



Revista Ciência Agronômica

ISSN: 0045-6888

ccarev@ufc.br

Universidade Federal do Ceará

Brasil

Grillo Neves, Leonarda; Horst Bruckner, Claudio; Damião Cruz, Cosme; Pimentel Duarte, Leonardo;  
Krause, Willian

Predição de ganhos genéticos utilizando o Delineamento I em população de maracujazeiro

Revista Ciência Agronômica, vol. 42, núm. 2, abril-junio, 2011, pp. 495-501

Universidade Federal do Ceará

Ceará, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=195318915032>

- ▶ Como citar este artigo
- ▶ Número completo
- ▶ Mais artigos
- ▶ Home da revista no Redalyc

 redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal  
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

## Predição de ganhos genéticos utilizando o Delineamento I em população de maracujazeiro<sup>1</sup>

Genetic gain prediction using the Design I in a population of yellow passion fruit

**Leonarda Grillo Neves<sup>2\*</sup>, Claudio Horst Bruckner<sup>3</sup>, Cosme Damião Cruz<sup>4</sup>, Leonardo Pimentel Duarte<sup>5</sup> e Willian Krause<sup>6</sup>**

**Resumo** - Objetiva avaliar o potencial da população de maracujazeiro em relação às características agronômicas e estimar parâmetros genéticos para fins de predição de ganhos e ainda avaliar as respostas à seleção e os ganhos, a partir das alternativas de seleção. Foram estudadas alternativas de seleção do Delineamento I no maracujazeiro amarelo: seleção entre machos, de fêmeas/machos (todos os machos), entre fêmeas (independente de machos), de fêmeas/machos selecionados, e de seleção combinada. Ficou evidenciada a presença de variabilidade genética na população, o que é bastante favorável ao melhoramento, na medida em que a heterogeneidade genética possibilita a obtenção de ganhos por meio de seleção. Em todas as características de produção avaliadas, a seleção combinada (SC) foi a que proporcionou os maiores ganhos de seleção.

**Palavras-chave** - *Passiflora edulis* Sims - Seleção. *Passiflora edulis* Sims - Parâmetros genéticos.

**Abstract** - This study aimed to evaluate the potential population of passion for agronomic traits and to estimate genetic parameters for prediction of earnings. And still evaluating responses to selection and the earnings from the alternative selection. Were studied in this work, alternative selection of Design I in passion fruit: selection among males, females and males (all males) among females (independent of males), females and males selected, and combined selection. This disclosed the presence of genetic variability in the population, which is quite favorable to the improvement in that the genetic heterogeneity possible to obtain gains through selection. In all production characteristics evaluated, the combined selection (CS) was the one that gave greater selection gains.

**Key words** - *Passiflora edulis* Sims - Selection. *Passiflora edulis* Sims - Genetic parameteres.

\*Autor para correspondência

<sup>1</sup>Recebido para publicação em 16/09/2010; aprovado em 28/03/2011

Parte da tese de doutorado apresentada ao curso de pós graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa - UFV, para obtenção do grau de doutora em Genética e Melhoramento

<sup>2</sup>Departamento de agronomia da UNEMAT, Av. São João s/n, Cáceres-MT, Brasil, 78.200-000, leonardaneves@unemat.br

<sup>3</sup>Programa de Pós graduação em Genética e Melhoramento da UFV, Viçosa-MG, Brasil, bruckner@ufv.br

<sup>4</sup>Programa de Pós graduação em Genética e Melhoramento da UFV, Viçosa-MG, Brasil, cdruz@ufv.br

<sup>5</sup>Programa de Pós graduação em Genética e Melhoramento da UFV, Viçosa-MG, Brasil, agropimentel@yahoo.com.br

<sup>6</sup>Departamento de agronomia da UNEMAT, Cáceres-MT, Brasil, krause@unemat.br

## Introdução

O Brasil ocupa a posição de maior produtor e consumidor mundial de maracujá amarelo, sendo cultivado, no país, de acordo com estimativas do IBGE (2007) em torno de 480 mil toneladas, aproximadamente 70% do total produzido no mundo. O Brasil, maior produtor mundial da fruta, tem produção em torno de 615 mil toneladas por ano, com produtividade média, porém, de somente 13,9 t ha<sup>-1</sup> (AGRIANUAL, 2010).

