

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

LEANDRO RAFAEL FACHI

**Fenotipagem digital de sementes aplicada no melhoramento  
intrapopulacional do maracujazeiro azedo**

TANGARÁ DA SERRA  
MATO GROSSO – BRASIL  
MARÇO – 2018

**LEANDRO RAFAEL FACHI**

**Fenotipagem digital de sementes aplicada 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  
MARÇO - 2018

Walter Clayton de Oliveira CRB 1/2049

F139f FACHI, Leandro Rafael.  
Fenotipagem Digital de Sementes Aplicada no  
Melhoramento Intrapopulacional do Maracujazeiro Azedo /  
Leandro Rafael Fachi - Alta Floresta/ Cáceres/ Tangará da Serra,  
2018.

72 f.; 30 cm.

Trabalho de Conclusão de Curso  
(Dissertação/Mestrado) - Curso de Pós-graduação Stricto Sensu  
(Mestrado Acadêmico) Genética e Melhoramento de Plantas,  
Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias, Multicampi,  
Universidade do Estado de Mato Grosso, 2018.

Orientador: Willian Krause

1. Análise Digital de Imagens. 2. Ward-Mlm. 3. Passiflora  
Edulis Sims. I. Leandro Rafael Fachi. II. Fenotipagem Digital de  
Sementes Aplicada no Melhoramento Intrapopulacional do  
Maracujazeiro Azedo : .

CDU 634.776.3

# Fenotipagem digital de sementes aplicada no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo

LEANDRO RAFAEL FACHI

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 06 de março de 2018.

Comissão Examinadora:



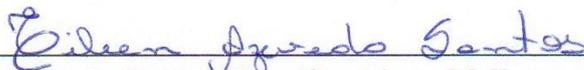
---

**Prof. Willian Krause (Dsc., Genética e Melhoramento de Plantas)**  
**Orientador - PGMP – UNEMAT**



---

**Profª. Dejânia Vieira de Araújo (Dsc., Agronomia)**  
**PGMP - UNEMAT**



---

**Eileen Azevedo Santos (Dsc., Genética e Melhoramento de Plantas)**  
**UENF**

## DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Leonir e Elaine, com todo meu amor, carinho e gratidão.

Aos meus familiares, pelo incentivo e pelo amor.

A todos os meus amigos, que dividem comigo as alegrias e as dificuldades.

DEDICO.

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por me dar força e iluminar meus caminhos durante toda minha trajetória.

Aos meus pais, exemplos de garra e determinação, minha fonte de inspiração, muito obrigado por estarem ao meu lado e por acreditarem no meu potencial.

À minha irmã Elisangela, que me acompanhou e me apoiou desde o princípio, que sempre me ajuda e que torce tanto pelo meu sucesso.

À minha namorada, pela paciência, pelo amor, pela dedicação e pela confiança.

À Universidade do Estado do Mato Grosso e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade concedida.

Ao Prof. Dr. Willian Krause pela orientação, pela confiança, pela paciência e pelo apoio durante toda minha formação.

A Prof. Dr<sup>a</sup>. Dejânia Vieira de Araújo e a Dr<sup>a</sup>. Eileen Azevedo Santos por aceitar o convite de participar da banca de defesa, assim, contribuindo cientificamente na minha dissertação e formação acadêmica.

Ao professor Dr. Henrique Duarte Vieira e sua equipe pelo acolhimento no Laboratório de Sementes da Universidade Estadual Norte Fluminense (UENF). Em especial a Amanda Justino pela realização da análise digital de sementes.

Aos professores do curso de Pós-Graduação, pela oportunidade de aprendizagem, pela confiança e pelo incentivo, essenciais para meu crescimento profissional e pessoal.

A todos os companheiros de turma, em especial a Roberta Flávia Cipriano Machado pela dedicação, companheirismo e pelos momentos felizes que passamos durante o período em que conduzimos o trabalho no campo.

A todos ICs e funcionários do Laboratório de Fruticultura, pelo convívio durante esta caminhada, pelos momentos de descontração, pela boa vontade e capacidade de estarem sempre prontos a colaborar.

A todos que, de alguma forma, ajudaram-me até aqui.

## **BIOGRAFIA**

Leandro Rafael Fachi, filho de Leonir Alfonso Fachi e Elaine Fachi, brasileiro, nasceu no dia 03 de agosto de 1992 na cidade de Entre Rios do Oeste – PR. No ano de 2011 ingressou no curso de Bacharel em Agronomia pela Universidade do Estado de Mato Grosso no Campus de Tangará da Serra – MT. Durante a graduação atuou na área de melhoramento de plantas e sementes com ênfase em maracujá e frutíferas regionais. Em maio de 2015 defendeu a monografia intitulada como “avaliação da qualidade e correlação dos parâmetros físico-químicos dos frutos de cultivares de acerola” sob a orientação do Prof. Dr. Willian Krause. Concluiu a graduação em dezembro de 2015. Em fevereiro de 2016 iniciou o curso de pós-graduação strictu sensu em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade do Estado de Mato Grosso, sobre a orientação do professor Dr. Willian Krause, findando em março de 2018.

## SUMÁRIO

RESUMO .....	vii
ABSTRACT.....	ix
1. INTRODUÇÃO GERAL .....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	3
2.1. Qualidade fisiológica de sementes .....	3
2.2. Análise morfológica de sementes via fenotipagem digital .....	5
2.3. Variabilidade genética relacionada a qualidade das sementes .....	6
2.4. Seleção de famílias via REML/BLUP .....	8
2.5. Programa de melhoramento do maracujazeiro azedo da UNEMAT .....	9
3. REFERÊNCIAS .....	12
4. ANALISE DIGITAL DE IMAGENS APLICADA NA QUANTIFICAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE SEMENTES DE MARACUJAZEIRO AZEDO .....	18
INTRODUÇÃO.....	20
MATERIAL E MÉTODOS .....	21
RESULTADOS .....	28
DISCUSSÃO.....	33
CONCLUSÕES.....	36
REFERÊNCIAS .....	37
5. EMPREGO DA FENOTIPAGEM DIGITAL NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE MARACUJAZEIRO AZEDO VIA REML/BLUP .....	41
INTRODUÇÃO.....	43
MATERIAL E MÉTODOS .....	44
RESULTADOS .....	50
DISCUSSÃO.....	55
CONCLUSÕES.....	59
REFERÊNCIAS .....	59

## RESUMO

FACHI, Leandro Rafael; M. Sc.; Universidade do Estado de Mato Grosso; março de 2018; Fenotipagem digital de sementes aplicada no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo. Professor Orientador: Willian Krause.

A fenotipagem através da técnica de análise de imagens digitais tem ganhado mais utilidade no melhoramento genético, sendo empregada principalmente na mensuração de características de plântulas e sementes, contribuindo significativamente na rapidez de obtenção de dados. Os objetivos deste trabalho foram quantificar a divergência genética, estimar os parâmetros genéticos e ganhos de seleção para características morfofisiológicas das sementes de maracujazeiro azedo, utilizando a técnica de fenotipagem das sementes e teste de germinação e vigor. Foram avaliadas sementes de 98 famílias de irmãos completos (FIC) de maracujazeiro do programa de melhoramento genético da UNEMAT, sendo avaliado variáveis fisiológicas das sementes através do teste de germinação e vigor. Também foram avaliadas as variáveis morfológicas das sementes realizada no equipamento de análise de sementes GroundEye. Para a quantificação da divergência genética foram adotados o método Ward-MLM e a estimação dos parâmetros genéticos foi realizada pela metodologia REML/BLUP e empregados os índices de seleção Smith e Hazel, Subandi e Mulamba e Mock para ranquear todos os indivíduos, selecionando as 30 melhores FIC por índice. A fenotipagem digital de sementes utilizando o equipamento GroundEye se mostrou eficaz na mensuração das características morfológicas das sementes de maracujazeiro azedo. A estratégia Ward-MLM promoveu a formação de três grupos heteróticos, onde o grupo II apresentou os melhores resultados para índice de velocidade de emergência (1,106) e porcentagem de emergência de plântulas (65,80%) e o grupo III apresentaram maiores médias para os descritores massa seca de plântulas (4,140), comprimento de radículas normais (6,30), índice de velocidade de germinação (2,503), porcentagem de germinação de sementes (90,00) evidenciando possíveis cruzamentos entre as FIC do grupo II e III, sendo uma alternativa viável afim de melhorar as características das sementes. Além disso, foram verificadas as altas herdabilidades individuais no sentido restrito para todas as variáveis avaliadas e comprovada pelos valores das acurácias obtidas, indicando excelente possibilidade para seleção individual de plantas utilizando a metodologia REML/BLUP. O índice

multiplicativo, clássico e de soma de ranks, propiciam progresso genético superior em famílias de irmãos completos de maracujazeiro, apresentando elevado grau de coincidência entre as famílias selecionadas.

Palavras-chave: Análise digital de imagens, Ward-MLM, *Passiflora edulis* Sims.

## ABSTRACT

Phenotyping using the technique of digital image analysis has gained more utility in genetic improvement, being used mainly in the measurement of seedling and seed characteristics, contributing significantly to the speed of data collection. The objectives of this work were to quantify the genetic divergence, to estimate the genetic parameters and selection gains for morphophysiological characteristics of the seeds of passion fruit, using the technique of seed phenotyping and germination and vigor test. Seeds from 98 families of complete sibs (FIC) of passion fruit of the genetic improvement program of UNEMAT were evaluated, and physiological variables of the seeds were evaluated through the germination and vigor test. We also evaluated the morphological variables of the seeds performed in the GroundEye seed analysis equipment. For the quantification of genetic divergence, the Ward-MLM method was adopted and the genetic parameters were estimated using the REML / BLUP methodology and the Smith and Hazel, Subandi and Mulamba and Mock indexes were used to rank all individuals, selecting the 30 best FIC by index. The high individual heritabilities in the restricted sense for all the evaluated variables and proven by the values of the accuracies obtained, indicate excellent possibility for individual selection of plants using the REML / BLUP methodology. Digital seed phenotyping using GroundEye equipment proved to be effective in measuring the morphological characteristics of passion fruit seeds. The Ward-MLM strategy promoted the formation of three heterotic groups, where group II presented the best results for the rate of emergence (1,106) and seedling emergence percentage (65.80%) and group III presented higher averages for the seed germination rate (2.503), seed germination percentage (90.00), and possible crosses between the ICFs of groups II and III, being a viable alternative in order to improve the characteristics of the seeds. In addition, high individual heritabilities were verified in the restricted sense for all the evaluated variables and proved by the values of the accuracies obtained, indicating excellent possibility for individual selection of plants using the REML / BLUP methodology. The multiplicative index, classic and sum of ranks, provide superior genetic progress in families of complete sibs of passion fruit, presenting a high degree of coincidence among the selected families.

Keywords: Digital analysis of images, Ward-MLM, *Passiflora edulis* Sims.

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

A fruticultura é um dos setores de maior destaque do agronegócio brasileiro, sendo destaque produção e geração de empregos para pequenos e médios produtores brasileiros (FAO, 2017). Entre as fruteiras que dão o título ao Brasil de grande produtor mundial, destaca-se o maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims). Originário da América Tropical, o fruto ganhou maior importância socioeconômica no Brasil, onde é atualmente cultivado em quase todos os estados brasileiros devido as condições edafoclimáticas favoráveis (IBGE, 2016).

Entretanto, para que o país possa ganhar mais espaço na produção mundial dessa fruta, é necessário considerar os fatores limitantes da cultura, como a baixa produtividade por hectare. Dentre os fatores responsáveis pela baixa produtividade, destaca-se o baixo emprego de tecnologia de produção, carência de cultivares adaptadas as diferentes regiões e problemas fitossanitários. Desta forma, o melhoramento genético do maracujazeiro no Brasil sempre esteve relacionado ao fruto, seja no aspecto produtividade ou na qualidade. Contudo, pouca atenção foi dada a qualidade das sementes nesses programas, sendo essa um dos principais fatores para o sucesso no estabelecimento e produção da cultura do maracujazeiro (Ocampo et al., 2016).

Com o avanço da computação, tornou-se possível avaliar a qualidade das sementes, através da fenotipagem digital. Esta técnica vem sendo utilizada para aumentar a acurácia e rapidez das mensurações das características das sementes de diversas espécies (Dell’Aquila, 2009; Fiorani e Schurr, 2013). A fenotipagem das sementes é de extrema relevância nos programas de melhoramento genético, visto ser possível determinar a diversidade genética através de características morfológica das próprias (Gustin e Settles, 2015). Entretanto, ainda são poucas as informações sobre a utilização da fenotipagem digital para mensuração de características das sementes aplicadas na quantificação da diversidade genética no maracujazeiro azedo.

Para a quantificação da diversidade genética o uso das técnicas multivariadas é um dos fatores que têm impulsionado o aumento nos estudos sobre divergência genética. Dentre as técnicas multivariadas, destaca-se a metodologia Ward – MLM (*Ward Modified Location Model*), proposto por Franco et al. (1998).

Esta metodologia permite analisar variáveis quantitativas e qualitativas simultaneamente, sendo possível, ainda, definir o número ótimo de grupos e identificar a melhor probabilidade de cada acesso alocar-se em determinado grupo (Gonçalves et al., 2009; Santos et al., 2015; Krause et al., 2017).

Além do uso das técnicas multivariadas, as análises biométricas, sobretudo as estimativas de parâmetros genéticos, são fundamentais para conhecer a natureza da ação dos genes envolvidos no controle de determinado caráter e estabelecer a base para a escolha dos métodos aplicáveis à população. Entre os métodos que podem ser utilizados para a obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos, destaca-se a metodologia REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). Esse procedimento confere maior acurácia e precisão às estimativas, especialmente aquelas obtidas de ensaios desbalanceados, situação comum quando se dispõe de grande número de plantas (Resende, 2016).

É desejável, em qualquer programa de melhoramento, obter ganhos favoráveis para um amplo conjunto de características importantes comercialmente. Para isto, é indicado o uso dos índices de seleção, os quais permitem realizar a seleção simultânea de várias características ao mesmo tempo, além disso, possibilita a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados, pois reúnem diversos atributos favoráveis (Cruz et al., 2014). Dentre os índices avaliados, tem-se destacado o índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), multiplicativo (Subandi et al., 1973) e o índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivos quantificar a divergência genética, estimar os parâmetros genéticos e ganhos de seleção para características morfofisiológicas das sementes de maracujazeiro azedo.

## 2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1. Qualidade fisiológica de sementes

A qualidade das sementes compreende a uma série de características que determinam seu valor para a semeadura e estabelecimento da cultura a campo. Comumente, o potencial produtivo de uma semente é identificado quando há interação dos atributos de natureza genética, física, fisiológica e sanitária, que se constitui em fatores preponderantes para a manifestação do potencial produtivo de uma determinada variedade (Popinigis, 1977).

Dentre os principais componentes básicos da qualidade de sementes (genética, física, fisiológica e sanidade), a qualidade fisiológica desempenha um papel de maior atenção das pesquisas nos últimos tempos (Osipi e Nakagawa, 2005). Em virtude da crescente demanda por sementes de maior qualidade, criaram-se metodologias a fim de avaliar a qualidade fisiológica das mesmas, como o teste de germinação e vigor.

O teste de germinação tem como objetivo determinar o potencial máximo de germinação de sementes em condições ideais para seu cultivo. O teste apresenta status tão elevado de confiança, que há muitos anos serve de parâmetro para regulamentar o comércio de sementes. Entretanto, deve-se levar em conta que ele é realizado no âmbito de um laboratório, o que não traduz realmente a condição que a semente poderá encontrar quando for semeada em campo (Brasil, 2009).

Visando complementar o teste de germinação, criou-se o teste de vigor que tem como objetivo determinar o desempenho das sementes sobre condições adversas de ambientes, proporcionando assim, informações mais reais e maior confiabilidade na avaliação da qualidade de um lote de sementes (AOSA, 1983).

As pesquisas com sementes de frutíferas estão aumentando, porém ainda são restritas. As próprias Regras para Análise de Sementes (Brasil, 2009), que prescrevem e recomendam os procedimentos ideais para análise de pelo menos 200 espécies de sementes, são incompletas quanto a informações para espécies frutíferas. A dificuldade é ainda maior pelo fato de que muitas espécies frutíferas apresentam problemas de germinação e conservação de suas sementes.

