

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

ROBERTA FLÁVIA CIPRIANO MACHADO

**IMPLICAÇÕES DA TÉCNICA POST HOC BLOCKING ROW-COL NO
MELHORAMENTO INTRAPOPULACIONAL DO MARACUJAZEIRO
AZEDO**

**TANGARÁ DA SERRA
MATO GROSSO – BRASIL
MARÇO - 2018**

ROBERTA FLÁVIA CIPRIANO MACHADO

**IMPLICAÇÕES DA TÉCNICA POST HOC BLOCKING ROW-COL 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. Dr. Willian Krause

TANGARÁ DA SERRA
MATO GROSSO – BRASIL
MARÇO - 2018

MACHADO, Roberta Flavia Cipriano.
M149i Implicações da Técnica Post Hoc Blocking Row-Col no
Melhoramento Intrapopulacional do Maracujazeiro Azedo /
Roberta Flavia Cipriano Machado - Alta Floresta/ Cáceres/
Tangará da Serra, 2018.
72 f.; 30 cm.(ilustrações) Il. color. (sim)

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. Asreml. 2. Modelos Mistos. 3. Passiflora Edulis. I. Roberta
Flavia Cipriano Machado. II. Implicações da Técnica Post Hoc
Blocking Row-Col no Melhoramento Intrapopulacional do
Maracujazeiro Azedo: .

CDU 634.776.3

Implicações da técnica post hoc blocking row-col no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo

ROBERTA FLÁVIA CIPRIANO MACHADO

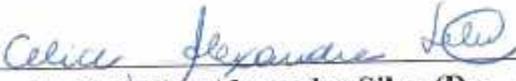
Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Aprovado em 06 de março de 2018.

Comissão Examinadora:



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



Prof. Celice Alexandre Silva (Dsc., Botânica)
PGMP - UNEMAT



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

“O Senhor é a minha força e o meu escudo; nele o meu coração confia, e dele recebo ajuda. Meu coração exulta de alegria, e com o meu cântico lhe darei graças.” Salmos 28:7

À Deus, meu porto seguro.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo sustento, amor e misericórdia em tempos difíceis.

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

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso – FAPEMAT, pela bolsa de estudos concedida durante o mestrado.

Ao professor Dr. Willian Krause, pela orientação, paciência, pelos conhecimentos transmitidos, pelos puxões de orelha, pelas experiências compartilhadas e que muito me agregaram como profissional e como pessoa.

À professor Celice Alexandre Silva, pela contribuição neste trabalho, bem como pelos conhecimentos transmitidos durante o mestrado e pela sua amizade.

À Eileen Azevedo Santos, pela contribuição e sugestões para melhoria deste trabalho.

Ao colega de laboratório e de turma Leandro Rafael Fachi, pelos auxílios em todas as atividades de campo e pela amizade durante esse percurso.

Ao doutorando Paulo Ricardo Junges dos Santos e aos alunos de graduação e colegas de laboratório Dhiego Pereira Krause, Marcelo Luiz de Souza, Egídio Leonardo Garbugio, Debora Sarana Arantes e Angelica pelos auxílios nos trabalhos de campo e pela convivência.

Aos colegas de mestrado, em especial a Rozineide, Lidiane, Auclar, Jessica e Marcos, pela amizade.

Ao sr. Almiro Krause e sra. Sirlete Krause pelas contribuições de campo e disposição em nos ajudar sempre que necessário.

Aos funcionários da Unemat, em especial a Ednamar Gabriela Palú e Mariana Acaun Schertel pela amizade e disponibilidade em me ajudar sempre que precisei.

À minha família, em especial minha mãe Eunice e minhas irmãs Cibele e Beatriz, pelo suporte emocional, financeiro e pelo amor incondicional.

Ao meu namorado Nilson, pelo amor e companheirismo na etapa final desse curso, me apoiando com palavras sábias e gentis.

À todos os membros da Igreja Cristã Maranata de Tangará da Serra, pelas orações e por terem se tornado a minha família.