A seleção de fenótipos superiores, seja de indivíduos, seja de famílias, é uma prática de considerável importância para o melhorista, uma vez que a obtenção de populações melhoradas passa pela seleção e recombinação de indivíduos ou famílias. Nos programas de melhoramento do maracujazeiro, os principais aspectos estudados são: o aumento da produção, a melhoria da qualidade dos frutos e a resistência a pragas e doenças (NEGREIROS et al., 2004; SANTOS et al., 2008). O maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* Sims) é espécie frutífera que, apesar da importância, tem sido pouco estudada sob o aspecto do melhoramento genético aplicado (BRUCKNER, 2002; GONÇALVES, 2007). A importância da cultura do maracujazeiro no Brasil vem crescendo. Entretanto, entre os problemas mais significativos no cultivo do maracujazeiro estão à baixa produtividade nas diferentes épocas de colheita dos pomares, além da desuniformidade da qualidade dos frutos (NEVES et al., 2010).

Para o estabelecimento destes estudos, torna-se de fundamental importância investigar a estrutura genética das populações cultivadas, para a identificação de genitores promissores e a geração de híbridos suficientemente heteróticos para a consequente obtenção de segregantes superiores e, com base em tal informação, estabelecer programas de melhoramento genético para essa cultura. Vários tipos de estratégias podem ser utilizados para a estimação de parâmetros genéticos em populações objetivando-se maximização dos ganhos de seleção. Dentre essas, pode-se destacar os delineamentos genéticos I, II e III, definidos por Comstock e Robinson (1948). Após a constatação da existência de variabilidade, seja em populações naturais ou naquelas geradas a partir de cruzamentos controlados em maracujazeiro, devem-se utilizar diferentes estratégias para selecionar os melhores genótipos (OLIVEIRA et al., 2008; SANTOS et al., 2008).

O presente trabalho teve por objetivo avaliar o potencial da população de maracujazeiro em relação às características agronômicas e estimar parâmetros genéticos para fins de predição de ganhos. E ainda avaliar as respostas à seleção e os ganhos, a partir das alternativas de seleção.

## Material e métodos

Foram amostradas plantas na área da Empresa Bela Joana em Campos dos Goytacazes-RJ, sendo essas plantas oriundas das seguintes populações: São Francisco do Itabapoana, Maguary e Yellow Máster. Os cruzamentos seguiram o procedimento descrito por Hallauer e Miranda Filho (1988), com base no Delineamento I de Comstock e Robinson. Para a realização deste trabalho, as 113 famílias (irmãos-completos e meios irmãos) foram avaliadas em Viçosa – MG. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados, com 3 repetições num arranjo em Sets (grupo de tratamentos), composto de 03 Sets.

Após o começo da frutificação das plantas, os tratamentos foram avaliados, pela média das parcela, com relação aos seguintes caracteres: (PPF) produtividade da primeira florada, em gramas por parcela (g 21m<sup>-2</sup>), (NF) número de frutos colhidos produzidos na primeira florada, (%PP) porcentagem de polpa, pela relação entre o peso do fruto e o peso da polpa com semente, (SST) teor de sólido solúveis totais (°Brix), e (DAA) dias até a antese.

O modelo foi estabelecido com todos os efeitos aleatórios, conforme descrito a seguir:

$$Y_{ijk} = \mu + M_i + F/M_{ij} + B_k + \varepsilon_{ijk}$$

Sendo:

$Y_{ijk}$  = observação relativa ao cruzamento com macho i e fêmea j,  $\mu$  = media geral,  $M_i$  = efeito relativo ao macho de ordem i,  $F/M_{ij}$  = efeito relativo a fêmea j hierarquizada dentro do macho i,  $B_k$  = efeito da repetição de ordem k,  $\varepsilon_{ijk}$  = erro experimental. O modelo de análise,  $Y_{ijk} = \mu + M_i + F/M_{ij} + B_k + \varepsilon_{ijk}$ , foi estabelecido a partir da correção para grupamento (Set). Considerando:

$$Z_{ijkl} = \mu + S_l + B/S_{il} + M/S_{ijl} + F/(MS)_{ij(l)} + \varepsilon_{ijkl}, \text{ tem-se,}$$