No maracujazeiro azedo, a qualidade fisiológica das sementes pode ser influenciada por diversos fatores, tal como, o ataque de pragas e doenças, o

genótipo, as condições climáticas que ocorrem durante o desenvolvimento da semente e até mesmo fatores que derivam antes da sua formação, como a nutrição da planta mãe que a originou. Também há de ser levado em conta a maturidade fisiológica do fruto durante a colheita, secagem, beneficiamento e armazenamento das sementes, que são um dos principais redutores das qualidades fisiológicas das sementes (Ferreira e Borghetti, 2004).

Outro fator limitante da qualidade fisiológica das sementes de maracujá está na presença de dormência de algumas espécies de *Passiflora spp.* Essa dormência consiste em um mecanismo de sobrevivência, pois pode retardar a germinação, que não ocorre quando as condições para o estabelecimento das plântulas são limitantes, além de permitir a distribuição das sementes germinadas ao longo do tempo, favorecendo sua sobrevivência (Silva et al., 2015; Silva et al., 2015). Com a domesticação das plantas, ocorre seleção contra a dormência das sementes, sendo que, na maioria das espécies cultivadas, apresentam germinação rápida e uniforme.

Entre todos os insumos agrícolas, a semente de alta qualidade e da cultivar adequada são os fatores que proporcionam os mais altos retornos sócioeconômicos.

Marcos Filho (2005) destaca sua importância para a agricultura, onde sementes com elevada qualidade fisiológica (germinação e vigor) assegura a rapidez e uniformidade da germinação e, conseqüentemente, o estabelecimento de uma população ideal de plantas.

Entretanto, pouca atenção foi dada para a melhoria da qualidade das sementes de maracujazeiro no processo de seleção, o que pode tornar-se um problema no cultivo de maracujá. Além dos problemas das sementes já relatados, a cultura se depara com a baixa produtividade, causada, entre outros fatores, pela falta de genótipos altamente produtivos e pela grande variabilidade existente em pomares comerciais (Freitas 2009; Ocampo et al., 2016).

Assim sendo, pode-se ressaltar que o programa de melhoramento genético da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e o programa de melhoramento genética da Universidade do Estado do Mato Grosso, desenvolvem um importante papel no lançamento de novos genótipos que se adaptem bem as condições regionais, de forma a obter alta produtividade, além de um bom estande de plantas.

## **2.2. Análise morfológica de sementes via fenotipagem digital**

No melhoramento de plantas, os primeiros estudos voltados para a aplicação de imagens digitais no ramo de sementes se iniciaram com o uso de softwares genéricos de processamento de imagens digitais com o objetivo de medir o comprimento de raízes de diversas espécies. Um dos primeiros trabalhos relatados foi elaborado por Cicero et al. (1998) que utilizaram uma técnica combinada de obtenção de imagens por raios-X e processamento digital de imagens, para analisar os efeitos de danos mecânicos internos e externos em sementes de milho.

Após alguns anos, em 2001, pesquisadores da The Ohio State University nos Estados Unidos desenvolveram um sistema computacional de análise de imagens de plântulas, denominado Seed Vigor Imaging System (SVIS), que, por meio do processamento das imagens digitalizadas, calcula índices que se baseiam no crescimento e uniformidade inicial das plântulas. Este sistema foi utilizado inicialmente com plântulas de alface, porém demonstrou eficiência na avaliação do potencial fisiológico de sementes de outras espécies, como o milho (McDonald, 2005; Gomes-Junior et al., 2009).

Em 2012, a empresa Tbit Tecnologia e Sistemas desenvolveu um sistema semelhante ao SVIS, denominado Sistema de Análise de Sementes – SAS, o qual possui diversas utilidades, dentre elas a avaliação da qualidade física e fisiológica de sementes. Nos anos posteriores o software passou por atualizações, em que, no ano de 2015, seu nome foi alterado para GroundEye.

O SAS, atual GroundEye, é composto por uma câmara de captação de imagem e um software de análise. A câmara é constituída de uma bandeja com fundo de acrílico transparente, no qual é disposto o objeto de análise, uma, ou duas câmeras fotográficas de alta resolução e, em seu interior, lâmpadas de LED para iluminação. O fundo da câmara de captação possui a coloração azul para um maior contraste com o objeto de interesse na imagem. O GroundEye realiza análise das imagens individualmente das sementes e plântulas, permitindo, obter uma grande variedade de informações relacionadas a cor, textura, geometria, uniformidade, vigor e crescimento de plântulas (Pinto et al., 2015; Andrade et al., 2016, Krause et al., 2017).

Em trabalho de classificação de sementes realizado por Andrade et al. (2016) foram avaliadas cinco lotes de sementes de soja a fim de verificar a acurácia

de classificação de sementes do sistema GroundEye. As sementes foram submetidas a classificação visual e posterior classificação pelo sistema, sendo separadas em duas categorias: soja verde e soja não-verde (amarela). Os autores concluíram que a análise de imagens utilizando o GroundEye é uma técnica confiável, rápida e objetiva que promove um nível de precisão de 99,51% na separação de sementes verdes em amostras de soja.

Utilizando o mesmo sistema de análise digital de imagens (GroundEye), Ávila (2017), avaliou a qualidade fisiológica de 16 lotes de sementes de soja. Foi realizado o teste de envelhecimento acelerado a fim de avaliar o vigor de sementes e a medição manual do comprimento de plântula e raiz. Posteriormente comparou os testes com a avaliação do sistema GroundEye. O mesmo concluiu que a avaliação de vigor realizada pelo envelhecimento acelerado e o índice de vigor do GroundEye foi igual na comparação dos lotes de soja. Os resultados da medição manual do comprimento de plântula e raiz com a medição do GroundEye são compatíveis.

Dessa forma, o uso de análise de imagens para mensuração e avaliação da qualidade de sementes utilizando o sistema GroundEye é uma técnica promissora, porém é necessário realizar mais pesquisas para correlacionar essa técnica com os testes tradicionais de laboratório.

### **2.3. Variabilidade genética relacionada a qualidade das sementes**

A qualidade fisiológica das sementes de maracujazeiro pode variar em função do genótipo, sendo essa característica importante durante o processo de seleção realizado nos programas de melhoramento.

Em um programa de melhoramento genético é necessário estudar os sistemas genéticos que determinam as características quantitativas de interesse em relação a população base. Este procedimento permite avaliar a variabilidade genética existente na população selecionada, bem como interferir sobre os tipos e as importâncias relativas das interações genicas que atuam na determinação dos caracteres, favorecendo a escolha do processo seletivo que maximize os ganhos esperados com a seleção. Nestes estudos é comum o uso de um delineamento genético ou sistema de cruzamentos, com dialelo (Whicke e Weber, 1986).

A variabilidade genética também pode ser explorada buscando melhoria da qualidade e desempenho da semente. Vários trabalhos têm mostrado que há uma

variabilidade considerável para germinação e vigor das sementes sob uma ampla faixa de temperaturas, tensões de umidade do solo, para a emergência sob condições adversas, impermeabilidade do tegumento e graus de dormência (Cardoso et al., 2009; Welker et al., 2011).

Marostega (2017) trabalhando com a variabilidade genética e a qualidade fisiológica de sementes de maracujazeiro, avaliou as características morfofisiológicas de dois acessos comerciais de *Passiflora* (*P. alata* e *P. edulis*) e 10 silvestres do BAG (Banco Ativo de Germoplasma) da UNEMAT. A autora constatou uma elevada variabilidade genética para todos atributos relacionados a características morfofisiológicas de sementes, indicando possíveis cruzamentos entre os acessos.

Em comparação de 26 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro, Freitas (2009) avaliou a qualidade fisiológica das sementes, através dos testes: peso de mil sementes, germinação inicial, germinação após 12 meses, primeira contagem, envelhecimento acelerado e condutividade elétrica. O mesmo observou que os genótipos estudados apresentaram grande variabilidade em relação aos valores de germinação das sementes. Este resultado, permitiu distinguir os melhores genótipos, possibilitando boas perspectivas para seleção.

Carmo et al. (2013) trabalhando com 11 genótipos de maracujá-do-mato (*P. cincinnata* Mast.), avaliou a porcentagem de germinação e o índice de velocidade de emergência das sementes. Verificou que a porcentagem de germinação e o índice de velocidade de emergência das sementes de *P. cincinnata* são influenciados pelos diferentes genótipos. Isso demonstra que é grande a variabilidade genética existente em genótipos de *Passiflora*, sendo possível explorar essa variabilidade e selecionar genótipos precocemente através de testes de vigor de sementes.

As pesquisas com sementes de maracujá têm aumentado, porém ainda são restritas a algumas áreas. Assim, estudos envolvendo o conhecimento da variabilidade genética entre os genótipos pode auxiliar os programas de melhoramento genético na seleção de genótipos que apresentam sementes com qualidade superiores aos demais.

#### **2.4. Seleção de famílias via REML/BLUP**

O melhoramento genético de plantas perenes é dependente da eficiência de escolha dos melhores indivíduos, para tanto, é necessário métodos de seleção precisos, que permitam a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos a seleção, propiciando uma seleção mais acurada (Laviola et al., 2013).

Nos últimos anos, o uso da metodologia REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction*) tem-se mostrado uma ferramenta flexível, sendo cada vez mais utilizado nos procedimentos de seleção de plantas. No método BLUP (melhor predição linear não viciada), a análise consiste, basicamente, na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associados às observações fenotípicas, ajustando os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio de metodologia de modelos mistos. A predição usando BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos, entretanto, na prática, é necessário estimar esses valores. Utiliza-se normalmente para a estimação dos componentes de variância o método da máxima verossimilhança restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971). Os resultados gerados por esta análise, geralmente evitam a realização de cruzamentos desnecessários bem como a avaliação de indivíduos sem potencial.

Entre as vantagens da metodologia REML/BLUP está a possibilidade de poder ser aplicada em dados desbalanceados; permite utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas mais precisas; não exige dados obtidos sob estrutura rígidas de experimentação, os quais não precisam estar associados a delineamentos, bastando que se tenha informações sobre a genealogia dos indivíduos sob medidas repetidas; permite a estimação da acurácia seletiva e do intervalo de confiança do valor genético predito de cada indivíduo; permite o ajuste de vários modelos alternativos, podendo-se escolher o que se adéqua melhor aos dados e ao mesmo tempo apresenta menor número de parâmetros (Resende, 2007).

A metodologia REML/BLUP vem assumido importância no melhoramento de algumas culturas, como: café (Petek et al., 2008), cupuaçu (Maia et al., 2011), mamão (Silva et al., 2008; Oliveira et al., 2012). No caso do maracujazeiro, existem relatos sobre os trabalhos realizados com a metodologia envolvendo qualidade de

frutos e produção (Assunção et al., 2015; Santos et al., 2015; Silva et al., 2017). Contudo, ainda não existem relatos envolvendo características morfofisiológicas das sementes de maracujazeiro azedo. Dessa forma, o uso do modelo misto pode contribuir para aumentar a eficiência no programa de melhoramento do maracujazeiro azedo, subsidiando a seleção e a recomendação de genótipos superiores.

## **2.5. Programa de melhoramento do maracujazeiro azedo da UNEMAT**

O programa de melhoramento Genético da Universidade do Estado do Mato Grosso tem por objetivo de desenvolver 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, utilizando para obtenção da população base o cruzamento entre oito cultivares comerciais de maracujazeiro azedo: cruzamentos entre as cultivares comerciais BRS Gigante Amarelo x BRS Rubi do Cerrado, BRS Sol do Cerrado x BRS Rubi do Cerrado, BRS Ouro Vermelho x BRS Rubi do Cerrado, FB 100 x BRS Rubi do Cerrado, FB 200 x BRS Rubi do Cerrado, IAC 275 x BRS Rubi do Cerrado, IAC 275 x BRS Sol do Cerrado e IAC 275 x BRS Ouro Vermelho.

A partir da avaliação das características agronômicas, foi realizada a seleção individual das 30 melhores plantas através da metodologia REML/BLUP e a recombinação dessas plantas selecionadas usando família de meio-irmão para a formação da população UNEMAT-01 em 2012. 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.

Também foram formadas três populações denominados UNEMAT S10, UNEMAT S5 e UNEMAT C5. O genótipo UNEMAT S10 foi obtido a partir da seleção de seis plantas do cruzamento BRS Gigante Amarelo x BRS Rubi do Cerrado, duas plantas do cruzamento FB100 x BRS Rubi do Cerrado, uma planta do cruzamento FB200 x BRS Rubi do Cerrado, uma planta do cruzamento BRS Sol do cerrado x

BRS Rubi do Cerrado. Após a seleção, foi realizada a recombinação das plantas selecionadas usando famílias de meio-irmão, onde a mãe foi a própria planta selecionada e o pai foi a mistura de pólen oriundo de todas as plantas selecionadas.

O genótipo UNEMAT S5 foi obtido a partir da seleção de quatro plantas do cruzamento BRS Gigante Amarelo x BRS Rubi do Cerrado e uma planta do cruzamento FB100 x BRS Rubi do Cerrado. Também, após a seleção, foi realizada a recombinação das plantas selecionadas usando famílias de meio-irmão, onde a mãe foi a própria planta selecionada e o pai foi a mistura de pólen oriundo de todas as plantas selecionadas. O genótipo UNEMAT C5 foram as mesmas plantas selecionadas no genótipo UNEMAT S5. No entanto, estas plantas foram clonadas e misturadas para formar uma variedade clonal.

Cavalcante et al. (2016) avaliaram quatro cultivares comerciais de maracujazeiro azedo (BRS Sol do Cerrado, BRS Gigante Amarelo, BRS Rubi do Cerrado e FB 200) e as três populações provenientes do programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo da UNEMAT, denominados UNEMAT S10, UNEMAT S5 e UNEMAT C5 com finalidade de comparar as características de produtividade e qualidade físicas e químicas dos frutos e os resultados obtidos mostraram que os descritores foram eficientes para a diferenciação das populações e que a população UNEMAT S10 possui as características que a distinguem das demais cultivares e das populações avaliadas e possui alto desempenho agrônômico e, portanto poderia ser lançada como cultivar comercial.

Em 2014, visando a formação da população UNEMAT-02, houve a obtenção de 118 famílias de irmãos completos. Em 2015, foi realizada a avaliação das 118 FIC e selecionados as 40 FIC com melhor desempenho morfoagronômico por meio de índices de seleção (Dalbosco, 2015). Em 2016, dando continuidade ao programa de melhoramento genético do maracujazeiro, foram avaliadas 98 famílias de maracujazeiro azedo para a quantificação da divergência genética com base nos descritores morfofisiológicos das sementes e posteriormente ser realizada a seleção das 30 FIC mais divergentes.

A figura 1 esquematiza os avanços do programa de melhoramento genético de maracujazeiro azedo da UNEMAT, via seleção recorrente intrapopulacional.