BIOGRAFIA

Roberta Flávia Cipriano Machado, nascida aos dez dias do mês de dezembro do ano de um mil novecentos noventa, em Votuporanga no noroeste de São Paulo. Filha do Sr. Roberto Claudio Machado e da Sra. Eunice Maria Cipriano. Ingressou no curso de Agronomia pela Universidade Federal de Mato Grosso, Campus de Sinop – MT em março de 2010. Enquanto acadêmica participou de projetos de iniciação científica como bolsista e também como voluntária, nas áreas de tecnologia/produção de alimentos e fitopatologia, respectivamente. Seu trabalho de conclusão de curso foi intitulado: Óleos essenciais no controle e na qualidade de podridões pós-colheita em tomate, sobre a orientação da professora DSc. Solange Maria Bonaldo. Realizou o estágio supervisionado na Fundação de Pesquisa Rio Verde, situada em Lucas do Rio Verde – MT, sendo posteriormente cedida como estagiária a empresa Dupont S.A. Concluiu o curso de Agronomia em março de 2015. Ao final do mesmo ano foi contratada como professora substituta do curso de Agroecologia integrado ao Ensino Médio, na Escola Estadual Reinaldo Dutra Vilarinho, situada na zona rural de Nova Olímpia – MT. Em fevereiro de 2016, iniciou o curso de pós-graduação stricto sensu em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade do Estado de Mato Grosso, sobre a orientação do professor DSc. Willian Krause, findando em março de 2018.

SUMÁRIO

RESUMO	x
ABSTRACT	xii
1.0 INTRODUÇÃO	01
2.0 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	04
2.1 Aspectos gerais sobre o maracujazeiro	04
2.2 Seleção recorrente	07
2.3 Delineamento e suas implicações no erro experimental	11
2.4 Técnica Post hoc blocking (Row-Col)	14
2.5 Análise de deviance via REML/BLUP	16
2.6 Critério de informação de Akaike	18
3.0 MATERIAL E MÉTODOS	20
3.1 Local	20
3.2 Material genético	20
3.3 Delineamento estatístico e condução do experimento	21
3.4 Características avaliadas	22
3.5 Análise genético-estatística	24
3.6 Desempenho da técnica post hoc blocking Row-Col (RC)	26
3.6.1 Escolha do modelo	26
3.6.1.1 Teste de razão de verossimilhança	26
3.6.1.1.2 Critério de Informação de Akaike (AIC)	27
3.6.2 Eficiência do modelo RC	27
3.6.2.1 Componentes de variância via REML com base na variância do erro e sua redução	27
3.6.2.2 Herdabilidade, acurácia e PEV	28
3.6.3 Impacto na seleção com base nos valores genotípicos preditos para as características NF, MF e ATT	28
3.6.3.1 Índice de coincidência.....	28
4.0 RESULTADOS	30
4.1 Escolha do modelo	30
4.1.1 Teste de razão de verossimilhança	30
4.1.1.2 Critério de Informação de Akaike (AIC)	31
4.2 Eficiência do modelo RC	32

4.2.1 Componentes de variância via REML com base na variância do erro e sua redução	32
4.2.2 Herdabilidade, acurácia e PEV	34
4.3 Impacto na seleção com base nos valores genotípicos preditos para as características NF, MF e ATT	36
4.3.1 Índice de coincidência	38
5.0 DISCUSSÃO	40
5.1 Escolha do modelo	40
5.1.1 Teste de razão de verossimilhança	40
5.1.1.2 Critério de Informação de Akaike (AIC)	40
5.2 Eficiência do modelo RC	41
5.2.1 Componentes de variância via REML com base na variância do erro e sua redução	41
5.2.2 Herdabilidade, acurácia e PEV	43
5.3 Impacto na seleção com base nos valores genotípicos preditos para as características NF, MF e ATT	44
5.3.1 Índice de coincidência	46
6.0 CONCLUSÕES	47
7.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	48

RESUMO

MACHADO, Roberta Flávia Cipriano; M. Sc.; Universidade do Estado de Mato Grosso; março de 2018; IMPLICAÇÕES DA TÉCNICA POST HOC BLOCKING ROW-COL NO MELHORAMENTO INTRAPOPULACIONAL DO MARACUJAZEIRO AZEDO; Professor Orientador: Willian Krause.

Delineamentos com blocos grandes para avaliação de muitos genótipos perdem sua capacidade de controle da variação ambiental. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a eficiência da técnica post hoc blocking Row-Col (RC) na redução do erro experimental e seu impacto na seleção de famílias geneticamente superiores. Foram avaliadas 118 famílias de irmãos completos (FIC) e três testemunhas adicionais. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. As características mensuradas foram: Dias para o florescimento (DFL); Produtividade (PROD); Número de frutos (NF); Massa de frutos (MF); Comprimento de fruto (CF); Diâmetro de fruto (DF); Formato de fruto (FF); Espessura de casca (EC); Porcentagem de polpa (PP); Coloração de polpa (CP); Sólidos solúveis totais (SS); Acidez total titulável (ATT) e Ratio (RAT). A análise genético-estatística para avaliar performance dos modelos, foi realizada através do software ASREML. Para comparação do desempenho dos modelos utilizou-se os valores do teste da razão de verossimilhança e valores do Critério de Informação de Akaike (AIC). Além disso, foram estimados os componentes de variância, herdabilidade, acurácia e a variância do erro de predição, eficiência do modelo RC em relação ao DBC e seleção direta nas intensidades de seleção de 10, 15 e 20% para as características que apresentaram significância entre os modelos empregados. O teste da razão de verossimilhança apresentou resultados significativos do modelo RC, tendo apresentado melhor ou igual desempenho quando comparado ao modelo DBC. O modelo RC apresentou menores valores de AIC, indicando melhor desempenho para as características DFL, NF, MF, FF e ATT. As fontes de variação adicionais linha e coluna que o modelo RC propõe foram capazes de capturar variação para 11 das 13 características avaliadas. Em relação a eficiência relativa entre os modelos, 10 das 13 características avaliadas apresentaram redução da variância residual, sendo o componente de variância que apresentou maior impacto do modelo RC. O modelo RC apresentou valores de herdabilidade iguais ao modelo DBC original para EC (0,969), CP (0,975), SS (0,277) e ATT (0,974) e quanto as demais características

