,23% na média geral para o caráter.

Para a característica MTF, de um total de 27 progêneses, 15 progêneses, ou seja, 55,55% das avaliadas, apresentaram, para suas novas médias, desempenho superior ao da média para o caráter MTF (Tabela 3).

A progênie 14 ocupou a posição 1 no *ranking*, com nova média de 2056,95 kg, um aumento de 29,54% na média geral para o caráter. Para a mesma progênie, ao selecionar-se entre blocos (dentro), proporcionaria incremento de 33,22% a mais na média para o caráter MF, se comparada a mesma progênie sem levar em consideração a seleção dentro. Na décima quinta posição no *ranking*, a progênie 9 foi a última selecionada para a característica MTF, com nova média de 1675,29 kg, aumento de 13,49% na média geral para o caráter.

Para a característica massa média de frutos (MMF), das 27 progêneses, 16 progêneses, ou seja, 59,26% das avaliadas, apresentaram para suas novas médias desempenho superior ao da média para o caráter MTF (Tabela 4).

Para a característica MMF, o melhor ranqueado foi o genótipo 25 no bloco 3, com promoção de ganhos de 29,18% na média para o caráter, e o pior foi o 17, com ganhos esperados de 10,39% sobre a média geral para o caráter. As 27 progêneses selecionadas correspondem a 49,38 % do total avaliado.

Os incrementos na média observados vão de 18,24% para o primeiro no *ranking*, a 6,38% para o último selecionado. A penúltima progênie (11) do *ranking*, com nova média de 164,42 kg, proporcionou aumento de 0,72 % na média geral para o caráter. Para a mesma progênie 11, a seleção entre blocos (dentro) proporcionaria incremento de 6,55 % a mais na média para o caráter. Tendo em vista que o progresso esperado com a seleção depende da herdabilidade do caráter, da intensidade de seleção e do desvio-padrão fenotípico do caráter (DUDLEY e MOLL, 1969), os valores obtidos sugerem boas possibilidades de ganho genético, e em maiores proporções, para MMF.

Em seleção de progêneses de *Passiflora* via procedimento REML/BLUP individual, para rendimento, vitamina C, sólidos solúveis totais e de tamanho médio do fruto, Paiva et al. (2007) apresentaram resultados indicando a seleção de 39% das progêneses (seleção entre progêneses) e 11% das plantas (seleção dentro de progêneses).

Farias Neto et al. (2008), em trabalho visando a obter estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em cinquenta progêneses de polinização aberta de açaizeiro, utilizando a metodologia BLUP/REML, com base nos caracteres altura do primeiro cacho, peso total do cacho, peso total de frutos, número de cachos, peso médio do cacho, comprimento médio da ráquis, número médio de ráquias, número de perfilhos e peso médio de cem frutos, observaram a possibilidade de ganho genético considerável de 45,33% em relação à média do experimento com a seleção dos 20 melhores indivíduos para o caráter produção total de frutos.

O coeficiente de coincidência da nova média e de seu incremento para as características NF, MTF e MMF apresenta-se na Tabela 5.

Tendo em vista que o coeficiente de coincidência revela a concordância do resultado da seleção entre as progêneses, observou-se que, para as três características avaliadas, as mesmas oito progêneses são superiores para essas características simultaneamente. Selecionando-se as oito progêneses coincidentes para os três caracteres, obtém-se incremento de 18,02%, 23,08% e 9,65% para NF, MTF e MMF, respectivamente.

Embora tenha sido encontrada alta concordância entre as características NF e MTF,

na ordem de 86,66%, optou-se por utilizar as informações das três características para efetuar a seleção, visto que a característica MMF, associada à melhor qualidade do fruto, está relacionada com

melhor remuneração pelos frutos, podendo alcançar preços até 150% maiores que os obtidos com a comercialização de frutos de classes inferiores (MELETTI et al., 2001).

**TABELA 1-** Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de progênies de meios-irmãos de maracujazeiro- azedo para as características número de frutos (NF), massa total de frutos por parcela (MTF), em kg, e massa média de frutos (MMF), em gramas, em Campos dos Goytacazes-RJ.