$$Y_{ijk} = Z_{ijkl} - S_l, \text{ sendo, } S_l = Z_{...l} - Z.$$

Para se estimar os componentes de variância genotípica, variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ) e variância genética devida aos desvios da dominância ( $\hat{\sigma}^2_d$ ), entre os indivíduos de uma população, foram expressos os componentes de variância associados aos efeitos de natureza aleatória do modelo estatístico, variância entre genitores masculinos ( $\sigma^2_m$ ) e variância entre genitores femininos dentro do genitor masculino ( $\sigma^2_{fm}$ ) em função da  $\sigma^2_a$  e da  $\hat{\sigma}^2_d$ . E assim, obtiveram-se as estimativas desses parâmetros a partir de equações que envolvem os quadrados médios da análise de variância. As variâncias genéticas entre médias de progêneres também podem ser desdobradas em componente atribuído aos efeitos médios dos genes e outro atribuído aos desvios médios de dominância. Considerando o modelo estatístico empregado, assim obteve-se:

**Herdabilidade em nível de macho** - Seleção baseada na média do genitor masculino

$$\text{Sentido amplo: } h_{M(A)}^2 = \frac{\hat{\sigma}_m^2 + \left( \frac{\hat{\sigma}_{f/m}^2}{f} \right)}{QM_M/r}$$

$$\text{Sentido restrito: } h_{M(R)}^2 = \frac{\theta \hat{\sigma}_a^2}{QM_M/r}, \quad \text{sendo } \theta = \frac{f+1}{4f}.$$

**Herdabilidade em nível de fêmea dentro de macho** - Seleção baseada nos genitores femininos para cada genitor masculino

$$\text{Sentido amplo: } h_{F/M(A)}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{f/m}^2}{\hat{\sigma}_{Ff}^2} \quad \text{onde: } \hat{\sigma}_{Ff}^2 = \frac{QM_F}{r}$$

$$\text{Sentido restrito: } h_{F/M(R)}^2 = \frac{(1/4)\hat{\sigma}_a^2}{QM_F/r}$$

**Herdabilidade em nível de fêmeas** - Seleção baseada na média das genitoras femininas

$$\text{Sentido amplo: } h_{F(A)}^2 = \frac{\frac{f(m-1)}{mf-1} \hat{\sigma}_m^2 + \hat{\sigma}_f^2}{\hat{\sigma}_{Ffm}^2}$$

$$\text{sendo: } \hat{\sigma}_{Ffm}^2 = \frac{(m-1)QM_F + m(f-1)QM_F}{mf-1}$$

$$\text{Sentido restrito: } h_{F(R)}^2 = \frac{\theta \frac{1}{4} \hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{Ffm}^2}$$

Foram estudados, neste trabalho, alternativas de seleção do Delineamento I no maracujazeiro amarelo: seleção entre machos, de fêmeas/machos (todos os machos), entre fêmeas (independente de machos), de fêmeas/machos selecionados, e de seleção combinada. Foi utilizado o programa computacional GENES - versão 2008 (CRUZ, 2006).

## Resultados e discussão

Houve diferença entre as famílias de irmãos completos e meios-irmãos, indicando a existência de variabilidade genética entre as famílias de maracujazeiros estudadas e, assim, perspectivas positivas na obtenção de ganhos genéticos por meio de seleção (TAB. 1). Esse fato indica a existência de heterogeneidade entre as famílias, com possibilidade de auxiliar na identificação de famílias

de irmãos completos e meios irmãos, que deverão ser incluídas no próximo ciclo de cruzamentos.

É necessário reduzir as diferenças entre as plantas com relação a sua capacidade produtiva e aumentar a qualidade do fruto, objetivando melhorar a padronização, incentivada pelos preços mais atrativos da fruta de qualidade superior (NEVES et al., 2010). Em média, as famílias de maracujazeiro amarelo do presente estudo apresentaram características morfoagronômicas desejáveis, ou seja, frutos Brix em torno de 13,64°, e com 45,79% de rendimento em suco (TAB. 1). Os frutos de maracujá, atualmente disponíveis no mercado, são bastante variados e têm apresentado as seguintes características: máximo de 36% de rendimento em suco, e teor de sólidos solúveis totais entre 13 e 18 °Brix (RUGGIERO, 1996; OLIVEIRA et al., 2008). Os coeficientes de variação obtidos para esses caracteres estiveram dentro dos limites de experimentos avaliados, evidenciando boa precisão experimental. Os caracteres que exibiram os maiores valores foram número de frutos (NF) e produtividade na primeira florada (PPF), com 44,82 e 46,43%, respectivamente, sendo, possivelmente, os mais influenciados pelo ambiente. Por outro lado, os outros caracteres analisados tiveram menores coeficientes de variação (TAB. 1).