apresentaram valores marginalmente semelhantes, não havendo diferença significativa entre os modelos. Em relação as intensidades de seleção empregadas, estas proporcionaram algumas modificações na classificação das famílias de irmãos completos, sendo que apenas a FIC 87 na intensidade de 10% e a FIC 101 na intensidade de 15% para a características NF permaneceram na mesma posição da classificação entre os modelos, tendo as demais FICs diferido conforme intensidades e modelos para as características MF e ATT. O maior impacto na classificação das FICs ocorreu para a característica ATT na intensidade de 10%, visto apenas as FICs 3, 4 e 68 das 13 FICs selecionadas nesta intensidade foram iguais nos dois modelos. Esse resultado impacta diretamente no processo de seleção, sendo extremamente importante dentro do programa de melhoramento genético. Conclui-se, portanto, que a técnica RC proporciona a diminuição do erro através da redução do componente de variância residual, tendo impacto direto na classificação das famílias de irmãos completos quando a variação ambiental é melhor controlada. A implementação do modelo RC permite que os melhoristas de plantas, em especial da cultura do maracujazeiro azedo utilizem seus dados de forma mais eficiente.

Palavras-chave: ASReml, Modelos mistos, *Passiflora edulis*.

ABSTRACT

MACHADO, Roberta Flávia Cipriano; M. Sc.; University of the State of Mato Grosso; March 2018; IMPLICATIONS OF THE POST HOC BLOCKING ROW-COL TECHNIQUE IN THE PASSION FRUIT INTRAPOPULATIONAL IMPROVEMENT; Professor Advisor: Willian Krause.

Delineations with large blocks to evaluate many genotypes lose their ability to control environmental variation. Thus, the objective of this work was to verify the efficiency of the post hoc blocking technique Row-Col (RC) in reducing experimental error and its impact in the selection of genetically superior families. A total of 118 families of complete siblings (FIC) and three additional witnesses were evaluated. The experiment was conducted in a randomized complete block design with three replicates. The characteristics measured were: Days for flowering (DFL); Productivity (PROD); Number of fruits (NF); Fruit mass (MF); Fruit length (CF); Fruit diameter (DF); Fruit format (FF); Peel thickness (EC); Percentage of pulp (PP); Pulp staining (CP); Total soluble solids (SS); Titratable Total Acidity (ATT) and Ratio (RAT). Genetic-statistical analysis to evaluate the performance of the models was performed using ASREML software. The values of the likelihood ratio test and the Akaike Information Criteria (AIC) were used to compare the performance of the models. In addition, the components of variance, heritability, accuracy and variance of the prediction error, efficiency of the RC model in relation to DBC, and direct selection in selection intensities of 10, 15 and 20% were estimated for the characteristics that presented significance between the models used. The likelihood ratio test presented significant results from the RC model, presenting better or equal performance when compared to the DBC model. The RC model presented lower AIC values, indicating better performance for the DFL, NF, MF, FF and ATT characteristics. The additional sources of variation line and column proposed by the RC model were able to capture variation for 11 of the 13 characteristics evaluated. Regarding the relative efficiency among the models, 10 of the 13 characteristics evaluated presented a reduction of the residual variance, being the component of variance that presented greater impact of the RC model. The RC model presented heritability values equal to the original DBC model for EC (0.969), CP (0.975), SS (0.277) and ATT (0.974), while the other characteristics presented marginally similar values, with no significant difference between the models. In relation to the intensities of selection, they provided some

modifications in the classification of families of complete siblings, with only FIC 87 at intensity of 10% and FIC 101 at 15% intensity for NF characteristics remained in the same position of classification between the models, with the other FICs being deferred according to intensities and models for MF and ATT characteristics. The greatest impact on FIC classification occurred for the ATT characteristic at 10% intensity, since only FICs 3, 4 and 68 of the 13 FICs selected at this intensity were the same in both models. This result has a direct impact on the selection process, being extremely important within the breeding program. It is concluded, therefore, that the CR technique provides the reduction of error by reducing the component of residual variance, having a direct impact on the classification of families of complete siblings when the environmental variation is better controlled. The implementation of the RC model allows plant breeders, especially the sour passion fruit crop, to use their data more efficiently.