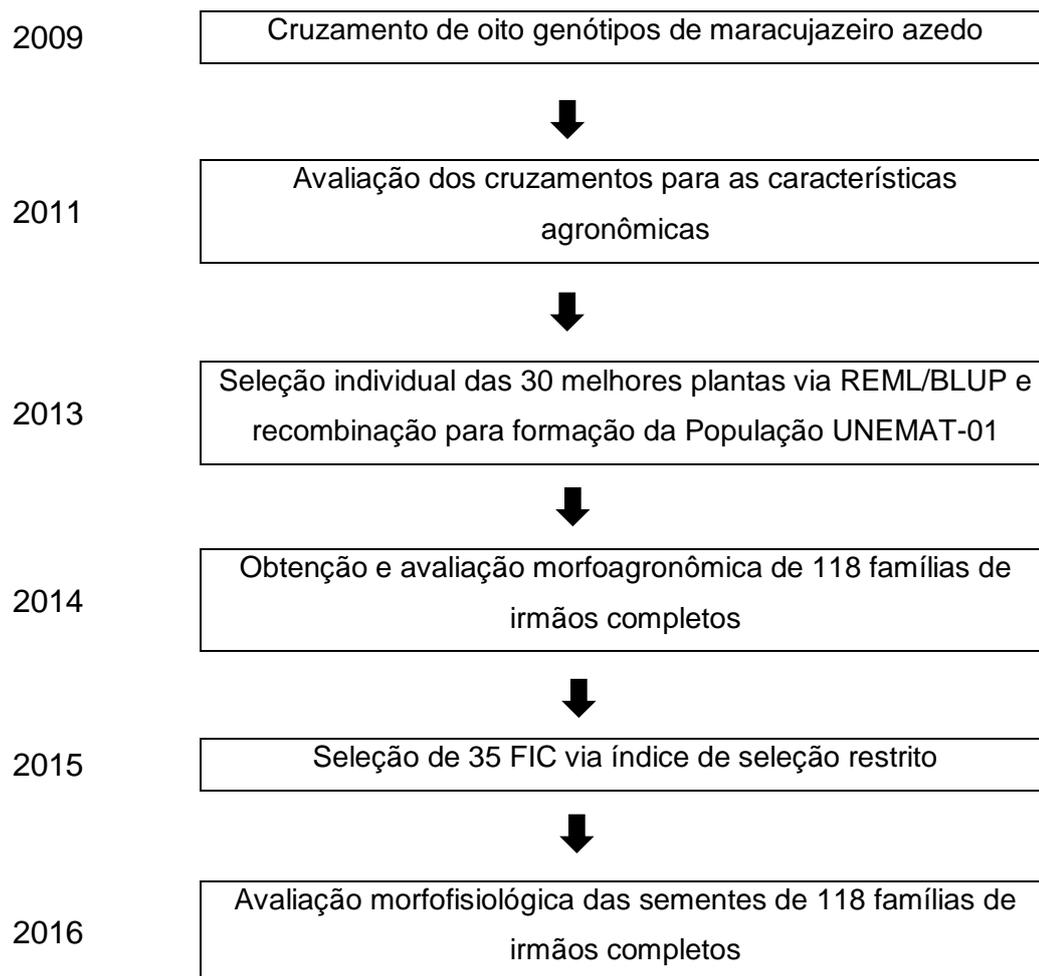


Figura 1. Fluxograma do programa de seleção recorrente intrapopulacional do maracujazeiro azedo da UNEMAT.

### 3. REFERÊNCIAS

ANDRADE, D. B.; OLIVEIRA A. S.; OLIVEIRA C. A. R. M.; SILVA M. A. S. Detection of green seeds in soybean lots by the seed analysis system (sas). **International Journal of Current Research**, 8(1): 26462-26465, 2016.

AOSA. Association of Official Seed Analysts... Seed vigor testing handbook. East Lansing, AOSA, 1983. p. 88.

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.

ÁVILA, M. A. B. **Análise de imagem na avaliação do potencial fisiológico de sementes de soja**. Universidade Federal de Lavras, 2017. 42 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia).

BRASIL. Ministério da Agricultura e da Reforma Agrária. 2009. Regras para análise de sementes. Brasília: SNDA. 395p. 2009.

CARMO, T. V. B.; JUNIOR, R. D. O.; ARAUJO, A. L. R.; MARTINS, L. S. S.; MUSSER, R. S.; SILVA, M. M.; Velocidade de germinação de diferentes genótipos de maracujá do mato, XIII JORNADA DE ENSINO, PESQUISA E EXTENSÃO – JEPEX 2013.

CARDOSO, D. L.; SILVA, R. F.; PEREIRA, M. G.; VIANO, A. P.; ARAÚJO, E. F. Diversidade genética e parâmetros genéticos relacionados à qualidade fisiológica de semente em germoplasma de mamoeiro. **Revista Ceres**. 56: 572-579, 2009.

CAVALCANTE, N. R.; KRAUSE, W.; VIANA, A. P.; SILVA, C. A.; PORTO, K. K. X.; MARTINEZ, R. A. S. Anticipated selection for intrapopulation breeding of passion fruit, **Acta Scientiarum Agronomy**, 39(2): 143 - 148, 2017.

CÍCERO, S. M.; VAN DER HEIJDEN, G. W. A. M.; VAN DER BURG, W. J.; BINO, R. J. Evaluation of mechanical damage in seeds of maize (*Zea mays* L.) by X-ray and digital imaging. **Seed Science and Technology**, 26(3): 603 - 612, 1998.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. S. C.; REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético, 5. ed., UFV, 2014, 668p.

DALBOSCO, E. Z. M. **Índice de seleção aplicado no Melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo**. Tangará da Serra: Universidade do Estado de Mato Grosso, 2015. 77p. (Dissertação - Genética e Melhoramento de Plantas).

DELL'AQUILA, A. Digital imaging information technology applied to seed germination testing. A review. **Agronomy Sustainable Development**, 29: 213–221, 2009.

FAO. OCDE – FAO Perspectivas Agrícolas 2016-2025. Disponível em: <[www.fao.org/3/a-i5778s.pdf](http://www.fao.org/3/a-i5778s.pdf)> Acesso em: 10 jan. 2018.

FERREIRA, A. G.; BORGHETTI, F. **Germinação: do básico ao aplicado**. Porto Alegre: Artmed, 2004. 323 p.

FIORANI, F.; SCHURR, U. Future scenarios for plant phenotyping. **Annual Review of Plant Biology**, 64(1): 267-91, 2013.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; VILLASEÑOR, J.; TABA, S.; EBERHART, S. A. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, 38: 1688-1696, 1998.

FREITAS, M. V. S. **Qualidade fisiológica das sementes e parâmetros genéticos de progênies de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)**. Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2009. 54p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

GOMES JUNIOR, F. G.; MONDO, V. H. V.; CICERO, S. M.; McDONALD, M. B.; BENNETT, M. A. Evaluation of priming effects on sweet corn seeds by SVIS. **Seed Technology**, 31(6): 95-100, 2009.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; BEZERRA NETO, F. V.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Genetic parameter estimates in yellow passion fruit based on design I. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, (52): 523- 530, 2009.

GUSTIN, J. L.; SETTLES, A. M. **Seed phenomics** in: FRITSHE NETO, R.; BORÉM. Phenomics: How Next-Generation Phenotyping is Revolutionizing Plant Breeding. Ed Visconde. Viçosa, 2015.

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

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Quantidade produzida, valor da produção, área plantada e área colhida da lavoura permanente no ano de 2016. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em: 20 de julho de 2017.

KRAUSE, W.; VIANA, A. P., CAVALCANTE, N. R.; AMBRÓSIO, M.; SANTOS, E. A.; VIEIRA, H. D. Digital phenotyping for quantification of genetic diversity in inbred guava (*Psidium guajava*) families. **Genetics and Molecular Research**, 16 (1): 2017.

LAVIOLA, B. G.; OLIVEIRA, A. M. C.; BHERING, L. L.; ALVES, A. A.; ROCHA, R. B.; GOMES, B. E. L.; CRUZ, C. D. Estimates of repeatability coefficients and selection gains in *Jatropha* indicate that higher cumulative genetic gains can be obtained by relaxing the degree of certainty in predicting the best families. **Industrial Crops and Products**, 51: 70-76, 2013.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, L. C.; ALVARES, V. S.; MACIEL, V. T.; LIMA, A. C. Seleção de clones experimentais de cupuaçu para características agroindustriais via modelos mistos. **Revista Agroambiente**, 5: 35-43, 2011.

MARCOS FILHO, J. Fisiologia de sementes de plantas cultivadas. Piracicaba: FEALQ, 2005. 495p.

MAROSTEGA, T. N.; ARAUJO, L. M.; LUZ, P. B.; NEVES, L. G.; BARELLI, M. A. A. Genetic diversity of passiflora accessions based on morphophysiological seed descriptors. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 39(5): e-365, 2017.

MCDONALD, M. B. The Ohio State University Seed Vigor Imaging System (SVIS) for soybean and corn seedlings. **Seed Science and Technology**, 27(1): 7-24, 2005.

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.

OCAMPO, J.; ARIAS, J. C.; UREEA, R. Interspecific hybridization between cultivated and wild species of genus *Passiflora* L. **Euphytica**, 209: 395, 2016.

OLIVEIRA, E. J.; FRAIFE FILHO, G. A.; FREITAS, J. P. X.; DANTAS, J. L. L.; RESENDE, M. D. V. Plant selection in F<sub>2</sub> segregating populations of papaya from commercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 12: 191-198, 2012.

OSIPI, E. A. F.; NAKAGAWA, J. Efeito da temperatura na avaliação da qualidade fisiológica de sementes de maracujá-doce (*Passiflora alata* Dryander). **Revista Brasileira de Fruticultura**, 27: 179- 181, 2005.

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

PETEK, M. R.; SERA, T.; FONSECA, I. C. D. B. Prediction of genetic additive values for development of a coffee cultivar with increased rust resistance. **Bragantia**, 67(1), 133– 140, 2008.

PINTO, C. A. G.; CARVALHO, M. L. M.; ANDRADE, D. B.; LEITE, E. R.; CHALFOUN, I. Image analysis in the evaluation of the physiological potential of maize seeds. **Revista Ciência Agronômica**, 46: 319-328, 2015.

POPINIGIS, F. Fisiologia de sementes. Brasília: Agiplan, 1977. p. 289.

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

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 16(4), 330-339, 2016.

SANTOS, E. A.; VIANA, A. P.; FREITAS, J. C. O.; RODRIGUES, D. L.; TAVARES, R. F.; PAIVA, C. L.; SOUZA, M. M. Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp Crossing. **Euphytica** 204(1):1–11, 2015.

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

SILVA, F. F.; PEREIRA, M. G.; RAMOS, H. C. C.; DAMASCENO JÚNIOR, P. C.; PEREIRA, T. N. S.; GABRIEL A. P. C.; VIANA, A. P. Selection and estimation of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 8: 1 - 8, 2008.

SILVA, F. H. L.; VIANA, A. P.; SANTOS, A.Z.; FREITAS, J. C. O.; RODRIGUES, D. L.; JÚNIOR, A. T. A. Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection, **Acta Scientiarum. Agronomy**, 39(2): 183-190, 2017.

SILVA, S. M.; Oliveira, R. C. de; Almeida, R. F. de, Sá Júnior, A. de; Santos, C. M. dos. Métodos de remoção do arilo e posições das sementes no fruto de maracujá: Germinação e emergência. **Journal of Seed Science**, 37(2), 125-130, 2015.

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.

WHICKER, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selections in plant breeding**. Berling: Walter de Gruyter, 1986. 406 p.

WELTER, M. K.; SMIDERLE, O. J.; UCHÔA, S. C. P.; CHANG, E. P. M. Germinação de sementes de maracujá amarelo azedo em função de tratamentos térmicos. **Revista Agro@ambiente**, 5(3): 227-232. 2011.

#### **4. ANÁLISE DIGITAL DE IMAGENS APLICADA NA QUANTIFICAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE SEMENTES DE MARACUJAZEIRO AZEDO**

##### **RESUMO**

A fenotipagem digital tem sido empregada para mensurar as características morfológicas de sementes, fornecendo resultados com elevada acurácia e rapidez. O objetivo deste trabalho foi avaliar o emprego das características morfofisiológicas de sementes na quantificação da divergência genética entre famílias de irmãos completos de maracujazeiro azedo utilizando o método Ward-MLM. Foram avaliadas sementes de 98 famílias de irmãos completos (FIC) de maracujazeiro do programa de melhoramento genético da UNEMAT, sendo avaliados descritores fisiológicos das sementes, obtidos via teste de germinação e vigor. Também foram analisados descritores morfológicos das sementes, sendo essa análise realizada no equipamento de análise de sementes GroundEye. Para a quantificação da divergência genética foi adotado o método Ward-MLM. O estudo evidenciou que a estratégia Ward-MLM foi eficiente na detecção da divergência genética utilizando variáveis morfológicas e fisiológicas das sementes simultaneamente. Dentre os conjuntos de descritores, os descritores referentes a geometria das sementes foram as que mais contribuíram para a divergência entre as famílias. A estratégia Ward-MLM promoveu a formação de três grupos heteróticos, onde o grupo II apresentou os melhores resultados para os descritores IVE (1,106) e o PEP (65,80%) e o grupo III apresentaram maiores médias para os descritores MSP (4,140), CRN (6,30), IVG (2,503), PGS (90,00) evidenciando possíveis cruzamentos entre as FIC do grupo II e III, sendo uma alternativa viável afim de melhorar as características das sementes.

Palavras-chaves: Fenotipagem, sementes, Ward-MLM.

## **DIGITAL IMAGE ANALYSIS APPLIED IN THE QUANTIFICATION OF GENETIC DIVERGENCE OF SEEDS OF MARACUJAZEIRO AZEDO**

### **ABSTRACT**

Digital phenotyping has been employed to measure the morphological characteristics of seeds, providing results with high accuracy and rapidity. The objective of this work was to evaluate the use of seed morphophysiological characteristics in the quantification of genetic divergence among families of complete sour passion fruit siblings using the Ward-MLM method. Seeds of 98 families of complete sibs (FIC) of passion fruit of the genetic improvement program of the UNEMAT were evaluated, being evaluated the physiological descriptors of the seeds, obtained through germination and vigor test. Morphological descriptors of the seeds were also analyzed, and this analysis was performed in the GroundEye seed analysis equipment. For the quantification of genetic divergence, the Ward-MLM method was adopted. The study showed that the Ward-MLM strategy was efficient in detecting genetic divergence using morphological and physiological seed variables simultaneously. Among the descriptor sets, the descriptors referring to seed geometry were the ones that contributed most to the divergence between the families. The Ward-MLM strategy promoted the formation of three heterotic groups, where group II presented the best results for the descriptors IVE (1,106) and the PEP (65.80%) and group III presented higher averages for the descriptors MSP (4,140), CRN (6,30), IVG (2,503), PGS (90,00) evidencing possible crosses between group II and III ICF, being a viable alternative in order to improve seed characteristics.

Keywords: Phenotyping, Seeds, Ward-MLM.

## INTRODUÇÃO

Impulsionada pela mudança no padrão alimentar que busca uma alimentação mais saudável, o setor da fruticultura foi um dos segmentos que mais cresceu no agronegócio nos últimos anos. A partir desse cenário, a produção mundial de frutas ultrapassou o volume de 830,4 milhões de toneladas em 2014, com perspectiva de crescimento de 1,1% a 2% por ano (FAO, 2017). O Brasil, terceiro maior produtor de frutas frescas, se destaca no mercado da fruticultura por conseguir ofertar frutas tropicais e de clima temperado durante boa parte do ano, consequência da sua extensão territorial, posição geográfica, condições edafoclimáticas.

Dentre os frutos tropicais, destaca-se o maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims.), originário da América Tropical e cultivado em diversas partes do mundo, como Colômbia, Peru, Equador, Venezuela, África do Sul, Zimbábue, Quênia, Angola, Sri Lanka, Taiwan, Malásia, Papua Nova Guiné, EUA. Entretanto, é na Austrália e no Brasil que o maracujazeiro possui maior expressão econômica (Schotsmans e Fischer, 2011). Além disso, o Brasil é o principal produtor e consumidor mundial de maracujá, com uma produção estimada em 703.489 toneladas (IBGE, 2016).

Devido a sua importância econômica, a espécie *P. edulis* tem sido alvo de programas de melhoramento no Brasil e Austrália, visando o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas as diferentes condições edafoclimáticas (McCarthy e Dick, 2017; Tal et al., 2016; Bundock, 2017). Contudo, pouca atenção tem-se dado a qualidade das sementes nesses programas, visto que a semente é um dos principais fatores para o sucesso no estabelecimento e produção da cultura do maracujazeiro (Ocampo et al., 2016).

A qualidade da semente se refere a um conjunto de características que determinam seu valor para a semeadura, considerando os atributos de natureza genética, física, fisiológica e sanitária, que vão determinar o potencial de desempenho desta após semeadura ou durante o armazenamento (Yang e Wen, 2016; Bishaw et al., 2007). Entretanto, muitos dos testes empregados para avaliar a qualidade das sementes, requerem tempo e mão de obra especializada, tornando esse processo oneroso (Sudhakar et al., 2016).

Contudo, o avanço da computação tornou possível mensurar as características morfológicas das sementes através da fenotipagem. A fenotipagem vem sendo utilizada para aumentar a acurácia e rapidez das mensurações das características morfológicas de sementes e plântulas. Com os dados obtidos, a fenotipagem tem auxiliado na identificação de cultivares, determinação de sementes de diferentes cores, danos mecânicos e de classificação de diferentes tamanhos de sementes (Dell'Aquila, 2009; Fiorani e Schurr, 2013).