No Delineamento I de Comstock e Robinson (1948), utilizado neste trabalho, os graus de liberdade relativos às progêniés foram desdobrados em famílias de machos e famílias de fêmeas dentro de machos. O teste F acusou variância genética diferente de zero com relação às características: PPF, NF e DAA em nível de machos. E verifica-se, pelos quadrados médios, a existência de variabilidade genética significativa pelo teste F, em nível de fêmea/macho, para PPF, NF, SST e DAA (TAB. 1).

Os ganhos foram diferenciados dependendo de onde foi explorada a variabilidade genética para cada característica. Foi levado em consideração em qual ou quais tipos de famílias, ou seja, macho e/ou fêmea dentro de machos, houve variabilidade, e assim pode-se predizer as possibilidades de se obterem ganhos de seleção. Contudo, ficou evidenciada a presença de variabilidade genética na população, o que é bastante favorável ao melhoramento na medida em que a heterogeneidade genética possibilita a obtenção de ganhos por meio de seleção.

De acordo com os resultados obtidos por Santos et al. (2008), observou-se também a ocorrência de variabilidade entre as famílias de meios-irmãos de maracujazeiro tanto para o vigor da planta, quanto para a incidência de doença, no caso a verrugose. A variabilidade demonstrada foi condição essencial para o estabelecimento de um programa de melhoramento genético, e pôde ser efetivamente explorada com vistas ao aumento da resistência das plantas à verrugose.

**Tabela 1** - Análise de variância dos caracteres analisadas em 113 Famílias de maracujazeiro amarelo, em Viçosa - MG

Fonte Variação	G.L.	Q.M.				
		PPF	NF	%PP	SST	DAA
Bloco	2	4,04	34,87	1057,07	0,08	221,73
Machos	22	27,87**	1010,37**	68,39ns	1,76 <sup>ns</sup>	789,33**
F/Machos	90	11,67**	312,28**	68,24ns	1,22**	298,08**
Resíduo	224	3,97	98,04	109,58	0,80	106,9
Total	338					
Média		4,29	22,09	45,79	13,64	115,18
C.V. (%)		46,43	44,82	22,86	6,54	8,98

(\*\*) (\*) Significativo ao nível de 1% e 5% de significância, e (ns) não significativo, pelo Teste F. (PPF) produtividade da primeira florada, (NF) número de frutos colhidos produzidos na primeira florada, (%PP) porcentagem de polpa, (SST) teor de sólido solúveis totais (<sup>o</sup> Brix), e (DAA) dias até a antese

Apesar da importância, poucos têm sido os estudos de avaliação de grupos heteróticos de maracujazeiro amarelo, visando as indicações dentre as alternativas de seleção, os estudos desenvolvidos têm dado ênfase em trabalhos com diversidade e parâmetros genéticos (VIANA et al., 2006, MORAES et al., 2005), estudos das implicações da repetibilidade para famílias de maracujazeiro (SANTOS et al., 2010), além de estudos com as espécies relacionadas e suas características reprodutivas (MELETTI et al., 2003, SOUZA et al., 2004). Sendo de grande valia as informações geradas por intermédio das estimativas dos parâmetros genéticos das características desta população de famílias de maracujazeiro aqui estudadas.