Estimativa <sup>(1)</sup>	NF	MTF	MMF
$\sigma_a^2$	7,673	210084,500	493,533
$h_{mp}^2$	0,395	0,439	0,560
$h_{ad}^2$	0,653	0,784	0,651
$CV_a$	30,700	31,625	13,608
$CV_g$	15,350	15,812	6,804
$CV_e$	32,884	30,916	10,427
IV	0,466	0,511	0,652
PEV	1,160	29427,110	54,176
$\sigma$	1,077	171,543	7,360
$A_{cprog}$	0,628	0,663	0,748
Média	9,023	1449,298	163,243

$\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $h_{mp}^2$ : herdabilidade média de progênies;  $h_{ad}^2$ : herdabilidade aditiva dentro de progênie;  $CV_a$ : coeficiente de variação aditiva;  $CV_g$ : coeficiente de variação genética;  $CV_e$ : coeficiente de variação residual; IV: coeficiente de variação relativa (IV); PEV: variância do erro dos valores genotípicos;  $\sigma$ : desvio-padrão dos valores genotípicos;  $A_{cprog}$ : acurácia de seleção; Média: média geral.

**TABELA 2-** Ordenação de 27 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro-azedo via componentes de média para o caráter número de frutos (NF).

Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média
1	20	3,340	3,340	12,360
2	11	2,550	2,946	11,969
3	6	2,080	2,661	11,684
4	8	2,080	2,518	11,541
5	14	1,990	2,412	11,435
6	2	1,890	2,326	11,349
7	1	1,460	2,202	11,226
8	10	1,390	2,102	11,125
9	5	1,360	2,020	11,043
10	3	0,770	1,895	10,918
11	18	0,540	1,772	10,795
12	17	0,210	1,642	10,665
13	27	-0,240	1,497	10,520
14	22	-0,347	1,365	10,388
15	4	-0,413	1,246	10,269
16	9	-0,413	1,142	10,166
17	25	-0,677	1,035	10,058
18	16	-0,907	0,927	9,951
19	13	-1,006	0,826	9,849
20	21	-1,105	0,729	9,752
21	7	-1,368	0,629	9,652
22	15	-1,430	0,535	9,558
23	24	-1,467	0,448	9,471
24	19	-1,731	0,357	9,380
25	12	-2,455	0,245	9,268
26	26	-2,884	0,124	9,148
27	23	-3,246	0,000	9,023

a= efeito genético aditivo

**TABELA 3-** Ordenação de 27 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro-azedo via componentes de média para o caráter massa total de frutos (MTF), em gramas.

Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova média
1	14	607,650	607,655	2056,950
2	6	489,138	548,396	1997,690
3	20	488,405	528,399	1977,698
4	10	313,846	474,761	1924,059
5	5	292,675	438,344	1887,642
6	3	256,216	407,989	1857,288
7	1	192,866	377,257	1826,556
8	11	180,367	352,646	1801,944
9	8	141,001	329,130	1778,428
10	25	113,475	307,564	1756,863
11	18	109,485	289,557	1738,856
12	17	86,176	272,609	1721,907
13	2	75,509	257,447	1706,746
14	22	26,307	240,937	1690,236
15	9	16,780	225,993	1675,292
16	16	-146,640	202,704	1652,002
17	15	-147,335	182,113	1631,411
18	21	-157,249	163,26	1612,558
19	24	-169,423	145,750	1595,048
20	27	-204,090	128,258	1577,556
21	4	-237,149	110,858	1560,156
22	19	-255,633	94,199	1543,497
23	7	-279,044	77,971	1527,269
24	13	-296,225	62,379	1511,678
25	12	-467,384	41,189	1490,487
26	26	-481,227	21,096	1470,394
27	23	-548,506	0,000	1449,298

a= efeito genético aditivo

**TABELA 4-** Ordenação de 27 progênies de meios irmãos de maracujazeiro-azedo via componentes de média para o caráter massa média de frutos (MMF).

Ordem	Progênie	a	Ganho	Nova Média
1	25	36,433	36,433	199,676
2	14	23,210	29,822	193,064
3	15	17,572	25,738	188,981
4	3	14,873	23,022	186,265
5	24	14,650	21,348	184,591
6	22	9,813	19,425	182,668
7	19	8,240	17,827	181,070
8	6	8,227	16,627	179,870
9	26	8,146	15,685	178,928
10	16	8,076	14,924	178,167
11	9	7,508	14,250	177,493
12	5	6,418	13,597	176,840
13	10	5,662	12,987	176,230
14	17	4,042	12,348	175,591
15	18	2,910	11,719	174,962
16	23	2,209	11,124	174,367
17	21	-0,832	10,421	173,664
18	12	-2,344	9,712	172,955
19	1	-6,672	8,849	172,092
20	7	-7,116	8,051	171,294
21	20	-12,058	7,093	170,336
22	27	-17,090	5,994	169,237

continua...

continuação...				
23	4	-21,344	4,806	168,048
24	8	-25,695	3,535	166,778
25	13	-26,571	2,330	165,573
26	11	-27,482	1,184	164,427
27	2	-30,787	0,000	163,243

a= efeito genético aditivo

**TABELA 5-** Coeficiente de coincidência da nova média e seu incremento para as características número de frutos (NF), massa total de frutos (MTF) e massa média de fruto (MMF) para as 15 melhores progênies de maracujazeiro-azedo ranqueadas via BLUP.