Dentre as técnicas de fenotipagem, a análise de imagens digitais, se destaca por ser rápida, confiável e não destrutiva, além disso, torna possível extrair informações precisas de características do tamanho, forma, textura e cor das sementes através de imagens digitais e aplica-las na quantificação da divergência genética (Santos et al., 2015; Krause et al., 2017).

Para a quantificação da diversidade genética tem-se empregado o uso das técnicas multivariadas como a metodologia Ward – MLM (*Ward Modified Location Model*), proposto por Franco et al. (1998), que permite analisar variáveis quantitativas e variáveis qualitativas simultaneamente, sendo possível, ainda, definir o número ótimo de grupos e identificar a melhor probabilidade de cada acesso alocar-se em determinado grupo (Gonçalves et al., 2009; Santos et al., 2014; Krause et al., 2017).

Desta forma, o objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética com base características morfofisiológicas de sementes em famílias de irmãos completos de maracujazeiro utilizando o método Ward-MLM, indicar os descritores de sementes que mais contribuíram para divergência genética das FIC e definir possíveis grupos heteróticos, com base em descritores morfofisiológicos de sementes.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### **Local e obtenção das sementes**

As sementes das 98 famílias de irmãos completos (FIC) foram provenientes do programa de melhoramento da UNEMAT conduzidas na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso, município de Tangará da Serra, MT (14°39' latitude sul e 57°25' longitude oeste e altitude de 321 m).

Os frutos de cada FIC foram colhidos nos meses de junho e julho de 2016, quando os frutos atingiam a maturação fisiológica, ou seja, fruto com mais de 70% de coloração amarela (Oliveira et al., 2017). Posteriormente, os frutos foram seccionados transversalmente e as sementes retiradas, junto com os tecidos placentários, com auxílio de uma colher. O material foi então transferido para uma peneira de nylon para retirada do arilo, sendo as sementes friccionadas contra a peneira e lavadas em água corrente para separação do material placentário. Logo após as sementes foram submetidas à secagem em ambiente de laboratório para retirada do excesso de umidade, por um período de dois dias, posteriormente as sementes foram limpas e armazenadas em câmara fria à temperatura de 7 °C até sua utilização (Silva et al., 2015).

### **Análises fisiológicas das sementes**

Foram realizadas as seguintes análises fisiológicas das sementes:

- Massa de mil sementes (MMS): foi determinada pela contagem ao acaso de oito amostras de 100 sementes por FIC, as quais foram pesadas, sendo os valores transformados para a massa de mil sementes e expresso em gramas (g), com uma casa decimal. Conforme Brasil (2009), utilizando a seguinte fórmula:

$$\text{MMS(g)} = \frac{\text{massa da amostra} \times 1000}{\text{n}^\circ \text{ total de sementes}}$$

- Teor de água (TA): determinou-se o teor de água pelo método de estufa a 105°C (± 3), por 24 horas, conforme prescrito nas Regras para Análise de Sementes (Brasil, 2009). Foram utilizadas quatro amostras de 100 sementes por FIC, que foram pesadas antes e após serem colocadas na estufa. Posteriormente foram calculados os resultados e expressos em porcentagem (%). Conforme a formula abaixo:

$$\text{TA (\%)} = \frac{100 \times (P-p)}{P-t}$$

Onde:

P = peso inicial;

p = peso final;

t = tara, peso do recipiente com sua tampa.

- Teste de germinação (TG): para o teste de germinação foram utilizadas quatro repetições de 25 sementes por FIC. Utilizou-se como substrato o papel germitest na forma de rolo, umedecido com água destilada equivalente a 2,5 vezes o peso seco do papel. Os rolos foram levados para câmara de germinação do tipo BOD, com alternância de temperatura de 20-30 °C, e fotoperíodo de 12 h (as 12 horas de luz foi fornecida durante a exposição das sementes à temperatura de 30 °C) por 30 dias (Brasil, 2009).

Ao final do experimento foi calculada a porcentagem de germinação das sementes (PGS), obtida através do número total de sementes germinadas ao final dos 30 dias de avaliação do teste de germinação, calculada para cada repetição dos tratamentos, sendo expressa em porcentagem (%), através da fórmula:

$$PGS (\%) = \frac{(N_i \times 100)}{N_s}$$

Onde:

$N_i$  = número de sementes germinadas;

$N_s$  = número de sementes semeadas.

- Índice de velocidade de germinação (IVG): foi realizado a partir do teste de germinação, sendo avaliado diariamente, durante os 30 dias, sendo consideradas como germinadas apenas aquelas sementes que rompessem o tegumento emitindo radícula com pelo menos 2 mm de comprimento (Hadas, 1976). Sendo os dados de índice de velocidade de germinação calculado conforme Maguire (1962):

$$IVG = \frac{G_1}{N_1} + \frac{G_2}{N_2} + \dots + \frac{G_n}{N_n}$$

Onde:

$G_1, G_2, G_n$  = n° de sementes germinadas da primeira à última contagem;

$N_1, N_2, N_n$  = n° de semanas desde a primeira até a última contagem.

- Porcentagem de emergência de plântulas (PEP): foi realizado o teste de emergência de plântulas em caixas de madeira com dimensões de 400,0 x 100,0 x 10,0 metros, utilizando-se como substrato areia lavada e esterilizada, umedecida inicialmente até atingir 60% da sua capacidade de retenção de água e umedecida sempre que necessário.

Foram utilizadas quatro repetições de 25 sementes para cada FIC, onde o plantio das sementes foi realizado a 3 mm de profundidade e linhas espaçadas por 5 cm. As caixas foram mantidas em ambiente protegido sob temperatura ambiente. As sementes foram avaliadas diariamente por um período de 45 dias (Brasil, 2009). Ao final do experimento, foi contabilizado o número total de plântulas emergidas e calculada a porcentagem de plântulas emergidas através da fórmula:

$$PEP (\%) = \frac{(N_i \times 100)}{N_s}$$

Onde:

$N_i$  = número de plântulas emergidas;

$N_s$  = número de sementes plantadas.

- Índice de velocidade de emergência (IVE): A partir do teste de emergência de plântulas, foi avaliado diariamente o número de plântulas emergidas, sendo para tanto consideradas, emergidas as plântulas que apresentavam os cotilédones totalmente livres. Com esses dados, foi calculado o índice de velocidade de emergência conforme Maguire (1962):

$$IVE = \frac{G_1}{N_1} + \frac{G_2}{N_2} + \dots + \frac{G_n}{N_n}$$

Onde:

$G_1, G_2, G_n$  = número de plântulas emergidas da primeira à última contagem;

$N_1, N_2, N_n$  = número de plântulas desde a primeira até a última contagem.

- Massa seca das plântulas (MSP): Após o teste de emergência, foi determinada a massa seca das plântulas, onde as plântulas foram acondicionadas em sacos de papel e levadas para a estufa de circulação de ar a 70° C por 72 horas.

As pesagens foram efetuadas antes e após a secagem para o cálculo do peso médio da massa seca, expressos em gramas/plântula.

- Comprimento de radícula normais (CRN): foi efetuado utilizando-se as plântulas normais provenientes do teste de emergência. A avaliação foi feita no final do experimento, medindo-se as plântulas normais com paquímetro digital. O resultado foi expresso em cm de radícula/plântula.

### **Análise morfológica das sementes**

A análise dos descritores morfológicos das sementes foi realizada no equipamento de análise de sementes GroundEye no laboratório de tecnologia de sementes da Universidade Estadual Norte Fluminense (UENF) em Campos dos Goytacazes-RJ.

Foram utilizadas quatro repetições de 50 sementes para cada FIC. As sementes foram colocadas sobre uma bandeja de acrílico transparente, espaçadas entre elas. Posteriormente a bandeja foi inserida na câmara de captação do GroundEye para serem analisadas, após a análise o GroundEye fornece uma planilha com valores médios de cada FIC para os descritores analisados.

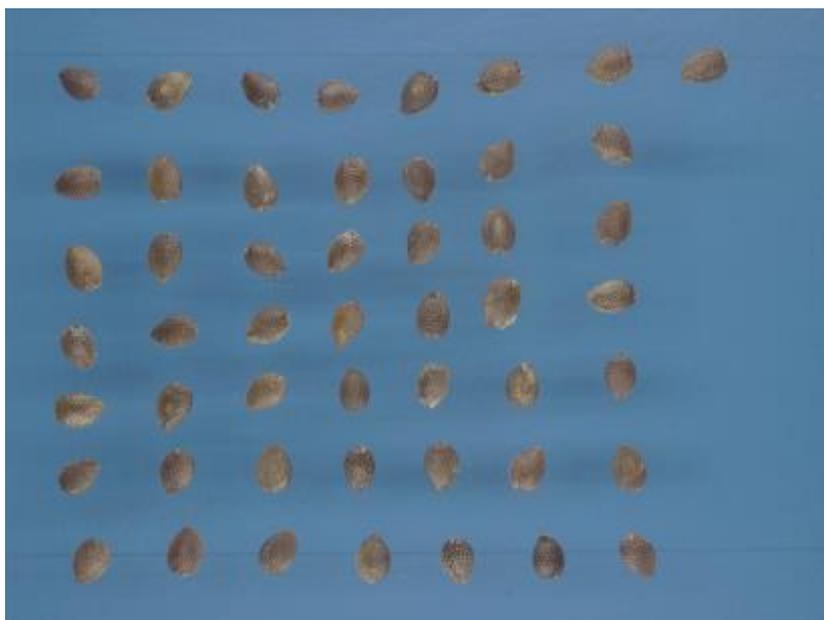


Figura 2. Sementes dispostas em lâmina plástica transparente para aquisição das imagens utilizando o GroundEye.

Foram avaliados 35 descritores de cor, 42 de geometria, 29 de textura, sendo descartadas os descritores que não apresentaram variação entre as FIC.

Os 35 descritores relacionados a cor foram: abaixo do otsu: canal azul (C1); abaixo do otsu: canal verde (C2); abaixo do otsu: canal vermelho (C3); cor: abaixo do otsu: cielab: a (C4); abaixo do otsu: CIELab: b (C5); abaixo do otsu: CIELab: L (C6); acima do otsu: canal azul (C7); acima do otsu: canal verde (C8); acima do otsu: canal vermelho (C9); acima do otsu: CIELab: a (C10); acima do otsu: CIELab: b (C11); acima do otsu: CIELab: L (C12); brilho (C13); CIELab: a (C14); CIELab: b (C15); CIELab: dispersão (C16); CIELab: dispersão de a (C17); CIELab: Dispersão de b (C18); CIELab: Dispersão de L (C19); CIELab: L (C20); concentração da matiz (C21); dominância laranja (C22); dominância preta (C23); intensidade (C24); luma (C25); luminosidade (C26); matiz (C27); média: canal azul (C28); média: canal verde (C29); média: canal vermelho (C30); predominante: canal azul (C31); predominante: canal verde (C32); predominante: canal vermelho (C33); saturação (C34); variância da matiz (C35).

Para geometria, os 42 descritores analisados foram: afinamento (G1); área (G2); área convexa (G3); circularidade (G4); circularidade por fator de forma (G5); circularidade por FFCg (G6); circularidade por FFCm (G7); complexidade da forma (G8); compressão (G9); convexidade do contorno (G10); deformação do contorno (G11); diâmetro contido (G12); diâmetro de Feret (G13); diâmetro máximo (G14); diâmetro máximo lateral (G15); diâmetro mínimo (G16); distâncias convexas (G17); esfericidade da forma (G18); esfericidade da forma modificada (G19); extensão (G20); irregularidade do contorno (G21); mudança de segmentos de retas no perímetro (G22); mudança no perímetro (G23); número de lacunas (G24); número de quinas por harris (G25); número de quinas por susan (G26); perímetro (G27); perímetro convexo (G28); quociente de aspecto (G29); rácio de modificação (G30); retângulos circunscritos: área média (G31); retângulos circunscritos: maior área (G32); retângulos circunscritos: maior aresta (G33); retângulos circunscritos: maior perímetro (G34); retângulos circunscritos: média das maiores arestas (G35); retângulos circunscritos: média das menores arestas (G36); retângulos circunscritos: menor área (G37); retângulos circunscritos: menor aresta (G38); retângulos circunscritos: menor perímetro (G39); retângulos circunscritos: perímetro médio (G40); solidez do contorno (G41); variância elíptica (G42).

Com relação a textura, foram analisadas 29 descritores sendo eles: fourier: média das fases (T1); haralick: correlação (T2); haralick: dissimilaridade (T3); haralick: energia (T4); haralick: entropia (T5); haralick: homogeneidade (T6); haralick: média (T7); haralick: variância (T8); laws: ER (T9); laws: ES (T10); laws: EW (T11); laws: LE (T12); laws: LR (T13); laws: LS (T14); laws: LW (T15); laws: RW (T16); laws: SR (T17); laws: SW (T18); run length: GLD (T19); run length: GLNU (T20); run length: HGRE (T21); run length: LRE (T22); run length: LRHGE (T23); run length: RLD (T24); run length: RLNU (T25); run length: SER (T26); run length: SRHGE (T27); SFM: medida do espaço de frequência (T28); SFM: medida do espaço de frequência modificado (T29).

### **Análise estatística**

A quantificação da divergência genética foi realizada através do método Ward-MLM (*Modified Location Model*) propostos por Franco et al. (1998) e empregada por Viana e Resende (2014). Para isso, primeiramente foi utilizado o índice de Gower (1971), gerando a estimativa do índice de dissimilaridade que varia de 0 a 1. A dissimilaridade foi dada por:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \cdot S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}}$$

Em que:

k = número de descritor (k = 1, 2, ...);

i e j = indivíduos a serem comparados em relação ao descritor k;

p = número total de descritores avaliados; e

S<sub>ij</sub> = a contribuição do descritor k para a distância total.

Se a variável foi qualitativa, S<sub>ijk</sub> assumiu o valor 1, quando há concordância positiva ou negativa para a característica k entre os indivíduos i e j; e em caso contrário quando a variável é quantitativa tem-se:

$$S_{ij} = \frac{|Y_{ik} - Y_{jk}|}{R_k}$$

Onde:

$R_k$  = amplitude de variação da variável  $k$ , assumindo valores 0 e 1 ou inteiros entre estes.

O valor de  $w_{ijk}$  foi um peso usado para definir as contribuições dos  $S_{ijk}$ s individuais. Nesse aspecto, quando o valor da variável  $k$  foi ausente em um ou ambos os indivíduos,  $w_{ijk} = 0$  ou, em caso contrário, igual a 1.

Depois, foi realizada a definição do número ideal de grupos de acordo com os critérios do pseudo  $F$  e pseudo  $T^2$ , pelo método de agrupamento Ward (Ward, 1963). De acordo com o número ideal de grupos, a classificação hierárquica foi obtida pelo método de Ward, que fornece os parâmetros necessários para implementar o passo final do modelo MLM (Crossa e Franco, 2004). As diferenças entre os grupos, e as variáveis canônicas (VC) foram analisadas graficamente. Todas as análises foram realizadas usando o software estatístico SAS (SAS Institute, 2009). Os diagramas foram realizados utilizando o software Sigma Plot, versão 14.0.

Para a análise foram utilizadas diferentes estratégias de quantificação da divergência genética. Primeiramente foi aplicada a metodologia Ward-MLM para cada grupo de descritores de cor, geometria e textura onde foi avaliada a contribuição dos descritores para quantificar a diversidade genética existente entre as FIC, ou seja, que apresentaram as maiores correlações com a primeira variável canônica. Posteriormente, foram utilizadas 30% dos descritores que mais contribuíram para a quantificação da divergência genética dentro de cada grupo (com exceção do grupo fisiológicas, que foram utilizadas todas).

## RESULTADOS

### Seleção dos descritores morfológicos

Foram mensurados 150 descritores morfológicos, sendo 44 descartados porque não houve variação entre as FIC, restando 106 descritores (35 descritores de cor, 42 de geometria, 29 de textura).

Na Tabela 1 estão apresentados as variáveis canônicas e seleção dos descritores morfológicos que mais contribuíram dentro de cada conjunto de

descritores e seus respectivos valores de contribuição. Posteriormente os mesmos foram usados para quantificar a divergência genética existente entre as FIC.

Tabela 1. Contribuição das duas primeiras variáveis canônicas para os descritores de cor, textura e geometria formados pelo método Ward-MLM em 98 famílias de irmãos completos de maracujazeiro-azedo.