Na Tabela 2 apresentam-se estimativas de componentes de variância associados aos efeitos de natureza aleatória do modelo estatístico, de coeficiente de variação genética aditiva e de componentes de variância genética entre os indivíduos da população de referência. Os componentes de variância associados aos efeitos dos genitores masculinos ( $\hat{\sigma}_m^2$ ), aos efeitos dos genitores

femininos relacionados aos genitores masculinos ( $\hat{\sigma}_{f/m}^2$ ) e aos efeitos genéticos totais de progêneres ( $\hat{\sigma}_g^2 = \hat{\sigma}_m^2 + \hat{\sigma}_{f/m}^2$ ), relativos a todas as características estão apresentados na Tabela 2. Esses componentes de variância são dados em nível de média de progênie, mas refletem o grau de variância genética entre os indivíduos na população. A partir desses componentes de variância pode-se estimar a variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ ) e a variância genética devido aos desvios da dominância ( $\hat{\sigma}_d^2$ ), entre os indivíduos da população, sendo  $\sigma_a^2 = 4\sigma_m^2$  e,  $\sigma_d^2 = 4(\sigma_{f/m}^2 - \sigma_m^2)$ .

Analizando a Tabela 2, pode-se verificar que para a característica %PP considera-se não haver  $\hat{\sigma}_d^2$  ou seja, foi calculada e obtida estimativa negativa considerada nula. Ainda em análise da mesma tabela, verifica-se que essa característica não contribuiu com a  $\hat{\sigma}_{f/m}^2$  para o somatório da  $\hat{\sigma}_g^2$ .

A variância genética aditiva tem sido uma das principais ferramentas dos melhoristas para obtenção de parâmetros genéticos que possibilitam ampliar os conhecimentos sobre os caracteres sob seleção e mostrar a escolha da continuidade do programa de melhoramento.

**Tabela 2** - Estimativa de componentes de variância associados aos efeitos aleatórios do modelo estatístico, relativas as características PPF, NF, %PP, SST, DAA do maracujazeiro

Características	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_{f/m}^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_d^2$	CVa
PPF	1,0991**	2,5653**	3,6644	4,3963	5,8649	0,4268
NF	47,3697**	71,4153**	118,785	189,4788	96,1824	2,8022
% PP	0,0104ns	0,0000ns	0,0104	0,4160	-0,0416	0,1313
SST	0,0363ns	0,1420**	0,1783	0,1451	0,4228	0,0775
DAA	33,3349**	63,7257**	97,0606	133,3392	121,5632	2,3507

$\hat{\sigma}_m^2$ ,  $\hat{\sigma}_{f/m}^2$ ,  $\hat{\sigma}_g^2$  Estimativas dos componentes de variância associados aos efeitos de natureza aleatória do modelo estatístico: efeito do genitor masculino, genitor feminino relacionado ao masculino e efeito de progénie, respectivamente.  $\hat{\sigma}_a^2$ ,  $\hat{\sigma}_d^2$  Estimativas dos componentes de variância genética entre os indivíduos da população: variância genética aditiva e variância genética atribuída aos desvios da dominância, respectivamente. CVa  $\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}/m$  Estimativas do componente de variação genética aditiva.  $\hat{\sigma}_a^2 = \hat{\sigma}_m^2 + \hat{\sigma}_{f/m}^2$

A variância aditiva, que é a principal medida da causa de semelhança entre parentes e, por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta da população à seleção. Essa variância pode ser definida como sendo o dobro da variabilidade gamética, cujos efeitos são expressos pelos efeitos alélicos aditivos (FALCONER; MACKAY, 1996; CRUZ, 2005).

Conforme observado na Tabela 2, a característica que se destacou, por obter o maior valor de  $\hat{\sigma}^2_d$  foi NF, que também se destacou com relação a  $\hat{\sigma}^2_a$ . O fracionamento da variância genética que interessa é entre a variância genética aditiva e o resto, sendo este resto as variâncias genéticas não aditivas e a variância causada pelo ambiente. A variância atribuída aos desvios de dominância deve ser avaliada em programa de melhoramento sob dois aspectos. Primeiro, por estar relacionado à predição do êxito na confecção de híbridos e, segundo, por ser um fator perturbador na identificação de genótipos superiores (FALCONER; MACKAY, 1996; CRUZ, 2005).

O coeficiente de variação genética aditiva (CVA), que corresponde ao desvio padrão genético aditivo expresso em porcentagem da média, é um indicador da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção para cada característica ao longo de um programa de melhoramento (FURTADO, 1996). Desta forma, a característica PF foi a de maior  $\hat{\sigma}^2_a$  e CVA, logo considerada como sendo uma expectativa de resposta à seleção a longo prazo (Tabela 2).