Keywords: ASReml, Mixed models, *Passiflora edulis*.

1.0 INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento genético é necessário avaliar muitos genótipos, visto que quando se trabalha com tamanho de amostras maiores permite que haja maior variabilidade genética a ser explorada, evitando-se que ocorra o fenômeno chamado efeito fundador, ocasionado por tamanho de amostras menores com menor variabilidade genética, que não é considerado ideal em programas de melhoramento. Além disso, no caso de espécies semi perenes e perenes, como o maracujazeiro azedo, requer-se uma área experimental maior devido ao espaçamento de plantio, acarretando uma variabilidade edáfica, que é pertinente as variações relacionadas ao solo, como disponibilidade de água e restos culturais que possam interferir no desempenho dos materiais testados (Costa e Silva et al., 2001).

Os experimentos de campo, normalmente, são instalados em delineamento em blocos casualizados, o qual tem como objetivo controlar diferenças que ocorrem entre as parcelas experimentais, tais como: diferenças de fertilidade do solo; diferenças de disponibilidade de água; diferenças de infestação inicial por pragas ou doenças; diferenças de luminosidade (no caso de ensaios em casas de vegetação), etc. Espera-se que a heterogeneidade dentro dos blocos seja a menor possível, e adequada para a predição de parâmetros e valores genéticos. Entretanto, esse tipo de delineamento, é eficiente somente quando a variabilidade dentro do bloco é relativamente pequena, o que é raro quando um grande número de genótipos é avaliado (Ramalho et al., 2000; Costa e Silva et al., 2001). A medida que o número de genótipos aumenta o tamanho do bloco também é aumentado, causando uma perda na capacidade do delineamento de controlar a variação ambiental (Xing et al., 2017).

Várias alternativas existem para este desafio em ambos os estágios, seja no delineamento ou na análise estatística, visando avaliar o máximo de genótipos com a máxima precisão. Na fase de execução, delineamentos experimentais mais eficientes que considerem algum controle da variação espacial, pode ser implementado, tais como bloco incompleto (IB) e linha-coluna (RC), pois utilizam estratos menores e incompletos para agrupar os genótipos (Welham et al., 2014).

Como alternativa de delineamento em bloco incompleto, encontra-se o delineamento em látice quadrado, o qual têm se destacado no melhoramento vegetal (Silva et al., 1999). Por ser um tipo de delineamento que possui um maior

controle local, permite a redução do erro experimental e maior precisão das estimativas de parâmetros genéticos e conseqüentemente incremento no ganho de seleção. No entanto, Moraes et al. (2005) ao avaliarem oito características relacionadas ao fruto do maracujazeiro em látice, observaram sua eficiência em apenas duas situações, para Produção total de frutos (8,9%) e Número de frutos (11,8%). Ressalta-se, que quando a eficiência do látice é menor, recomenda-se que a análise de variância do látice seja desprezada e que o experimento seja analisado como blocos casualizados completos (Ramalho et al., 2000).

Deste modo, a estratégia considerada mais adequada nestes casos é planejar o experimento estruturado em látice e proceder à análise que venha proporcionar maior eficiência. Assim, como o melhorista não tem condições de prever se a área experimental é ou não heterogênea, a condução dos experimentos no delineamento em látice funciona como sendo um seguro para eventuais variações ambientais que podem ou não ocorrer (Ramalho et al., 2000). Silva (2015) afirma que outros delineamentos experimentais podem ser explorados para a cultura do maracujazeiro.

Na fase de análise, existem alternativas estatísticas tais como análise espacial (Gilmour et al., 1997) e a técnica post hoc blocking Row-Col (RC) que podem fornecer melhorias relevantes na estimativa e predição de parâmetros (Gezan et al., 2006).

A utilização da técnica RC é uma alternativa para a avaliação das variáveis, pois trata-se de uma técnica *posteriori*, ou seja, é realizada após a etapa de execução do experimento e portanto, é de baixo custo, a qual consiste na sobreposição de uma estrutura de blocos sobre o desenho do campo original (Gezan et al., 2006), adicionando linhas e colunas, ajustando um modelo linear, de modo que, além dos efeitos de blocos e tratamentos, estejam presentes os efeitos de linhas e colunas, permitindo maior acurácia no tratamento das características fenotipadas na população (Silva et al., 2017).