Grupo	Descritores	VC1	VC2
Cor	C3	0,887	-0,104
	C5	0,842	0,011
	C13	0,902	-0,074
	C15	0,841	0,013
	C20	0,840	-0,092
	C22	0,903	0,023
	C23	-0,882	-0,002
	C30	0,897	-0,064
	C32	0,839	-0,060
	C33	0,904	-0,039
Geometria	G1	0,894	-0,150
	G5	0,882	-0,148
	G7	0,859	-0,104
	G10	0,888	-0,166
	G11	0,612	0,116
	G18	-0,802	0,140
	G21	-0,889	0,166
	G22	0,716	-0,151
	G23	0,652	-0,155
	G24	-0,747	0,125
	G27	-0,764	0,341
G41	0,641	-0,083	
Textura	T3	0,683	0,340
	T4	0,624	-0,381
	T5	0,638	0,358
	T6	0,669	-0,335
	T19	0,630	-0,206
	T22	0,640	-0,333
	T26	-0,649	0,337
	T28	0,600	0,197
	T29	-0,631	0,145

Descritores de cor: (C3) abaixo do otsu: canal verde; (C5) - abaixo do otsu: CIELab: b; (C13) - brilho; (C15) - CIELab: b; (C20) - CIELab: L; (C22) - dominância laranja; (C23) - dominância preta; (C30) - média: canal vermelho; (C32) - predominante: canal verde; (C33) - predominante: canal vermelho. Descritores de geometria: (G1) - afinamento; (G5) - circularidade por fator de forma; (G7) - circularidade por FFCm; (G10) - convexidade do contorno; (G11) - deformação do contorno; (G18) - esfericidade da forma; (G21) - irregularidade do contorno; (G22) - mudança de segmentos de retas no perímetro; (G23) - mudança no perímetro; (G24) - número de lacunas; (G27) - perímetro; (G41) - solidez do contorno. Descritores de textura: (T3) - haralick: dissimilaridade; (T4) - haralick: energia; (T5) - haralick: entropia; (T6) - haralick: homogeneidade; (T19) - run length: GLD; (T22) - run length: LRE; (T26) - run length: SER; (T28) - SFM: medida do espaço de frequência; (T29) - SFM: medida do espaço de frequência modificado.

### Quantificação da divergência genética

Na quantificação da divergência genética entre as FIC, foi utilizado os descritores morfológicos de maior contribuição (10 descritores de cor, 12 de geometria, 9 de textura), além dos oito descritores fisiológicos. Observou-se que ocorreu a formação de três grupos, mesmo com a diminuição do número de descritores morfológicos e adição dos descritores fisiológicos (Tabela 2).

Verificou-se que o número de FIC variou entre os grupos, sendo o grupo II com maior número de FIC (51), seguido do grupo I (41) e pelo III (6) (Tabela 2). A maior distância obtida foi do grupo II com o III (223,160).

Tabela 2. Número de grupos, número de FIC por grupo e distância entre os grupos formados pelo método Ward-MLM na quantificação da divergência genética de FIC de maracujazeiro-azedo.

Grupos	I (41)	II (51)	III (6)
I	0	30,360	129,190
II	-	0	223,160
III	-	-	0

As distâncias entre os grupos também foram observadas através da análise gráfica (Figura 3), onde é possível observar que as duas primeiras variáveis canônicas representaram 100% da variância, onde a VC1 explicou 84,09% e a VC2 explicou 15,91% dos descritores avaliados. por meio da análise gráfica, é possível observar um distanciamento do grupo III em relação ao grupo I e II, e uma aproximação dos grupos I e II.

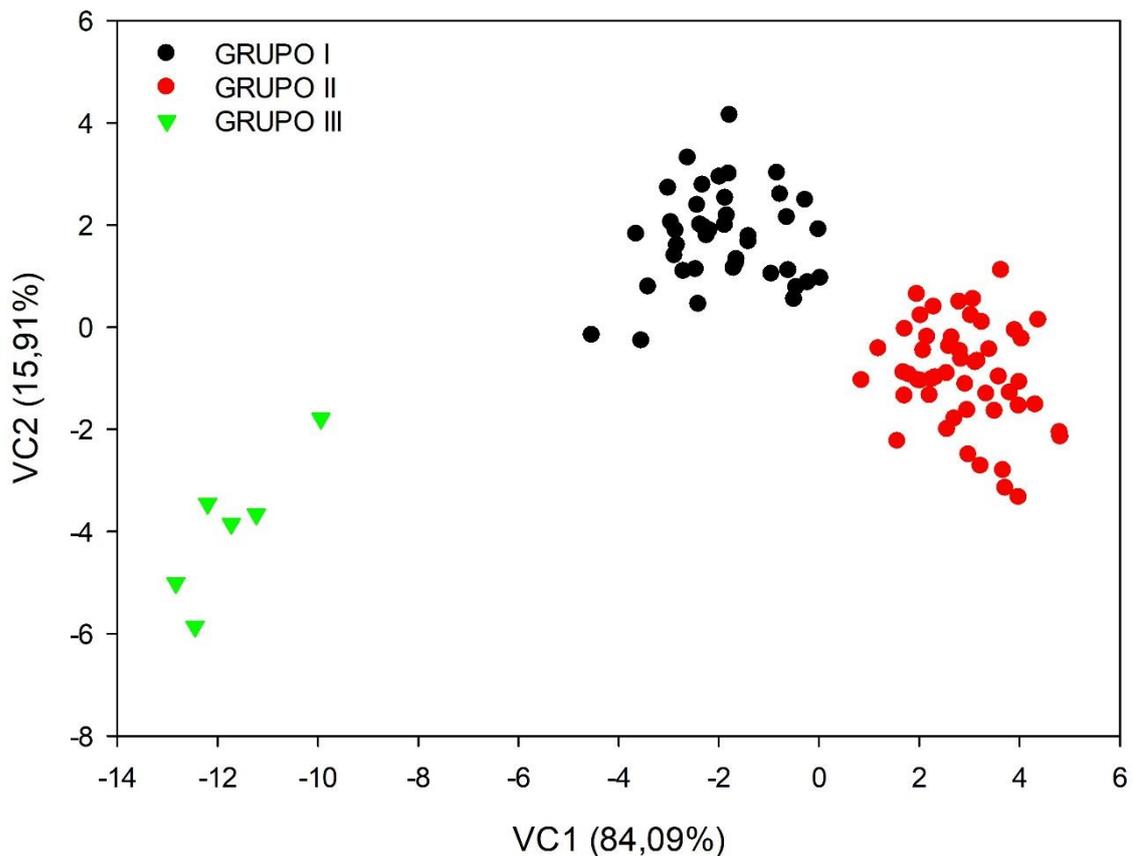


Figura 3. Dispersão das duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2) representando a formação de três grupos pela estratégia Ward-MLM, com base em 39 descritores quantitativos de 98 FIC de maracujazeiro-azedo.

Ao verificar a contribuição dos descritores na quantificação da diversidade genética entre as FIC (Tabela 3), observa-se que o conjunto de descritores de geometria foram os que mais contribuíram para quantificação a divergência genética existente entre as FIC, seguido do conjunto de descritores de cor e textura e por último os descritores fisiológicos. Os descritores G21, G10, G1, G5 e G7 foram os cinco que mais contribuíram para a quantificação da divergência genética, sendo respectivamente: irregularidade do contorno, convexidade do contorno, afinamento, circularidade por fator de forma, circularidade por FFCm.

Tabela 4. Contribuição das duas primeiras variáveis canônicas na quantificação da divergência genética formados pelo método Ward-MLM em 98 famílias de irmãos completos de maracujazeiro-azedo.

Grupo	Descritores	VC1	VC2
Cor	C3	0,714	-0,294
	C5	0,669	-0,190
	C13	0,702	-0,252
	C15	0,661	-0,185
	C20	0,662	-0,248
	C22	0,651	-0,260
	C23	-0,648	0,250
	C30	0,700	-0,243
	C32	0,667	-0,305
	C33	0,691	-0,312
Geometria	G1	0,802	0,205
	G5	0,788	0,116
	G7	0,779	0,203
	G10	0,797	0,261
	G11	0,515	0,011
	G18	-0,768	-0,352
	G21	-0,797	-0,260
	G22	0,657	0,142
	G23	0,762	0,206
	G24	-0,730	-0,254
	G27	-0,775	-0,325
G41	0,636	0,160	
Textura	T3	0,284	-0,054
	T4	-0,415	0,047
	T5	0,369	-0,045
	T6	-0,310	0,092
	T19	-0,106	0,022
	T22	-0,317	0,143
	T26	0,292	-0,120
	T28	0,506	-0,032
	T29	0,488	-0,018
Fisiológica	MSP	-0,059	0,010
	CRN	-0,002	-0,199
	IVE	0,057	-0,076
	PEP	0,062	-0,076
	IVG	-0,183	-0,002
	PGS	-0,077	-0,102
	TA	0,155	0,159
	MMS	-0,167	-0,029

Descritores de cor: (C3) abaixo do otsu: canal verde; (C5) - abaixo do otsu: CIELab: b; (C13) - brilho; (C15) - CIELab: b; (C20) - CIELab: L; (C22) - dominância laranja; (C23) - dominância preta; (C30) - média: canal vermelho; (C32) - predominante: canal verde; (C33) - predominante: canal vermelho. Descritores de geometria: (G1) - afinamento; (G5) - circularidade por fator de forma; (G7) - circularidade por FFCm; (G10) - convexidade do contorno; (G11) - deformação do contorno; (G18) - esfericidade da forma; (G21) - irregularidade do contorno; (G22) - mudança de segmentos de retas no perímetro; (G23) - mudança no perímetro; (G24) - número de lacunas; (G27) - perímetro; (G41) - solidez do contorno. Descritores de textura: (T3) - haralick: dissimilaridade; (T4) - haralick: energia; (T5) - haralick: entropia; (T6) - haralick: homogeneidade; (T19) - run length: GLD; (T22) - run length: LRE; (T26) - run length: SER; (T28) - SFM: medida do espaço de frequência; (T29) - SFM: medida do espaço de frequência modificado. Descritores fisiológicos: (MSP) - Massa Seca de plântulas; (CRN) - Comprimento Radícula Normais; (IVE) - Índice de Velocidade de Emergência; (PEP) - Porcentagem de Emergência de Plântulas; (IVG) - Índice de Velocidade de Germinação; (PGS) - Porcentagem de Germinação de Sementes; (TA) - Teor de Água; (MMS) - Massa de Mil Sementes.

Ao comparar a média dos descritores fisiológicos (Tabela 5) o grupo III apresentou as maiores médias para os descritores MSP (0,414), CRN (63,072), IVG (2,503), PGS (0,900) e MMS (26,499), já o grupo II apresentou as maiores médias para os descritores IVE (1,106) e o PEP (0,658) e o grupo I somente para o descritor TA (11,013).

Tabela 5. Médias e desvio padrão dos descritores fisiológicos para cada um dos três grupos formados pela estratégia Ward-MLM em 98 FIC de maracujazeiro-azedo.

Descritores Fisiológicos	Grupos			Média geral
	I (41)	II (51)	III (6)	
MSP (g)	0,393±0,20	0,378±0,14	4,140±0,21	0,393±0,18
CRN (cm)	5,62±1,20	5,94±1,10	6,30±0,94	5,94±1,14
IVE	1,065±0,28	1,106±0,19	1,084±0,20	1,084±0,24
PEP (%)	63,40±0,16	65,80±0,10	64,30±0,11	64,30±0,13
IVG	2,2510,57	2,131±0,51	2,503±0,48	2,251±0,54
PGS (%)	83,40±0,13	84,10±0,13	90,00±0,05	84,10±0,13
TA (%)	11,01±1,75	10,96±1,25	9,722±1,34	10,96±1,51
MMS (g)	2,52±0,26	2,49±0,22	2,64±0,15	2,52±0,23

Descritores: (MSP) - Massa Seca de plântulas; (CRN) - Comprimento Radícula Normais; (IVE) - Índice de Velocidade de Emergência; (PEP) - Porcentagem de Emergência de Plântulas; (IVG) - Índice de Velocidade de Germinação; (PGS) - Porcentagem de Germinação de Sementes; (TA) - Teor de Água; (MMS) - Massa de Mil Sementes.

## DISCUSSÃO

A quantificação da divergência genética pelo método Ward-MLM por meio da função da verossimilhança, determinou como três o número ideal de grupos, mesmo após a diminuição do número de descritores morfológicos e adição dos descritores fisiológicos. A formação dos três grupos demonstra que existe variabilidade genética a ser explorada na população.

Além disso, a formação de três grupos demonstrou que a utilização de descritores referentes a cor, geometria e textura mensuradas por meio da análise digital de imagens das sementes foram eficientes na quantificação na divergência genética, mesmo utilizando uma quantidade reduzida de descritores (10 descritores de cor, 12 de geometria e nove de textura). Esses resultados corroboram com Krause et al. (2017) onde trabalhando com fenotipagem digital de sementes de 61

genótipos de goiabeiras (*Psidium guajava* L.) estimou a divergência genética com base nas características morfológicas das sementes (cor, textura e geométrica) e evidenciou que 30% das variáveis (nove variáveis de cor, 12 de geometria e seis de textura) foram suficientes para se realizar a estimação da variabilidade genética, podendo ser até mesmo reduzido para 10% das variáveis (três variáveis de cor, quatro de geometria e duas de textura).

Em relação a distância genética, a maior distância foi observada entre os grupos II e III (Tabela 3). Esse distanciamento é um indicativo de possíveis cruzamentos entre as FIC desses grupos. Na busca de divergência genética entre as populações, a porcentagem elevada de genótipos similares, reduz a possibilidade de obtenção de híbridos interpopulacionais. Neste sentido, a escolha de populações de grupos que apresentem maiores divergências, pode ser usadas na busca de cruzamentos contrastantes, pois podem explorar a heterose.

Para que ocorra uma interpretação satisfatória da variabilidade genética existente entre as FIC é necessário que as duas primeiras variáveis canônicas permitam estimativas mínimas de 80% da variação total contida no conjunto de descritores. Devido ao fato das duas primeiras variáveis canônicas terem explicado 100% da variância total dos descritores analisados (Figura 3), é possível explicar de maneira satisfatória a variabilidade existente entre as FIC em um gráfico de dispersão bidimensional (Cruz et al., 2012). Paiva et al. (2014), trabalhando com diversidade genética de onze espécies do gênero *passiflora* verificaram que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram 91,16% da variação total, sendo que a VC1 explicou 80,30% e a VC2 explicou 10,86% sendo a representação gráfica bidimensional satisfatória.

Na análise da contribuição dos descritores para quantificação a diversidade genética existente entre as FIC, verificou-se que o conjunto de descritores referente a geometria foram as que mais contribuíram para quantificar a divergência genética existente entre as FIC, seguido do conjunto de descritores de cor, textura e por último os fisiológicos (Tabela 2). Resultados que corroboram com Krause et al. (2017), que trabalhando com quantificação da diversidade genética em famílias de goiabeira (*Psidium guajava*), através da fenotipagem digital, avaliaram 136 variáveis relacionadas a cor, geometria e textura, obtidas via GroundEye constatando que o

conjunto de variáveis referente a geometria das sementes foram as que mais contribuíram para a divergência entre os genótipos de goiabeira.

Em relação a contribuição dos descritores, os cinco que mais contribuíram para a quantificação da divergência genética, são descritores referente a geometria da semente, sendo respectivamente: Irregularidade do contorno, Convexidade do contorno, Afinamento, Circularidade por fator de forma, Circularidade por FFCm. Observa-se que por se tratar de descritores relacionados a geometria das sementes, as características em relação a “forma” da semente tiveram papel importante na quantificação da divergência entre as FIC.

A contribuição dos descritores referentes a geometria da semente evidencia uma possível correlação entre os descritores morfológicos e fisiológicos. Essa correlação é explicada por Lurstwut e Pornpanomchai (2017) onde ao trabalharem com análise digital de imagens para avaliar a germinação de sementes de arroz (*Oryza sativa* L.), constataram que dentre as características avaliadas (cor, forma e textura) as características relacionadas a geometria (forma) da sementes apresentaram maior confiabilidade na avaliação de germinação das sementes, uma vez que o sistema de análise de imagens consegue detectar sementes que apresentem forma irregular (sementes quebradas, mal formadas, etc..) com maior precisão, sendo também, tais danos que provocam mais perdas em um lote de sementes.