Com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos para iniciar um programa de melhoramento da cultura do maracujazeiro amarelo, Viana et al. (2004) puderam verificar em características como número e comprimento de frutos, altas variabilidade e coeficientes de herdabilidade, além de um índice de variação superior a um, mostrando situação favorável para o melhoramento simples. Porém, nas

características percentagem de suco e espessura da casca, uma situação inversa e desfavorável foi observada, o que justificou a decisão por introdução de variabilidade adicional e o uso de métodos de melhoramento mais complexos.

Na Tabela 3 estão apresentados os resultados dos diferentes coeficientes de herdabilidade. Os coeficientes de herdabilidade que apresentaram maiores valores foram em nível de machos em todas as características estudadas, se comparados com em nível de fêmeas, e em nível de fêmeas dentro de machos. Segundo Furtado (1996) esses resultados não são perfeitamente comparáveis, uma vez que o número de indivíduos é diferente nas unidades de seleção. Pode-se verificar porcentagem de herdabilidade em nível de machos considerada alta nos caracteres: PPF, NF, SST, e DAA.

Deverá ser dada maior ênfase aos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito por serem estes utilizados nos cálculos de respostas esperadas à seleção. Uma função importante da herdabilidade no sentido restrito é seu papel de predição do ganho, expressando a confiança do valor fenotípico como estimador do valor genético (FALCONER; MACKAY, 1996). Entretanto, isso não significa, necessariamente, que maiores respostas à seleção serão obtidos nos caracteres de maior herdabilidade. Altos valores de herdabilidade podem ocorrer em caracteres de pequena variância genética aditiva, desde que a influência do ambiente no caráter seja pequena. Significa, sim, que quanto maior a herdabilidade, mais próxima estará a resposta esperada do diferencial de seleção empregado.

Com o objetivo de formar supercaracteres para seleção simultânea de variáveis relacionadas à produção e qualidade dos frutos em famílias de irmãos completos e, ou, meios-irmãos de maracujazeiro amarelo, Ferreira et al., 2010 estimaram os coeficientes de variação ambiental (CVe%) dos supercaracteres. Os autores verificaram que os CVe% variaram consideravelmente, e que a influência ambiental

**Tabela 3** - Coeficientes de herdabilidade no sentido amplo e no sentido restrito, considerando, unidades de seleção, famílias de macho, família de fêmea e famílias de fêmea dentro de macho do maracujazeiro amarelo, relativos os caracteres (PPF) produtividade da primeira florada, (NF) número de frutos colhidos produzidos na primeira florada, (%PP) porcentagem de polpa, (SST) teor de sólido solúveis totais (°Brix), e (DAA) dias até a antese.analisadas

	PPF	NF	% PP	SST	DAA
$h^2_{M(A)}$	85,74	90,3	0,2	54,7	86,46
$h^2_{M(R)}$	69,95	83,10	0,3	36,64	74,91
$h^2_{F(A)}$	73,24	78,19	0	40,03	74,91
$h^2_{F(R)}$	43,62	62,14	0,05	16,12	49,80
$h^2_{F/M(A)}$	65,94	68,61	0,03	34,87	64,14
$h^2_{F/M(R)}$	28,25	45,51	0,06	8,91	33,55

$h^2_{M(A)}$ ,  $h^2_{M(R)}$  Herdabilidade em nível de média de macho nos sentidos amplo e restrito.  $h^2_{F(A)}$ ,  $h^2_{F(R)}$  Herdabilidade em nível de média de fêmea nos sentidos amplo e restrito.  $h^2_{F/M(A)}$ ,  $h^2_{F/M(R)}$  Herdabilidade em nível de média de fêmea dentro de macho nos sentidos amplo e restrito

**Tabela 4** - Ganho de seleção (GS%) relativo as características PPF, NF, %PP, SST, DAA, no maracujazeiro amarelo a partir das diferentes alternativas de seleção SEM, SF/M, SEF, SF/MACHOSS e SC

Alternativa de seleção	Nº famílias selecionadas	GS%				
		PPF	NF	% PP	SST	DAA
SEM	45	22,06	29,09	0,01	0,90	-4,28
SF/M	46	10,94	17,63	0,00	0,33	-2,38
SEF	45	22,71	34,15	0,00	0,74	-4,73
SF/MACHOSS	45	19,56	29,07	0,01	0,76	-4,29
SC	45	24,13	34,73	0,01	0,96	-5,07