Brownie et al. (1993) reforçam que o uso alternativo de análise estatística, a exemplo a técnica RC, podem proporcionar maiores ganhos na precisão comparativamente à análise convencional, podendo ser aplicados aos dados obtidos de um delineamento experimental clássico, melhorando as estimativas, a qual capta

a variação espacial de forma mais eficaz (Cargnelutti Filho et al., 2003; Silva et al., 2017).

Patterson e Hunter (1983) foram os idealizadores, propondo esta técnica para avaliação da eficiência de projetos experimentais potenciais. Além disso, outros autores têm utilizado a técnica RC com sucesso para aumentar a herdabilidade e a precisão da predição de efeitos genéticos para a etapa de seleção (Ericsson, 1997; Dutkowski et al., 2002; Lopez et al., 2002).

Em estudo recente e trabalhando também com a cultura do maracujazeiro azedo, Silva et al. (2017) compararam a eficiência da técnica RC em relação ao delineamento original de blocos casualizados, constatando-se sua superioridade principalmente em relação a redução do erro experimental.

Neste contexto, o objetivo deste trabalho é: i) averiguar as implicações bem como a efetividade da técnica post hoc blocking Row-Col no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo, na redução do erro experimental, ii) comparar as estimativas de parâmetros genéticos, e iii) selecionar famílias geneticamente superiores, contribuindo para o avanço do programa de melhoramento genético desta cultura.

2.0 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Aspectos gerais sobre o maracujazeiro

O gênero *Passiflora* contém mais de 400 espécies e cerca de 130 delas são originárias do Brasil (Bernacci et al., 2015), distribuídas principalmente nas Américas e, em menor grau, em regiões tropicais e subtropicais Austrália, Nova Zelândia e Ásia do Sudeste (Ocampo et al., 2010). Muitas espécies são cultivadas por suas frutas comestíveis, como ornamentais, ou por suas propriedades medicinais (Yockteng et al., 2011).

A maioria das espécies de passifloráceas descritas têm sua origem da América Tropical, embora sejam encontradas desde a região Amazônica até o Paraguai e nordeste da Argentina, sendo o Brasil um dos principais centros de diversidade genética dessa família de plantas, com aproximadamente 139 espécies (Bernacci et al., 2015).

O Brasil e a Colômbia são centros de diversidade importantes para o gênero *Passiflora*, já que aproximadamente 30% das espécies *Passiflora* (~ 150 espécies no Brasil e ~ 170 espécies na Colômbia) são encontradas nessas regiões, sendo 89 espécies endêmicas do Brasil (Ocampo et al., 2010; Viana et al., 2003).

O maracujá azedo ou "maracuyá" para os Colombianos, foi introduzido em 1960 para o departamento do Valle del Cauca com sementes do Havaí (EUA), e atualmente reporta 5,500 hectares de áreas cultivadas localizadas de 300 a 1.450 metros de altitude, com uma produção de 17-20 toneladas por hectare (Agronet, 2018). O processo de domesticação e desenvolvimento do maracujazeiro azedo na Colômbia deve-se a contribuição dos agricultores locais, que estabeleceram novas práticas de cultivo de acordo com seus conhecimentos e experiência, incluindo polinização manual, fertilização e práticas de poda. Tais práticas culturais em conjunto com o aumento das áreas de produção e a abundância de polinizadores naturais ampliou a variação genética, expandindo a base para programas de melhoramento que poderão ser utilizados posteriormente.

O maracujá *in natura* é um produto importante para o consumo em diversas preparações como sucos, sorvetes ou sorvete, sendo 65% da produção colombiana processado como suco congelado para o mercado internacional. O principal fator limitante no desenvolvimento da colheita na Colômbia, assim como no Brasil, é o

grande número de pragas e doenças, com consideráveis efeitos negativos na produção (Ocampo et al., 2013). Outro fator, deve-se ao fato de que os viveiros de mudas de espécies frutíferas do país, não seguem parâmetros de vigilância fitossanitária quanto à produção do material de propagação, e conseqüentemente, não são controlados. Além disso, há a falta de programas de melhoramento genético do maracujazeiro que ofereçam cultivares mais produtivos aliados á uma melhor qualidade, que possam responder a problemas adversos que afetam os frutos do maracujazeiro azedo (Ocampo et al., 2017).

O maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims) é a espécie de pasifloraceae mais cultivada em pomares comerciais no Brasil, com uma produção mundial estimada em aproximadamente 805.000 toneladas (Morgado et al., 2015; Passionfruitjuice, 2018), devido ao seu alto consumo no mercado de frutas, por seus propósitos agroindustriais e alta produtividade no campo (IBGE, 2016). A produção nacional de maracujá é de cerca de 838.244 toneladas, dos quais 87,92% são produzidos nas regiões Nordeste e Sudeste (Agriannual, 2016).