Os mesmos autores destacam ressaltam correlação entre as características relacionadas a cor que permitem detectar o envelhecimento das sementes ou uma semente contaminada com fungos, enquanto características relacionadas a textura pode detectar sementes de arroz rachadas ou contaminação por fungos, o que aumenta consideravelmente a taxa de precisão das análises (Lurstwut e Pornpanomchai, 2017)

Nas médias dos descritores fisiológicos (Tabela 5), é possível afirmar que o grupo III apresentou sementes maiores, com rápida e alta taxa de germinação, além de apresentarem um melhor desenvolvimento das plântulas em campo, pois apresentaram maiores médias para os descritores MSP (4,140), CRN (6,30), IVG (2,503), PGS (90,00). Sementes de alto vigor estão fortemente associadas a uma maior massa das sementes, uma vez que apresentam um elevado teor calórico e proteínas das sementes. Desta forma, semente maiores tendem a ter um maior

poder germinativo devido estarem melhor nutridas, tendo por consequência um melhor estabelecimento das plântulas em campo (Snider et al., 2016).

A rápida germinação e o crescimento mais vigoroso das plântulas evidenciado no grupo III, tendem a promover melhor o estabelecimento das plantas em campo, além de aumentar o período de expressão de doenças e a susceptibilidade a pragas nos primeiros estádios de desenvolvimento (Elliott et al., 2008; Liu et al., 2015; Snider e Oosterhuis, 2015). Contudo, o grupo II apresentou os melhores resultados para os descritores IVE (1,106) e o PEP (0,658), ou seja, tiveram um desempenho melhor da sua velocidade e taxa de emergência de plântulas em condições de campo. Desta forma, possíveis cruzamentos entre as FIC do grupo II e III, é uma alternativa viável afim de melhorar as características das sementes.

## **CONCLUSÕES**

A estratégia Ward-MLM foi eficiente na detecção da divergência genética entre as famílias de irmãos completos de maracujazeiro azedo utilizando variáveis morfológicas e fisiológicas das sementes simultaneamente.

O conjunto de descritores referente a geometria das sementes foram as que mais contribuíram para a divergência entre as famílias, com destaque para os descritores irregularidade do contorno, convexidade do contorno, afinamento, circularidade por fator de forma, circularidade por FFCm.

Houve a formação de três grupos heteróticos, evidenciando que existe variabilidade a ser explorada. Entre os grupos formados, cruzamentos entre as FIC do grupo II e III, são uma alternativa viável afim de melhorar as características das sementes.

## REFERÊNCIAS

- BISHAW, Z.; NIANE A. A.; GAN, Y. Quality Seed Production. In: YADAV, S. S.; MCNEIL, D. L.; STEVENSON, P. C. (ed). **Lentil. An Ancient Crop for Modern Times**. Holanda: Springer, 2007. p.349-383.
- BRASIL. Ministério da Agricultura e da Reforma Agrária. 2009. Regras para análise de sementes. Brasília: SNDA. 395p. 2009.
- BUNDOCK, P. PF15000 National passionfruit breeding program. The Passion Vine, set. 2017.
- CROSSA, J.; FRANCO, J. Statistical methods for classifying genotypes. *Euphytica*, 137(1): 19 - 37, 2004.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.S.C.; REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético, 5. ed., UFV, 2014, 668p.
- DELL'AQUILA, A. Digital imaging information technology applied to seed germination testing. A review. **Agronomy Sustainable Development**, 29: 213–221, 2009.
- ELLIOTT, R. H.; FRANKE, C.; RAKOW, G. F. W. Effects of seed size and seed weight on seedling establishment, vigour and tolerance of Argentine canola (*Brassica napus*) to flea beetles, *Phyllotreta* spp. *Can. J. Plant Science*. 88, 207–217. 2008.
- FAO. OCDE – FAO Perspectivas Agrícolas 2017-2026. Disponível em: <[www.fao.org/3/a-i5778s.pdf](http://www.fao.org/3/a-i5778s.pdf)> Acesso em: 10 jan. 2018.
- FIORANI, F.; SCHURR, U. Future scenarios for plant phenotyping. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, 64(1): 267-91, 2013.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; VILLASEÑOR, J.; TABA, S.; EBERHART, S.A. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, 38: 1688-1696, 1998.

GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C. P. Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research**, 8(1): 364-374, 2009.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, 27(4):857-874, 1971.

HADAS, A. Water uptake and germination of leguminous seeds under changing external water potential in osmotic solution. **Journal of Experimental Botany**, 52: 480-489, 1976.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Quantidade produzida, valor da produção, área plantada e área colhida da lavoura permanente no ano de 2016. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em: 20 de julho de 2017.

KRAUSE, W.; VIANA, A. P., CAVALCANTE, N. R.; AMBRÓSIO, M.; SANTOS, E. A.; VIEIRA, H. D. Digital phenotyping for quantification of genetic diversity in inbred guava (*Psidium guajava*) families. **Genetics and Molecular Research**, 16 (1): 2017.

LIU, S.; REMLEY, M.; BOURLAND, F. M.; NICHOLS, R. L.; STEVENS, W. E.; PHILLIPS JONES, A.; FRITSCHI, F. B.; Early vigor of advanced breeding lines and modern cotton cultivars. **Crop Science**. 55 (1):1729–1740, 2015.

LURSTWUT, B.; PORNPANOMCHAI, C. Image analysis based on color, shape and texture for rice seed (*Oryza sativa* L.) germination evaluation. **Agriculture and Natural Resources**, 51(5): 1 – 17, 2017.

MCCARTHY, A.; DICK, J. 'Passionfruit culture'. Farmnote. Department of Agriculture, Western Australia. 2017.

MAGUIRE, J. D. Speed of germination aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. **Crop Science**, 2:176-177, 1962.

OCAMPO, J.; ARIAS, J. C.; UREEA, R. Interspecific hybridization between cultivated and wild species of genus *Passiflora* L. **Euphytica**, 209: 395, 2016.

OLIVEIRA, A. B.; LOPES, M. M. A.; MOURA, C. F. H.; OLIVEIRA, L. S.; SOUZA, K. O.; FILHO, E. G.; URBAN, L.; MIRANDA, M. R. A. Effects of organic vs. conventional farming systems on quality and antioxidant metabolism of passion fruit during maturation, **Scientia Horticulturae**, 222: 84-89, 2017.

PAIVA, C. L.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; SILVA, R. N. O.; OLIVEIRA, E. J. Diversidade genética de espécies do gênero *Passiflora* com o uso da estratégia Ward -MLM, **Revista Brasileira de Fruticultura**, 36(2): 381 - 390, 2014.

SANTOS, E. A.; VIANA, A. P.; FREITAS, J. C. O.; SOUZA, M. M.; PAIVA, C. L.; RODRIGUES, D. L.; TAVARES, R. F. Phenotyping of *Passiflora edulis*, *P. setacea*, and their hybrids by a multivariate approach. **Genetics and Molecular Research**, 13 (4): 9828-9845, 2014.

SAS INSTITUTE. Statistical Analysis System: User's Guide. SAS, Cary, 2009.

SCHOTSMANS, W. C.; FISCHER, G. Passion fruit (*Passiflora edulis* Sim.). In: Postharvest Biology and Technology of Tropical and Subtropical Fruits. 1nd. Elsevier Science Ltd. 2011. p. 125 – 142.

SILVA, S. M.; OLIVEIRA, R. C.; ALMEIDA, R. F.; SÁ JÚNIOR, A.; SANTOS, C. M. Aryl removal methods and passion fruit seed positions: Germination and emergence. **Journal of Seed Science**, 37(2): 125-130, 2015.

SNIDER, J. L.; OOSTERHUIS, D. M. Physiology. In: Fang, D., Percy, R. (Eds.), *Agronomy Monograph 57, Cotton*. 2nd edition. ASA-CSSA-SSSA, Madison, WI, 2015. p. 339 – 400.

SNIDER, J. L.; COLLINS, G. D.; WHITAKER, J.; CHAPMAN, K. D.; HORN, P. The impact of seed size and chemical composition on seedling vigor, yield, and fiber quality of cotton in five production environments. **Field Crops Research**, 193:186-195, 2016.

SUDHAKAR, P.; LATHA, P.; REDDY, P. V. Seed physiological and biochemical traits. In: SUDHAKAR, P.; LATHA, P.; REDDY, P. V. *Phenotyping Crop Plants for Physiological and Biochemical Traits*. 1nd. Elsevier Science Ltd. 2016. p. 17 – 24.

TAL Y.; ANAVI, S.; REISMAN, M.; SAMACH, A.; TIROSH, O; TROEN, A. The neuroprotective properties of a novel variety of passion fruit. **Journal of Functional Foods**, 23: 259-369, 2016.

VIANA, A. P.; RESENDE, M. D. V. *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. 1. ed. Rio de Janeiro: Interciencia, 2014, 296p.

WARD, J. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of American Statistical Association**, 58(1): 236 - 244, 1963.

YANG, L; WEN, B. Quality Seed. In: THOMAS, B.; MURPHY, D. J.; MURRAY, B. G. (ed). **Encyclopedia of Applied Plant Sciences**. 2nd ed. Elsevier Science Ltd. 2016. p. 553 – 563.

## 5. EMPREGO DA FENOTIPAGEM DIGITAL NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE MARACUJAZEIRO AZEDO VIA REML/BLUP

### RESUMO

Na fruticultura brasileira, o maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims) apresenta alto potencial de comercialização dos frutos. Contudo, existe a carência de cultivares adaptados as diferentes regiões do país. Nesse sentido, a qualidade morfofisiológica das sementes é fator primordial para o estabelecimento das plantas no campo e a melhor forma de distribuir as características do melhoramento genético às sucessivas gerações. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos, prever o ganho genético por diferentes índices de seleção via metodologia REML/BLUP utilizando características morfofisiológicas de sementes de maracujazeiro azedo. Foram avaliadas sementes de 98 famílias de irmãos completos (FIC), sendo o delineamento experimental adotado o de blocos casualizados, com três repetições e três plantas por parcela, onde foram avaliadas 13 variáveis morfofisiológicas das sementes. Foi realizado a estimação dos parâmetros genéticos pela metodologia REML/BLUP e empregados os índices de seleção Smith e Hazel, Subandi e Mulamba e Mock para ranquear todos os indivíduos, selecionando as 30 melhores FIC por índice. Foram verificadas altas herdabilidades individuais no sentido restrito para todas as variáveis avaliadas, sendo essas comprovadas pelos valores das acurácias obtidas, indicando excelente possibilidade para seleção individual de plantas utilizando a metodologia REML/BLUP. Ao avaliar o emprego dos índices de seleção verificou-se que os índices multiplicativo, clássico e de soma de ranks, propiciaram progresso genético superior para todas as famílias de irmãos completos de maracujazeiro, apresentando elevado grau de coincidência entre as famílias selecionadas.

Palavras-chave: Ganhos genéticos, *Passiflora edulis* Sims, sementes.

## EMPLOYMENT OF DIGITAL PHENOTYPES IN THE SELECTION OF FAMILIES OF COMPLETE BROTHERS OF AZACAJARAE AZEDO VIA REML / BLUP

### ABSTRACT

In Brazilian fruit production, the passion fruit sour (*Passiflora edulis* Sims) presents high potential of commercialization of the fruits. However, there is a lack of cultivars adapted to the different regions of the country. In this sense, the morphophysiological quality of the seeds is a primordial factor for establishing the plants in the field and the best way to distribute the characteristics of the genetic improvement to successive generations. Thus, the objective of this work was to estimate the genetic parameters, to predict the genetic gain by different selection indices using REML / BLUP methodology, using morphophysiological characteristics of sour passion fruit seeds. Seeds from 98 families of complete siblings (FIC) were evaluated. The experimental design was a randomized block design, with three replications and three plants per plot, where 13 morphophysiological variables were evaluated. The genetic parameters were estimated by the REML / BLUP methodology and the Smith and Hazel, Subandi and Mulamba and Mock indexes were used to rank all the individuals, selecting the 30 best FIC by index. High individual heritabilities were verified in the restricted sense for all the evaluated variables, being these proved by the values of the accuracy obtained, indicating excellent possibility for individual selection of plants using the REML / BLUP methodology. When evaluating the use of selection indexes, it was verified that the multiplicative, classic and sum of ranks indexes provided superior genetic progress for all the families of complete sibs of passion fruit, presenting a high degree of coincidence among the selected families.

Keywords: Genetic gains, *Passiflora edulis* Sims, seeds.

## INTRODUÇÃO

A fruticultura foi um dos setores do agronegócio que mais se expandiu nos últimos anos, prova disso, é o crescimento na demanda por frutas no mercado externo e o aumento no consumo per capita de frutas no mundo (FAO, 2017). Nesse cenário, o Brasil se destaca por ser o terceiro maior produtor mundial de frutas. Reconhecido mundialmente pela grande variedade de frutas produzidas, oferecendo no mercado mundial frutas de clima tropical, subtropical ou temperado (Feliciano, 2016).

Na fruticultura brasileira, o maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims) vem se destacando pelo alto valor nutricional e apreciação dos seus frutos, fato, evidenciado por sua popularização no mercado interno nos diferentes segmentos de consumo. Adaptado as condições edafoclimáticas de quase todos os estados brasileiros, a produção nacional do maracujazeiro tem aumentado ano após ano, contudo, apesar do aumento significativo de produção, a produtividade média ainda é muito baixa, principalmente no cerrado, região onde o maracujá apresenta maior potencial econômico (Cerqueira-Silva et al., 2014).

Dentre os fatores responsáveis pela baixa produtividade, destaca-se o baixo emprego de tecnologia de produção, carência de cultivares adaptadas as diferentes regiões e problemas fitossanitários. Nesse sentido, os programas de melhoramento do maracujazeiro azedo têm contribuído para melhorar características morfológicas, fisiológicas e agronômicas das plantas para que promovam maior incremento de produtividade e melhoria na qualidade de frutos (Cavalcante et al., 2017; Silva et al., 2017). Entretanto, ainda são poucos os relatos envolvendo a melhoria da qualidade das sementes nesses programas, visto que a semente é um dos principais fatores para o sucesso no estabelecimento e produção da cultura do maracujazeiro (Ocampo et al., 2016).

A qualidade morfofisiológica das sementes é fator primordial para o estabelecimento das plantas no campo, além disso, a semente é o principal veículo de reprodução das plantas através do tempo e do espaço, e a forma de distribuir as características do melhoramento genético às sucessivas gerações (Yang e Wen, 2016).

No entanto, para o sucesso de um programa de melhoramento genético se faz necessário a utilização de metodologias específicas que traduzam fielmente a herdabilidade dos genitores a serem selecionados, resultando em plantas sucessoras produtivas e que obtenham qualidade padrão de frutos (Holland et al., 2002). Uma das alternativas para seleção de plantas, é o emprego da metodologia REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) que fornece dados mais precisos e acurados, aumentando a eficiência dos programas de melhoramento (Resende, 2002).

Outra alternativa viável é a utilização dos índices de seleção, os quais são utilizados no melhoramento de plantas para a seleção de múltiplas características, o que possibilita a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados, pois reúnem diversos atributos favoráveis (Cruz et al., 2012). No maracujazeiro, onde existem várias características agronômicas importantes a serem melhoradas, os índices de seleção vêm sendo aplicados e apresentado bons resultados nos ganhos genéticos. Dentre os índices avaliados, tem-se destacado o índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), multiplicativo (Subandi et al., 1973) e o índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978).

Assim, o presente trabalho teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos e prever o ganho genético por diferentes índices de seleção via metodologia REML/BLUP utilizando características fisiológicas e morfológicas de sementes de maracujazeiro azedo.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### **Local e obtenção das sementes**

As sementes das 98 famílias de irmãos completos (FIC) foram provenientes do programa de melhoramento da UNEMAT conduzidas na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso, município de Tangará da Serra, MT (14°39' latitude sul e 57°25' longitude oeste e altitude de 321 m). O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, com três repetições e três plantas por parcela. O espaçamento foi de 3,0 m entre plantas e de 3,0 m conduzido sob espaldeira vertical.