SEM: seleção entre machos. SF/M: seleção de fêmeas/machos (todos os machos). SEF: seleção entre fêmeas (independente de machos). SF/MACHOSS: seleção de fêmeas/machos selecionados. SC: seleção combinada

sobre o tamanho do fruto (TF) foi bem menor quando comparada à rendimento industrial (RI) e produção (PROD). Esses mesmos autores verificaram ainda que as estimativas de herdabilidade no sentido restrito, em nível de genitor masculino e genitora feminina, foram elevadas para PROD, assim como para o presente estudo que verificou alta herdabilidade para o caráter de produção PPF. E com isso concluíram haver aspecto positivo para a seleção, em especial às situações cuja herdabilidade é elevada. Se uma variável que compõe este supercaractere exibe baixa herdabilidade, a seleção indireta (via supercaractere) poderá ser mais eficiente que a seleção direta, conforme demonstraram Cruz e Carneiro (2003).

O delineamento I de Comstock e Robinson (1948), conforme já dito, é utilizado com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos de uma população, importantes na sua avaliação com relação às possibilidades de se obterem avanços com relação às estratégias de seleção, na população estruturada no Delineamento I pode ser aplicado um ciclo de seleção (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; EYHERABIDE; HALLAUER, 1991; FURTADO, 1996; PEREIRA; AMARAL JUNIOR, 2001; CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Foram selecionados nove das 23 famílias de machos, enquanto, entre fêmeas e na seleção combinada, selecionaram-se em média 45 famílias das 113 unidades de seleção (TAB. 4). Obtendo-se, assim, intensidade de seleção final em torno de 40%. Na Tabela 4, pode-se verificar que para a característica DAA, adotou-se o critério de seleção em decréscimo. Desta forma, nessas características foram selecionadas as unidades de seleção com as menores médias, ou seja, com menores proporções de cascas e mais precoces. Por isso verifica-se na Tabela 4 valores negativos de ganhos.

Nas cinco estratégias de seleção estimadas foi utilizada a herdabilidade no sentido restrito no cálculo da porcentagem do ganho de seleção. As características com os menores ganhos em todas as alternativas de

seleção foram %PP e SST (TAB. 4). Este fato deverá ser contornado porque em ambas as características as médias obtidas são bastante satisfatórias, logo, não poderá ser considerado que a falta de ganho por seleção atrapalhará o desempenho futuro do programa.

Em todas as onze características avaliadas, a seleção combinada (SC) foi a que proporcionou os maiores ganhos de seleção. Conforme pode ser verificado em análise da Tabela 4, na característica PPF, por exemplo, poderá ser obtido um incremento de 24,13% se for constituída uma nova população a partir das fêmeas selecionadas pela seleção combinada (SC).

Nunes (2006), em estudo com o objetivo de analisar a eficiência da seleção dentro de progênies de irmãos completos, e dentre as melhores progênies selecionar os mais promissores genótipos, verificou que o maior ganho percentual predito entre foi encontrado na característica número de frutos por planta (44,52%). E destacou também a característica produção estimada por planta por ter apresentado ganho percentual predito entre de 33,12%, sendo assim um valor considerável.

O índice de seleção combinada está relacionado a famílias de fêmeas, logo, ele tem as informações da família de macho e da de fêmea dentro de macho. Utilizase um valor que é atribuído às mf fêmeas do experimento em substituição a cada característica (FURTADO, 1996; CRUZ; CARNEIRO, 2003). O valor deste índice de seleção combinada foi dado, no presente trabalho, a uma determinada fêmea em função do seu desempenho, e em função do desempenho da família de macho em que ela está inserida, para cada uma das onze características estudadas.

Contudo, verifica-se ainda que se selecionando as 45 FIC indicadas pela seleção combinada haverá ganho de seleção de 24,13%. Sendo assim, ocorrerá incremento na produtividade, que ficará em torno de 30 t ha<sup>-1</sup>. Somente com um ciclo de seleção a produtividade ficará pouco maior que a produtividade média nacional, e 127% maior que a produtividade média do estado de Minas Gerais.