Maracujá é o nome adotado no Brasil, e conhecido em todo o mundo sob os nomes de maracujá azedo, maracuyá, parchita, chinola e calala. O maracujá azedo é uma planta alógama por excelência, reforçada pela autoincompatibilidade do tipo homomórfica e esporofítica (Bruckner et al., 1995), polinizada por vespas grandes, denominadas mamangavas (Arias et al., 2014).

A variabilidade genética no gênero *Passiflora* é muito ampla não somente dentro do gênero, mas também dentro das espécies mais cultivadas (Ocampo e Coppens d'Eckenbrugge, 2017).

A caracterização e a exploração da variabilidade genética de espécies de *Passiflora*, bem como dentro da espécie *P. edulis* Sims, podem revelar recursos genéticos de valor elevado, principalmente para utilização em programas de melhoramento genético (Faleiro et al., 2005).

A espécie *P. edulis* apresenta-se em duas formas, sendo elas a *P. edulis* Sims (maracujá roxo), considerada a forma típica, pois os frutos têm a casca roxa e *P. edulis* f. ,3(maracujá azedo), com frutos de casca amarela e são maiores do que os de casca roxa (Silva et al., 2012). O fruto do maracujá roxo é arredondado, apresenta peso entre 40 e 50 gramas e de 5 a 5,5 cm de diâmetro. A casca

geralmente é dura, lisa e roxo escura, a polpa é constituída por sementes pretas (Ripardo, 2010).

As principais espécies do gênero *Passiflora* são diploides, com $2n=2x=18$ cromossomos (Martin e Nakasone, 1970). A taxonomia da família *Passifloraceae*, especialmente do gênero *Passiflora*, ainda gera discussões quando se refere a exploração comercial de algumas espécies devido a confusão na denominação de certas formas cultivadas de grande importância econômica e na definição de suas características agronômicas (Klein, 2002).

As plantas desta espécie apresentam-se na forma de trepadeiras vigorosas (Silva, 2015). Em sua maioria, as espécies apresentam folhas simples e alternas, elípticas ou orbiculares, inteiras ou lobadas, pecíolo com ou sem glândulas. De acordo com Cunha et al. (2002) as gavinhas desenvolvem-se nas axilas das folhas, normalmente de forma solitárias, e são ausentes em espécies lenhosas. Geralmente, as flores são hermafroditas, grandes, vistosas e protegidas na base por brácteas foliares, sendo cinco estames presos a um androginóforo bem desenvolvido (Silva, 2015).

A planta do maracujazeiro apresenta fecundação cruzada por excelência devido à presença do fenômeno denominado, autoincompatibilidade, o qual se explica quando o pólen produzido em determinada flor não pode fecundá-la e/ou não fecundar de forma eficaz, as demais flores produzidas na mesma planta (Junqueira et al., 2001). Este fenômeno resulta em importantes metodologias de melhoramento que vem sendo empregadas por induzir a alogamia e o alto grau de heterozigose, além de ter influências na compatibilidade entre cruzamentos (Allard, 1971).

Quanto à morfologia floral e à presença de grãos de pólen pesados e pegajosos, favorece a polinização natural do maracujazeiro azedo por insetos polinizadores, sendo os principais as mamangavas do gênero *Xylocopa*. No entanto, na ausência destes insetos, há necessidade de polinização artificial, para que haja eficiência na frutificação e conseqüentemente, na produção (Souza e Meletti, 1997). A polinização artificial apresenta eficiência, resultados indicam 76% de pegamento em flores cruzadas e polinizadas manualmente, quando comparados com apenas 7% obtidos com a polinização natural (Junqueira et al., 2001; Lima e Cunha, 2004).

Em relação ao progresso do melhoramento genético de maracujazeiro azedo no Brasil, os programas iniciaram usando teste de progênies para obter populações

sintéticas, visando o desenvolvimento da cultura com melhor produtividade, qualidade e homogeneidade, mantendo uma diversidade genética suficiente para uma polinização cruzada (Oliveira et al., 2008; Reis et al., 2011, 2012). Além disso, várias cultivares foram propostas do ano 2000 até o presente momento, visando principalmente ao consumo *in natura* e a agroindústria no país (Meletti et al., 2000, 2005; Nascimento et al., 2003; Cerqueira et al., 2014), apresentando grande impacto na produção de frutas e na melhoria da qualidade nos últimos anos (Cerqueira et al., 2016).

O método de melhoramento que tem sido amplamente utilizado nos programas de melhoramento genético do maracujazeiro azedo, é a seleção recorrente (Silva et al., 2017; Cavalcante et al., 2017; Ferreira et al., 2016; Cerqueira et al., 2014).