Os frutos de cada FIC foram colhidos nos meses de junho e julho de 2016, quando os frutos atingiam a maturação fisiológica, ou seja, fruto com mais de 70% de coloração amarela (Oliveira et al., 2017). Posteriormente, os frutos foram seccionados transversalmente e as sementes retiradas, junto com os tecidos placentários, com auxílio de uma colher. O material foi então transferido para uma peneira de nylon para retirada do arilo, sendo as sementes friccionadas contra a peneira e lavadas em água corrente para separação do material placentário. Logo após as sementes foram submetidas à secagem em ambiente de laboratório para retirada do excesso de umidade, por um período de dois dias, posteriormente as sementes foram limpas e armazenadas em câmara fria à temperatura de 7 °C até sua utilização (Silva et al., 2015).

**Variáveis avaliadas:**

a) Massa de mil sementes (MMS)

A massa de mil sementes foi determinada pela contagem ao acaso de oito amostras de 100 sementes por FIC, as quais foram pesadas, sendo os valores da massa de mil sementes expresso em gramas, com uma casa decimal conforme Brasil (2009), utilizando a seguinte fórmula:

$$\text{MMS(g)} = \frac{\text{massa da amostra} \times 1000}{\text{n}^\circ \text{ total de sementes}}$$

b) Teor de água (TA)

O teor de água foi determinado pelo método de estufa a 105°C (± 3), por 24 horas, conforme prescrito nas Regras para Análise de Sementes (Brasil, 2009). Foram utilizadas quatro amostras de 100 sementes que foram pesadas antes e após serem colocadas na estufa.

Fórmula da porcentagem de umidade:

$$\text{TA (\%)} = \frac{100 \times (P-p)}{P-t}$$

P = peso inicial;

p = peso final;

t = tara, peso do recipiente com sua tampa.

c) Teste de germinação (TG)

Nesse teste foram utilizadas quatro repetições de 25 sementes por FIC. Utilizou-se como substrato o papel germitest na forma de rolo, umedecido com água destilada equivalente a 2,5 vezes o peso seco do papel. Os rolos foram levados para câmara de germinação do tipo BOD, com alternância de temperatura de 20-30°C, e fotoperíodo de 12 h (as 12 horas de luz foi fornecida durante a exposição das sementes à temperatura de 30°C) por 30 dias (Brasil, 2009). Ao final do experimento foi calculada a porcentagem de germinação sementes (PGS).

d) Índice de velocidade de germinação (IVG)

O índice foi realizado a partir do teste de germinação, sendo avaliado diariamente, durante os 30 dias, sendo consideradas como germinadas apenas aquelas sementes que rompessem o tegumento emitindo radícula com pelo menos 2 mm de comprimento (Hadas, 1976). Com esses dados, foi calculado o índice de velocidade de germinação conforme Maguire (1962):

$$IVG = \frac{G_1}{N_1} + \frac{G_2}{N_2} + \dots + \frac{G_n}{N_n}$$

Onde:

$G_1, G_2, G_n$  = nº de sementes germinadas da primeira à última contagem;

$N_1, N_2, N_n$  = nº de semanas desde a primeira até a última contagem.

e) Porcentagem de emergência de plântulas (PEP)

A porcentagem de emergência de plântulas foi realizada em caixas de madeira com dimensões de 400,0 x 100,0 x 10,0 cm, utilizando-se como substrato areia lavada e esterilizada, umedecida inicialmente até atingir 60% da sua capacidade de retenção de água e umedecida sempre que necessário. Foram utilizadas quatro repetições de 25 sementes para cada FIC, onde o plantio das sementes foi realizado a 3 mm de profundidade e linhas espaçadas por 5 cm. As caixas foram mantidas em casa de vegetação sob temperatura ambiente. As sementes foram avaliadas diariamente por um período de 45 dias (Brasil, 2009). Ao final do experimento, foi contabilizado o número total de plântulas emergidas e calculada a porcentagem de plântulas emergidas.

f) Índice de velocidade de emergência (IVE)

A partir do teste de emergência de plântulas, foi avaliado diariamente o número de plântulas emergidas, sendo para tanto consideradas, emergidas as plântulas que apresentavam os cotilédones totalmente livres. Com esses dados, foi calculado o índice de velocidade de emergência conforme Maguire (1962):

$$IVE = \frac{G_1}{N_1} + \frac{G_2}{N_2} + \dots + \frac{G_n}{N_n}$$

Onde:

$G_1, G_2, G_n$  = nº de plântulas emergidas da primeira à última contagem;

$N_1, N_2, N_n$  = nº de plântulas desde a primeira até a última contagem.

g) Massa seca das plântulas (MSP)

Após o teste de emergência, foi determinada a massa seca das plântulas, onde as plântulas foram acondicionadas em sacos de papel e levadas para a estufa de circulação de ar a 70° C por 72 horas. As pesagens foram efetuadas antes e após a secagem para o cálculo do peso médio da massa seca, expressos em mg/plântula.

h) Comprimento de radícula normais (CRN)

Foi efetuado utilizando-se as plântulas normais provenientes do teste de emergência. A avaliação foi feita no final do experimento, medindo-se as plântulas normais com paquímetro digital. O resultado foi expresso em cm de radícula/plântula.

i) Variáveis morfológicas:

As análises morfológicas das sementes foram realizadas no equipamento GroundEye do laboratório de tecnologia de sementes da Universidade Estadual Norte Fluminense (UENF) em Campos dos Goytacazes- RJ.

O equipamento GroundEye permite obter uma grande variedade de informações relacionadas a cor, textura, geometria, uniformidade, vigor de plântulas e sementes. O GroundEye é composto por uma câmara de captação de imagem e um software de análise. A câmara é constituída de uma bandeja com fundo de acrílico transparente, no qual é disposto o objeto de análise, uma, ou duas câmeras fotográficas de alta resolução e, em seu interior, lâmpadas de LED para iluminação.

Após a obtenção das imagens o software realiza as análise das imagens individualmente das sementes, proporcionando os resultados precisos e rápidos.

Foram utilizadas quatro repetições de 50 sementes por FIC, onde foram avaliadas as seguintes variáveis morfológicas:

- Área da semente (AR);
- Diâmetro máximo da semente (DMA);
- Diâmetro mínimo da semente (DMI);
- Esfericidade da semente (ESF);
- Perímetro das sementes (PER).

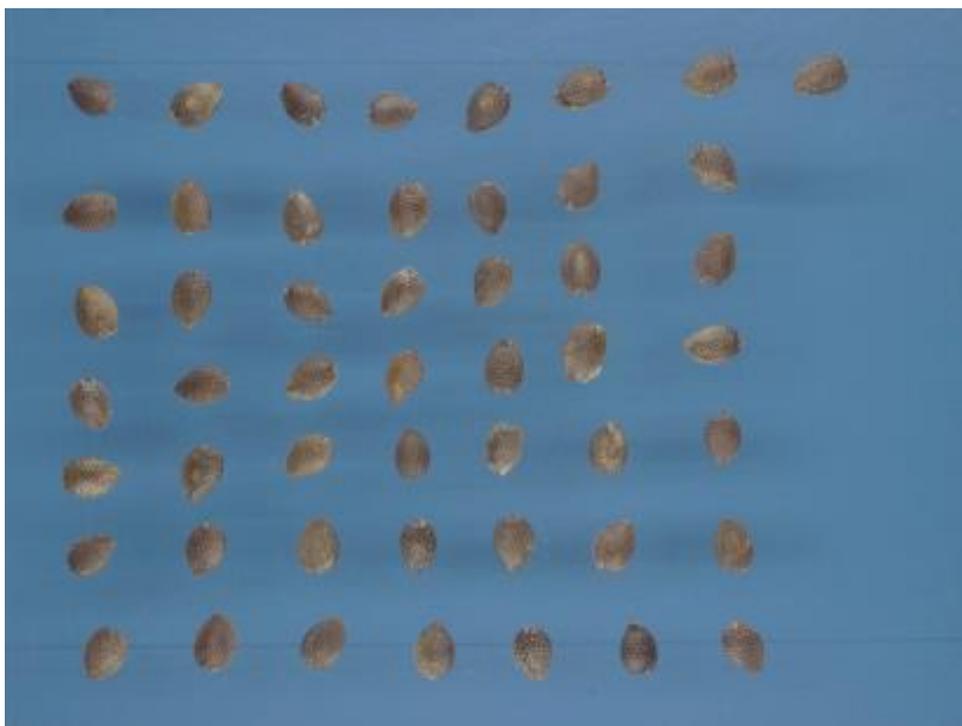


Figura 1. Sementes dispostas em lâmina plástica transparente para aquisição das imagens utilizando o GroundEye.

### **Análise estatística**

As análises foram realizadas no software Selegen REML/BLUP (Resende, 2016), utilizando-se do procedimento REML/BLUP e o modelo 147. O modelo estatístico utilizado foi  $Y = Xr + Zg + Wp + e$ , em que “Y” é vetor de dados, “r” é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como fixos) somados à média geral, “g” é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), “p” é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), “e” é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

-  $\sigma^2g$  = variância genotípica entre progênies de irmãos germanos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia;

-  $\sigma^2\text{parc}$  = variância ambiental entre parcelas;

-  $\sigma^2\text{dentro}$  = variância residual dentro de parcela;

-  $\sigma^2f$  = variância fenotípica individual;

-  $\hat{h}^2a$  = herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância;

-  $c^2\text{parc}$  = coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

-  $\hat{h}^2\text{mp}$  = herdabilidade da média de progênies (sobrevivência completa);

-  $A\text{cprog}$  = acurácia da seleção de progênies (sobrevivência completa);

-  $\hat{h}^2\text{ad}$  = herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância e média geral do experimento.

A partir dos valores genótipos preditos, foi realizada a seleção das 30 melhores FIC por meio de três índices de seleção, sendo eles: índice clássico (IC), índice multiplicativo (IM) e de Mulamba e Mock (com base na soma de ranks) (ISR).

Os índices foram construídos segundo a metodologia REML/BLUP e são sucintamente apresentados a seguir:

$$IC = ((pvar1) \times (VGvar1)) + ((pvar2) \times (VGvar2)) + \dots + ((pvar13) \times (VGvar13))$$

$$IM = (VGvar1) \times (VGvar2) \times \dots \times (VGvar13)$$

$$ISR = (rVGvar1) + (rVGvar2) + \dots + (rVGvar13)$$

Em que:

p = peso econômico estabelecido para o caráter;

VG = valor genotípico predito;

r = posto do genótipo.

No índice clássico foram atribuídos no programa a direção “maior” e pesos “100” para as variáveis IVG e IVE e pesos “50” para as variáveis PGS e PEP, para as demais variáveis foi atribuída somente a direção “maior”. Para o índice de soma

de ranks, a direção atribuída foi “maior” para as todas as variáveis. A direção fornecida ao programa implica direcionar a seleção de progênies com base nas variáveis de interesse, visando aumentar ou reduzir a expressão da variável.

Após a seleção das 30 melhores FIC por índice, foram estimados os ganhos de seleção (GS) com base nos valores fenotípicos das famílias selecionadas, sendo calcula pela expressão:

$$GS = (\bar{X}_s - \bar{X}_o) h_a^2$$

Em que:

GS = é o ganho de seleção;

$\bar{X}_s$  = é a média das 30 FIC selecionadas;

$\bar{X}_o$  = é a média das FIC avaliadas;

$h_a^2$  = é a herdabilidade individual no sentido restrito.

Foi realizado o índice de coincidência das 30 FIC selecionadas pelos índices de seleção. 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;

C = o número de coincidências atribuídas ao acaso.

## RESULTADOS

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos estimados para todas as variáveis avaliadas, estão descritos na Tabela 1. Em relação aos componentes de variâncias, observou que para todas as variáveis, a contribuição da variância dentro da parcela ( $\sigma^2$ dentro) foi inferior à variância ambiental entre parcelas ( $\sigma^2$ parc), demonstrando que variância ambiental foi maior entre as parcelas avaliadas.

Valores de herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2_a$ ) e herdabilidade da média de progênies ( $h^2_{mp}$ ) se mostraram de alta magnitude para todas as variáveis avaliadas (>50%). Estes valores indicam que todas as variáveis podem ser influenciadas por fatores genéticos.

A estimativas de acurácia ( $A_{cprog}$ ) foram de alta magnitude e apresentaram pouca variação entre as variáveis avaliadas, variando 0,8175 (IVE) a 0,8766 (DMI), indicando boa confiabilidade das estimativas.

Os valores coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ( $C^2_{parc}$ ) apresentaram-se de alta magnitude, sendo o maior valor obtido na variável DMI (0,4534) e o menor na variável IVE (0,3350), indicando uma alta variação ambiental entre as parcelas dentro do bloco.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros genéticos para as variáveis massa seca das plântulas (MSP), comprimento de radícula normais (CRN), índice de velocidade de emergência (IVE), porcentagem de emergência de plântulas (PEP), índice de velocidade de germinação (IVG), porcentagem de germinação das sementes (PGS), teor de água (TA), massa de mil sementes (MMS), área (AR), diâmetro máximo (DMA), diâmetro mínimo (DMI), esfericidade (ESF), perímetro (PER).

	$\sigma^2g$	$\sigma^2parc$	$\sigma^2dentro$	$\sigma^2f$	$h^2a(\%)$	$c^2parc$	$h^2mp$	Acprog	$h^2ad$	Média
MSP (g)	0,0132	0,0132	0,0117	0,0380	0,6928	0,3464	0,6795	0,8243	1,1276	0,3907
CR (mm)	55,9748	55,9748	53,8195	165,7692	0,6753	0,3377	0,6710	0,8191	1,0400	58,0771
IVE	0,0241	0,0241	0,0237	0,0719	0,6700	0,3350	0,6683	0,8175	1,0150	1,0945
PEP	0,0078	0,0078	0,0068	0,0224	0,6962	0,3481	0,6811	0,8253	1,1460	0,6492
IVG	0,1362	0,1362	0,0647	0,3371	0,8080	0,4040	0,7306	0,8547	2,1040	2,2077
PGS	0,0075	0,0075	0,0058	0,0208	0,7230	0,3615	0,6937	0,8329	1,3053	0,8408
TA	1,0324	1,0324	0,2567	2,3216	0,8894	0,4447	0,7621	0,8730	4,0220	10,9015
MMS (g)	2,8240	2,8240	0,7168	6,3648	0,8874	0,4437	0,7613	0,8726	3,9396	25,1887
AR (cm <sup>2</sup> )	0,0001	0,0001	0,0000	0,0002	0,8931	0,4466	0,7635	0,8738	4,1794	0,1903
DMA (cm)	0,0002	0,0002	0,0001	0,0005	0,8834	0,4417	0,7599	0,8717	3,7893	0,6142
DMI (cm)	0,0001	0,0001	0,0000	0,0003	0,9068	0,4534	0,7684	0,8766	4,8662	0,4080
ESF	14,6934	14,6934	6,0957	35,4826	0,8282	0,4141	0,7387	0,8595	2,4104	18,7017
PER (cm)	0,0231	0,0231	0,0090	0,0552	0,8363	0,4182	0,7419	0,8613	2,5547	1,8862

$\sigma^2g$ : variância genotípica entre progênies de irmãos-completos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia;  $\sigma^2parc$ : variância ambiental entre parcelas;  $\sigma^2dentro$ : variância residual dentro de parcela;  $\sigma^2f$ : variância fenotípica individual,  $h^2a$ : herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância;  $c^2parc$ : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;  $h^2mp$ : herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; Acprog: acurácia de seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa;  $h^2ad$ : herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância e a média geral do experimento.

A Tabela 2 apresenta as estimativas de ganho de seleção com base no diferencial de seleção utilizando os valores fenotípicos das variáveis avaliadas. O índice Multiplicativo apresentou o maior ganho genético acumulado (102,46%), seguido do índice de Mulamba e Mock (84,80%) e do Índice Clássico (78,78%).

Em relação ao ganho por variável, ambos os índices apresentaram ganhos positivos para quatro variáveis distintas, onde o índice de seleção clássico por sua vez, apresentou ganho negativo para uma quantidade maior de variáveis, quando comparado aos outros índices. Além disso, ambos índices apresentaram ganho negativo para a variável TA.

Tabela 2. Estimativas dos ganhos de seleção em percentuais com base no diferencial de seleção de treze variáveis morfofisiológicas de sementes de famílias de irmãos completos de maracujazeiro azedo utilizando três índices de seleção.