	Características			Coef. de coincidência (%)
	NF	MMF	MTF	
<b>Progênies</b>	1, 2, 3, 4, 5, 6, 8 10, 11, 14, 17 18, 20, 22, 27	1, 2, 3, 5, 6, 8 9, 10, 11, 14 17, 18, 20, 22, 25	3, 5, 6, 9, 10, 14 15, 16, 17, 18 19, 22, 24, 25, 26	53,33
<b>Nova média</b>	11,007	1884,327	180,686	
<b>Incremento (%)</b>	18,024	23,086	9,654	

## CONCLUSÕES

A análise do experimento via metodologia REML/BLUP e o modelo apresentado mostraram-se adequados para a avaliação do maracujazeiro-azedo.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos revelaram a possibilidade de sucesso com a seleção de progênies superiores para a consecução do programa de melhoramento.

## AGRADECIMENTOS

À FAPERJ e ao CNPq, pelo apoio financeiro na condução do experimento, e à CAPES, pela concessão da bolsa de doutorado para o primeiro autor.

## REFERÊNCIAS

BERNACCI, L.C.; SOARES-SCOTT, M.D.; JUNQUEIRA, N.T.V.; PASSOS, I.R.S.; MELETTI, L.M.M. Revisão *Passiflora edulis* Sims: the correct taxonomic way to cite the yellow passion fruit (and of others colors), **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.30, p.566-576, 2008.

BRUNA, E.D.; MORETO, A.L.; DALBO, M.A. Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.34, p.206-215, 2012.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2003. 585 p.

DUDLEY, J.W.; MOLL, R.H. Interpretation and use of estimation of heritability and genetic variance in plant breeding. **Crop Science**, Madison, v.2, n.3, p.257-262, 1969.

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

FARIAS NETO, J.T.; LINS, P.M.P.; RESENDE, M.D.V.de; MULLER, A.A. Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.31, n.1, p.190-196, 2009.

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

FARIAS NETO, J.T.; RESENDE, M.D.V.de; OLIVEIRA, M.S.P. Seleção simultânea em progênies de açaizeiro irrigado para produção e peso de fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.33, n.2, p.532-539, 2011.



- GIORDANI, S.C.O.; FERNANDES, J.S.C.; TITON, M.; SANTANA, R.C. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento em pequizeiro em estágio precoce. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v.43, n.1, p.146-153, 2012.
- GONÇALVES, M.G.; VIANA, A.P.; BEZERRA NETO, F.V.; PEREIRA, M.G.; PEREIRA, T.N.S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, p.193-198, 2007.
- IBGE. Sistema IBGE de recuperação automática – Sidra. **Produção agrícola municipal**: produção de maracujá. 2013. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/>>. Acesso em: 15 jan. 2013.
- LINHALES, H. **Seleção em famílias de irmãos completos de maracujazeiro amarelo** (*Passiflora edulis Sims f. flavicarpa Deg.*) no segundo ano de produção. 2007. 72 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.
- MELETTI, L.M.M.; BRUCKNER, C.H. Melhoramento genético. In: BRUCKNER, C.H.; PICANÇO, M.C. **Maracujá**: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2001. p.345-385.
- PAIVA, J.R.; CORDEIRO, E.R.; CORREA, M.C.M.; RESENDE, M.D.V. de. Acerola plant selection and breeding value prediction in second selection cycle progénies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, n.7, p.125-132, 2007.
- QUINTAL, S.S.R. **Melhoramento da goiabeira P. guajava via metodologia de modelos mistos**. 2013. 181f. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2013.
- RESENDE, M.D.V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Floresta, 2004. 57p. (Documentos, 100).
- RESENDE, M.D.V. de. **Análise estatística de modelos mistos via REML/Blup na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Documentos, 47).
- RESENDE, M.D.V. de; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.37, p.182-194, 2007.
- 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**, Lavras, v.33, p. 170-176, 2009.
- VIANA, A.P.; PEREIRA, T.N.S.; PEREIRA, M.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SOUZA, M.M.; MALDONADO, J.F.M. Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro amarelo. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v.51, n.297, p.541-551, 2004.