2.2 Seleção recorrente

Há na literatura poucas informações a respeito de programas de melhoramento em Passifloras por meio de seleção recorrente. Esta proposta é pioneira em termos de pesquisa, possibilitando a geração de conhecimento sobre as características genéticas dessa fruteira (Silva et al., 2014).

O método de seleção recorrente idealizado por Hull (1945), o qual é considerado como um processo cíclico, demanda algumas etapas de melhoramento (Hallauer, 1985; Ramalho et al., 2012).

Neste processo espera-se que ocorra melhorias na expressão fenotípica do caráter sob seleção decorrente do aumento na frequência de alelos favoráveis. No entanto, além de aumentar a média do caráter sob seleção é necessário também que se mantenha a variabilidade genética para progressos futuros com a seleção, necessitando-se de estratégias de seleção e recombinação adequadas (Hallauer, 1986).

Sabe-se que a longevidade de um esquema de seleção recorrente deve-se à manutenção adequada dessa variabilidade, ao longo dos ciclos de seleção, visto que a perda ou redução dessa variabilidade é decorrente da própria seleção e fixação aleatória dos alelos, resultado da variação genética, atuante em populações finitas (Pereira e Vencovsky, 1988).

A eficiência dos processos seletivos do programa de seleção recorrente

depende, necessariamente, da variabilidade genética da população envolvida, pois é a fonte primária dos estudos genéticos, onde a baixa variabilidade genética impossibilita a ocorrência de adaptações e evolução nas espécies, bem como dificulta o progresso nos programas de melhoramento genético (Silva et al., 2017). Essa variabilidade pode ocorrer por mutação, porém a uma taxa muito baixa e é potencializada pela recombinação gênica (Ribeiro, 2015).

Dentre os argumentos que podem ser utilizados para se empregar a seleção recorrente, encontra-se o fundamento de que a maioria dos caracteres que os melhoristas têm trabalhado são controlados por vários genes. Deste modo, o número de plantas a serem manuseadas para que se consiga obter o indivíduo com todos os alelos favoráveis é enorme, se tornando um trabalho oneroso e praticamente inviável através de outros métodos de seleção, assim, a seleção recorrente é considerada como a melhor abordagem para o sucesso dentro do programa de melhoramento, isto é, seleção seguida de recombinação dos melhores indivíduos ou progênies durante ciclos de seleção (Ramalho et al., 2012; Bernardo, 2014).

O método da seleção recorrente também deve ser empregado em um programa de melhoramento genético quando conduzido a médio e em longo prazo, pois as melhores progênies são sempre utilizadas no processo seguinte do programa, a exemplo, a hibridação (Ramalho et al., 2012).

A seleção recorrente é classificada em duas categorias, conforme seus respectivos esquemas, sendo dividida em intra e interpopulacional. A seleção recorrente intrapopulacional objetiva melhorar o desempenho da população, enquanto a interpopulacional tem como objetivo melhorar o desempenho do cruzamento de duas populações, ou seja, obter um híbrido interpopulacional (Hallauer, 1985; Souza Júnior, 1993).

A seleção recorrente intrapopulacional possui basicamente quatro etapas (Figura 2), de acordo com Hallauer et al. (2010). A primeira etapa consiste na obtenção de famílias que podem ser famílias de meios irmãos (FMI) ou famílias de irmãos completos (FIC), denominadas população base de seleção e a unidade de recombinação. Para a constituição da população base, necessita-se da identificação de genótipos superiores, bem como de atributos agronômicos relacionados ao interesse de mercado (Freitas et al., 2012).

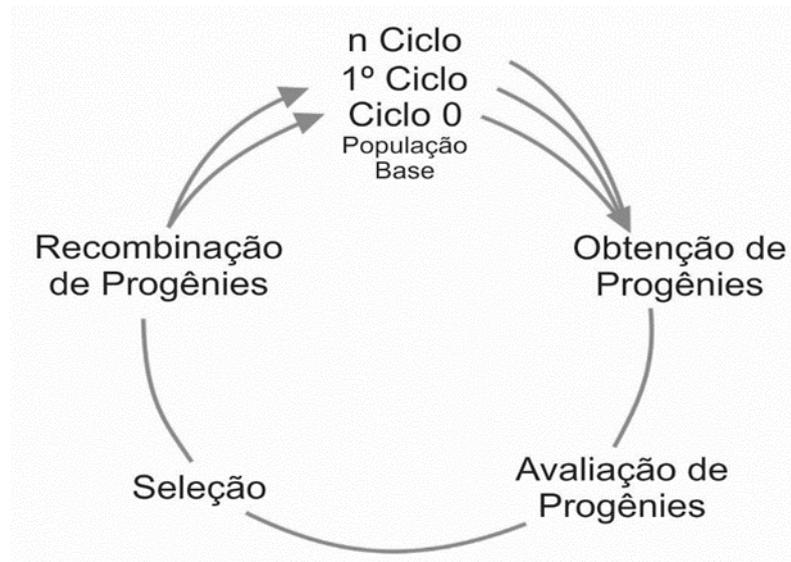


Figura 1 – Representação esquemática proposta por Dalbosco (2015) contendo as etapas da seleção recorrente intrapopulacional.