Variáveis	Ganhos de Seleção (%)		
	Clássico	Multiplicativo	Mulamba e Mock
MSP	21,88	31,98	26,67
CRN	7,32	11,57	9,10
IVE	13,63	11,98	9,35
PEP	11,92	10,38	8,38
IVG	16,83	13,88	10,92
PGS	6,92	6,06	5,38
TA	-0,59	-1,42	-1,59
MMS	-0,96	2,29	3,43
AR	-0,57	1,28	4,34
DMA	-0,60	0,39	1,60
DMI	0,10	0,90	2,48
ESF	2,25	8,92	1,90
PER	0,64	4,25	2,87
<b>GS% total</b>	<b>78,78</b>	<b>102,46</b>	<b>84,80</b>

Variáveis: (MSP) - massa seca de plântulas; (CRN) - comprimento radícula normais; (IVE) - índice de velocidade de emergência; (PEP) - porcentagem de emergência de plântulas; (IVG) - índice de velocidade de germinação; (PGS) - porcentagem de germinação de sementes; (TA) - teor de água; (MMS) - massa de mil sementes; (AR) - área da semente; (DMA) - diâmetro máximo; (DMI) - diâmetro mínimo; (ESF) - esfericidade; (PER) - perímetro.

As FIC selecionadas e as estimativa de ganhos genéticos para cada índice de seleção estão apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3. Ranqueamento das 30 FIC com base nos ganhos genéticos esperados, utilizando os índices clássico, Mulamba e Mock e multiplicativo para 13 características morfofisiológicas de sementes de maracujazeiro azedo. Tangará da Serra - MT, 2018.

Ordem	Índice de Seleção					
	Clássico		Multiplicativo		Mulamba e Mock	
	FMI	GS %	FMI	GS %	FMI	GS %
1	56	14,26	54	140,74	20	210,99
2	19	13,72	56	134,10	56	206,19
3	54	13,38	20	126,61	19	186,50
4	63	13,06	46	121,73	66	166,67
5	20	12,64	55	117,52	67	144,04
6	66	12,25	82	113,82	62	130,38
7	45	11,94	66	110,32	41	118,96
8	80	11,68	19	107,28	11	109,99
9	65	11,34	80	104,86	55	103,27
10	70	11,07	11	102,49	54	98,13
11	67	10,84	74	100,54	40	93,43
12	11	10,62	67	98,52	52	89,47
13	26	10,42	63	96,50	26	86,21
14	81	10,23	45	94,06	74	83,50
15	4	10,05	62	91,88	76	81,13
16	58	9,90	3	89,89	58	78,85
17	59	9,74	41	87,83	3	76,82
18	85	9,60	70	85,94	46	74,96
19	89	9,47	76	83,97	70	73,23
20	52	9,32	65	82,08	12	71,53
21	92	9,17	58	80,32	4	69,60
22	71	9,03	24	78,68	25	67,62
23	62	8,90	4	77,01	91	65,74
24	3	8,76	52	75,38	65	63,75
25	87	8,63	85	73,75	24	61,84
26	79	8,50	26	72,17	68	60,07
27	74	8,36	87	70,62	82	58,15
28	82	8,23	75	69,07	87	56,35
29	12	8,11	79	67,60	57	54,60
30	72	7,99	12	66,19	34	53,00

Os coeficientes de coincidência das 30 FIC selecionadas pelos índices de seleção encontram-se na Tabela 4. Os valores obtidos foram altos para todos os índices, contudo, a maior coincidência ocorreu entre o índice multiplicativo e o clássico (80,00).

Tabela 4. Coeficientes de coincidência das 30 FIC selecionadas com uso de índices de seleção quanto às treze variáveis morfofisiológicas de sementes de maracujazeiro azedo.

Índice de Seleção	Multiplicativo	Mulamba e Mock
Clássico	80,00	63,33
Multiplicativo	-	73,33

## DISCUSSÃO

Os componentes de variância, demonstraram que para todas as variáveis a contribuição da variância dentro da parcela ( $\sigma^2_{dentro}$ ) foi inferior à variância ambiental entre parcelas ( $\sigma^2_{parc}$ ). Esse fato evidencia que o erro é maior entre do que dentro as parcelas. Contudo, a variância ambiental entre as parcelas pode sofrer interferência de alguns fatores, a maioria deles que podem ser manuseados pelos melhoristas, entre eles: distribuição das sementes, dos fertilizantes, da água de irrigação quando for o caso, e obter estande o mais uniforme possível. Esse melhor manejo certamente deverá melhorar a precisão experimental e o sucesso com a seleção.

Em relação as herdabilidade, observou-se que a herdabilidade no sentido restrito ( $h^2_a$ ) e a herdabilidade média das progênes ( $h^2_{mp}$ ) foram de alta magnitude (>50%) para todas as variáveis, conforme classificação proposta por Resende (2002) para plantas perenes ou semi/perenes. Quando a herdabilidade, no sentido restrito, apresenta valores altos indica que a característica avaliada tem seu fenótipo controlado, predominantemente, pela ação gênica. Deste modo, as variáveis avaliadas nesse trabalho são altamente herdável, o que é adequado para realizar a seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento genético. Contrariamente, quando a estimativa está próxima de 0, menor é a possibilidade de

transferência desta característica para a geração seguinte (ALLARD, 1971 apud ROSSMANN, 2001).

Para fins de melhoramento genético, a herdabilidade no sentido restrito é a mais adequada, uma vez que considera somente a aditividade, sendo a porção herdável da variância genética, em última instância, o que pode ser passado de geração a geração por seleção. Portanto, ao se praticar a seleção dos melhores indivíduos tendo em vista seu desempenho no fenótipo, essa característica somente será perpetuada na progênie caso tenha uma alta herdabilidade no sentido restrito (Jung et al. 2008).

Ao se comparar com trabalhos de demais autores sobre este parâmetro, os resultados deste trabalho corroboram com trabalho de Freitas (2009) onde ao estimar os parâmetros genéticos do maracujazeiro azedo com base na qualidade fisiológica das sementes encontrou valores de herdabilidade de 85,29 para germinação e de 65,51 para peso de mil sementes. O mesmo autor ressalta que valores de herdabilidade acima de 50% são considerados altos e, conseqüentemente, permite selecionar indivíduos promissores, melhorando assim a performance dos mesmos na instalação e condução em campo de produção.

Os valores de acurácia encontrados variaram entre 0,8175 (IVE) a 0,8766 (DMI), que são consideradas de alta magnitude. A acurácia é o parâmetro mais importante na avaliação da precisão no acesso à variação genética verdadeira. Quanto maior o valor da acurácia, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito, assim, como os valores de acurácia encontrados nesse trabalho foram superiores a 70% significam que os valores estimados são confiáveis quando comparados com os valores reais (Biernaski et al., 2012).

Quanto ao coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas ( $C^2_{\text{parc}}$ ), foi possível observar na análise individual de cada variável que todos os valores para este parâmetro foram superiores a 10%, sendo, segundo Resende (2016), inadequado para estimativas do coeficiente de determinação, o que demonstra que houve alta variação ambiental entre parcelas e desta forma o ambiente pode ter ocasionado interferência nas estimativas dos parâmetros genéticos.

As análises das estimativas de ganhos revelaram que o índice de multiplicativo foi o que proporcionou maior ganho genético acumulado (102,46%) proporcionando ganhos positivos para quase todas as variáveis, com exceção da

variável TA. Por não necessitar de estimativas de parâmetros genéticos e não pressupor a existência de um valor genotípico populacional que deva ser melhorado, o índice multiplicativo se adapta com grande facilidade aos programas de seleção recorrente, como nas etapas finais dos programas de melhoramento para obtenção de cultivares, facilitando assim o trabalho do melhorista (Vittorazzi et al., 2013).

Ao comparar os resultados com outros autores, Dalbosco et al. (2018), comparou os índices de seleção paramétricos e não paramétricos na seleção de progênies de maracujazeiro azedo e definiu os melhores pesos econômicos a ser empregado nos índices. Os autores verificaram que os índices de seleção não paramétricos de Mulamba e Mock, distância genótipo-ideotipo e o índice de seleção paramétrico de Williams apresentaram ganhos genéticos satisfatórios e balanceados. Os maiores ganhos genéticos foram observados quando o coeficiente de variação genética, o desvio padrão genético e o peso aleatório foram atribuídos como peso econômico para os índices de seleção não-paramétricos. Para os índices paramétricos, os ganhos foram semelhantes, independentemente do peso atribuído, com exceção do índice de Pesek e Baker, em que o desvio padrão genético proporcionou o maior ganho.

O índice baseado na soma de “ranks” (Mulamba e Mock), apresentou o segundo maior ganho acumulado, podendo ser considerado um índice promissor a ser utilizado na seleção. O índice apresentou um ganho genético acumulado inferior ao índice multiplicativo, contudo, seus ganhos foram satisfatórios e bem distribuídos para as todas variáveis avaliadas.

O índice clássico apresentou o terceiro maior ganho acumulado (89,78%), fornecendo ganhos para as variáveis PGS (6,41) e MMS (3,48). No entanto, apresentou ganho negativo para as variáveis PER (-2,40) e TA (-1,25). O ganho negativo para a variável PER é indesejável e levanta dúvidas sobre a eficiência da utilização do índice clássico, pois por se tratar de uma variável relacionada ao tamanho da semente, se espera que a variável apresente um ganho positivo, proporcionando uma semente com maior perímetro.

Silva et al. (2017), empregando vários índices de seleção utilizando o método dos mínimos quadrados e o REML/BLUP na predição de ganhos em famílias de irmão completos de maracujazeiro, constataram que o índice clássico também apresentou ganhos negativos para características de interesse econômico (diâmetro

longitudinal dos frutos, porcentagem de polpa e sólidos solúveis totais). Assim, esse método não é indicado para a seleção de famílias de maracujazeiro, pois observaram-se ganhos indesejáveis para uma maior quantidade de variáveis de interesse.

Observou-se que ambos os índices de seleção apresentaram ganhos negativos para a variável TA. Entretanto, os ganhos negativos foram de baixa magnitude (-0,59 à -1,59) e não prejudicam a utilização dos índices e seleção das famílias, pois apresentam uma diminuição muito baixa na média geral do teor de água e não compromete o potencial germinativo das mesmas. Segundo Catunda et al., (2003) o teor de água ideal para armazenamento e conservação do poder germinativo da semente de maracujazeiro está entre 8 a 10%, sendo tolerados valores de teor de água entre 4 e 6% sem comprometer a qualidade da semente.

De acordo com os resultados mostrados na Tabela 4, os coeficientes de coincidência apresentaram elevado nível de coincidência, isso demonstra que a concordância na seleção das FIC foi alta. O maior coeficiente observado foi entre o índice de Mulamba e Mock e o Clássico (0,80), ou seja, 24 FIC foram coincidentes, demonstrando que houve pouca diferença na seleção das FIC entre esses dois índices.

Silva e Viana (2012) avaliaram para a seleção de progênies de maracujazeiro azedo os índices baseados na soma de ranks de Mulamba e Mock e a distância entre o genótipo e o ideótipo, observaram um coeficiente de coincidência de 0,97. Tal resultado permitiu selecionar, simultaneamente, progênies superiores para as características de número de frutos, produtividade total, peso médio de fruto, diâmetro do fruto, comprimento do fruto, largura do fruto e peso de polpa.

## CONCLUSÕES

As altas herdabilidades individuais no sentido restrito para todas as variáveis avaliadas e comprovada pelos valores das acurácias obtidas, indicam excelente possibilidade para seleção individual de plantas utilizando a metodologia REML/BLUP.

O índice multiplicativo, clássico e de soma de ranks, propiciam progresso genético superior em famílias de irmãos completos de maracujazeiro, apresentando elevado grau de coincidência entre as famílias selecionadas.

## REFERÊNCIAS

BIERNASKI, F. A.; HIGA, A. R.; SILVA, L. D. Variabilidade genética para caracteres juvenis de progênies de *Cedrela fissilis* Vell.: subsídio para definição de zonas de coleta e uso de sementes. **Revista Árvore**, 36(1), 49-58, 2012.

BRASIL. Ministério da Agricultura e da Reforma Agrária. 2009. Regras para análise de sementes. Brasília: SNDA. 395p. 2009.

CATUNDA, P. H. A.; VIEIRA, H. D.; SILVA, R. F.; POSSE, S. C. P. Influência do teor de água, da embalagem e das condições de armazenamento na qualidade de sementes de maracujá-amarelo. **Revista Brasileira de Sementes**, 25: 65-71, 2003.

CAVALCANTE, N. R.; KRAUSE, W.; VIANA, A. P.; SILVA, C. A.; PORTO, K. K. X.; MARTINEZ, R. A. S. Anticipated selection for intrapopulation breeding of passion fruit, **Acta Scientiarum Agronomy**, 39(2): 143 - 148, 2017.

CERQUEIRA-SILVA, C. B. M.; CONCEIÇÃO, L. D. H. C. S.; SOUZA, A. P.; CORREA, R. X. A history of passion fruit woodiness disease with emphasis on the current situation in Brazil and prospects for Brazilian passion fruit cultivation. **European Journal of Plant Pathology**, 139:255-264, 2014.

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

DALBOSCO, E. Z.; KRAUSE, W.; NEVES, L. G.; ARAÚJO, D. V.; HIEGA, K. M. R.; SILVA, C. G. Parametric and non-parametric indexes applied in the selection of sour passion fruit progenies. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 40(1), e-282, 2018.

FAO. OCDE – FAO Perspectivas Agrícolas 2017-2026. Disponível em: <[www.fao.org/3/a-i5778s.pdf](http://www.fao.org/3/a-i5778s.pdf)> Acesso em: 10 jan. 2018.

FELICIANO D. M. S. Environmental Impacts of Fruit Production in Brazil. In: Ioris A. (eds) **Agriculture Environment and Development**. Palgrave Macmillan, Cham, 2016.

FREITAS, M. V. S. **Qualidade fisiológica das sementes e parâmetros genéticos de progênies de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*)**. Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 2009, 52p. (Dissertação - Mestrado em Produção Vegetal).

HADAS, A. Water uptake and germination of leguminous seeds under changing external water potential in osmotic solution. **Journal of Experimental Botany**, 52: 480 - 489, 1976.

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

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

HOLLAND, J. B.; NYQUIST, W. E.; CERVANTES-MARTÍNEZ, C. T. Estimating and Interpreting Heritability for Plant Breeding: An Update, in: **Plant Breeding Reviews**, v. 22 (ed J. Janick), John Wiley & Sons, Inc., Oxford, UK, 2002.

JUNG, M. S.; VIEIRA, E. A.; BRANCKER, A.; NODARI, R. O. Herdabilidade e ganho genético em caracteres do fruto do maracujazeiro-doce. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 30(1), 209-214, 2008.

MAGUIRE, J. D. Speed of germination aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. **Crop Science**, 2:176-177, 1962.

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.

OCAMPO, J.; ARIAS, J. C.; UREEA, R. Interspecific hybridization between cultivated and wild species of genus *Passiflora* L. **Euphytica**, 209: 395, 2016.

OLIVEIRA, A. B.; LOPES, M. M. A.; MOURA, C. F. H.; OLIVEIRA, L. S.; SOUZA, K. O.; FILHO, E. G.; URBAN, L.; MIRANDA, M. R. A. Effects of organic vs. conventional farming systems on quality and antioxidant metabolism of passion fruit during maturation, **Scientia Horticulturae**, 222: 84-89, 2017.

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

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 16(4), 330-339, 2016.

ROSSMAN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 80 p. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba – SP, 2001. Dissertação (Mestrado em Agronomia, área de concentração: genética e melhoramento de plantas).

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

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

SILVA, S. M.; OLIVEIRA, R. C.; ALMEIDA, R. F.; SÁ JÚNIOR, A.; SANTOS, C. M. Aryl removal methods and passion fruit seed positions: Germination and emergence. **Journal of Seed Science**, 37(2): 125-130, 2015.

SILVA, F. H. L.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; FREITAS, J. C. O.; RODRIGUES, D. L.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. **Acta Scientiarum Agronomy**, 39(2), 183-190, 2017.

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.

VITTORAZZI, C.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S. A.; CANDIDO, L. S.; SILVA, T. R. C. Selecting pre-cultivars of popcorn maize based on non-parametric indices. **Science Agronomical**, 44(2): 356 - 362, 2013.

YANG, L; WEN, B. Quality Seed. In: THOMAS, B.; MURPHY, D. J.; MURRAY, B. G. (ed). **Encyclopedia of Applied Plant Sciences**. 2nd ed. Elsevier Science Ltd. 2016. p. 553 – 563.