## Conclusões

1. Ficou evidenciada a presença de variabilidade genética na população, o que é bastante favorável ao melhoramento na medida em que a heterogeneidade genética possibilita a obtenção de ganhos por meio de seleção.
2. Para todas as características avaliadas, a seleção combinada foi a que proporcionou os maiores ganhos de seleção.

## Referências

- AGRIANUAL. **Anuário estatístico da agricultura brasileira**. São Paulo: FNP, 2010 p. 549.
- ARAUJO, C. M. et al. Características industriais do maracujá e maturação do fruto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 9, p. 65-69, 1974.
- BRUCKNER, C. H. et al. Maracujazeiro. In: BRUCKNER, C. H. **Melhoramento de fruteiras tropicais**. Viçosa: Editora UFV, 2002. 422 p.
- COMSTOCK, R. E., ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**, v. 04, p. 254-266. 1948.
- CRUZ, C. D., **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.
- CRUZ, C. D. **Programa genes**: versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2006. 648 p.
- CRUZ, C. D., CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585 p.
- EYHERABIDE, G. H; HALLAER, A. R. Reciprocal full-sib recurrent selection in maize: direct and indirect response. **Crop Science**, v. 31, p. 952-959, 1991.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Logman. 1996. 646 p.
- FERREIRA, M. F. et al. Formação de suprecaracteres para seleção de famílias de maracujazeiro amarelo. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n. 02, p. 247-254, 2010.
- FURTADO, M. R. **Alternativas de seleção no Delineamento I de Comstock e Robinson, em milho**. 1996. 94 f. Tese (Doutorado)-Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- GONÇALVES, G. M. et al. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 02, p. 193-198, 2007.
- HALLAER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2. ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Lavouras permanentes**. Rio de Janeiro, RJ, 2007. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em: 10out. 2008.
- PIO, R. et al. Caracterização físico-química dos frutos de sete seleções de maracujazeiro-amarelo para a região de Lavras-MG. **Revista Ceres**, v. 50, n. 291, p. 573-582, 2003.
- MELETTI, L. M. M. et al. Variabilidade genética em caracteres morfológicos, agronômicos e citogenéticos de populações de maracujazeiro-doce (*Passiflora alata* Curtis). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, n. 02, p. 275-278, 2003.
- MORAES, M. C. et al. Genetic and phenotypic parameter estimates for yield and fruit quality traits from a single wide cross in yellow passion fruit. **HortScience**, v. 40, n. 07, p. 1978-1981, 2005.
- NASCIMENTO, W. M. O.; TOME, A. T. O. P. M.S. Seleção de progêneres de maracujazeiro-amarelo (*Passiflora edulis f. flavicarpa*) quanto à qualidade de frutos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, n. 1, p. 186-188, 2003.
- NEGREIROS, J. R. da S. et al. Seleção de progêneres de maracujazeiro-amarelo vigorosas e resistentes à verrugose (*Cladosporium cladosporioides*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 26, n. 02, p. 272-275, 2004.
- NEVES, L. G. et al. Avaliação da repetibilidade no melhoramento de famílias de maracujazeiro. **Revista Ceres**, v. 57, n. 04, p. 480-485. 2010.
- OLIVEIRA, E. J. et al. Seleção em progêneres de maracujazeiro amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, 2008.
- PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, p. 3-10, 2001.
- SANTOS, C. E. M. et al. Estratégia de seleção em progêneres de maracujazeiro-amarelo quanto ao vigor e incidência de verrugose. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 02, p. 444-449, 2008.
- SANTOS, C. E. M. et al. Repetibilidade em características do fruto do maracujazeiro. **Revista Ceres**, v. 57, n. 03, p. 343-350, 2010.
- SOUZA M. M. et al. Flower receptivity and fruit characteristics associate to time of pollination in yellow passion fruit *Passiflora edulis* Sims falviflora. **Scientia Horticulture**, v. 1, p. 1-8, 2004.
- VIANA, A. P. et al. Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro amarelo. **Revista Ceres**, v. 51, n. 297, p. 545-555, 2004.
- VIANA, A. P. et al. Genetic diversity in yellow passion fruit populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 06, p. 87-94, 2006.