Na segunda etapa ocorre a avaliação das famílias de meio irmão ou irmão completo através de delineamentos experimentais, para que os resultados tenham boa acurácia e sejam confiáveis (Miranda Filho, 1987). A terceira etapa consiste na seleção de famílias superiores a partir das características agrônômicas de interesse, sendo que a seleção praticada em uma determinada característica, normalmente proporciona alterações em outras, devido a correlação genética existente. Tal fenômeno é denominado de resposta correlacionada à seleção podendo ser ou não de interesse para o melhorista (Bárbaro et al., 2007).

Esse tipo de seleção, baseada apenas em uma ou poucas características, tem-se mostrado inadequada, pois a característica selecionada no genótipo pode apresentar superioridade, mas em relação ao conjunto de características podem apresentar o desempenho menos favorável (Cruz et al., 2014). Objetivando amenizar essa situação, o emprego de índices de seleção é uma alternativa eficiente, que permitem combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, visando à máxima eficiência na seleção, aquela que tem os índices estabelecidos como critério visa, sobretudo, melhorar gradativamente as frequências de alelos favoráveis para o conjunto de características de importância (Cruz et al., 2014).

A última etapa consiste no emprego da recombinação das famílias

selecionadas. Este processo entre genótipos selecionados quando bem aplicado aumenta a frequência de genes desejáveis, recompõe a variabilidade genética para o próximo ciclo e resgata a condição de equilíbrio perdida a partir da seleção (Souza Junior, 1998).

Os resultados da seleção recorrente intrapopulacional têm sido considerados satisfatórios até o momento, assim, esse método pode ser utilizado com sucesso no melhoramento de maracujazeiro azedo, em todas as regiões do mundo onde essa fruteira é cultivada (Silva et al., 2014). Os programas de melhoramento genético têm proporcionado, com muito sucesso, o aumento de produtividade e a melhoria de várias outras características de interesse na agricultura e na pecuária (Resende Junior, 2010).

As instituições públicas brasileiras que trabalham com o melhoramento do maracujazeiro são: Universidade Federal de Viçosa – UFV; Universidade Estadual do Oeste da Bahia – UESB; Universidade Estadual de Santa Cruz – UESC; Universidade Estadual do Mato Grosso – UNEMAT; Universidade Estadual Paulista – UNESP; Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA, e Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, dentre outras.

Várias cultivares de maracujazeiro estão disponíveis no mercado, como híbridos intravarietais da série 270, desenvolvidos pelo Instituto Agrônomo de Campinas, os híbridos BRS Sol do Cerrado, BRS Gigante Amarelo, BRS Ouro Vermelho e o BRS Rubi do Cerrado, lançados pela Embrapa Cerrados, as cultivares da série FB, da Flora Brasil, em 2016, foi lançada a cultivar Uenf Rio Dourado pela UENF. Entretanto, nenhuma dessas cultivares foi desenvolvida para o Estado do Mato Grosso e precisam de avaliações para serem indicadas aos produtores rurais (Krause et al., 2012). Considerando o elevado potencial do maracujazeiro e a baixa disponibilidade de cultivares, a Universidade do Estado do Mato Grosso iniciou em 2009 o programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo que visa o desenvolvimento de novas cultivares.

Na Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), o programa de melhoramento genético do maracujazeiro teve início em 2009, com o objetivo do programa é desenvolver uma população de maracujazeiro azedo mais produtivo e adaptado às condições edafoclimáticas do estado de Mato Grosso. Inicialmente foram realizados os cruzamentos de oito cultivares comerciais. Os F_{1s} foram

avaliados em delineamento de blocos casualizados, com dez repetições e dez plantas por parcela (Assunção et al., 2015).

Primeiramente se obteve a população base através do cruzamento entre oito genótipos 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 agrônômicas, 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).

A população de maracujazeiro azedo avaliada apresentou 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. Através do índice de seleção, selecionaram individualmente 30 progênies, e o programa de seleção recorrente intrapopulacional implantou a população base (Assunção et al., 2015).

Posteriormente, no ano de 2013 foram então avaliados os dados individuais de planta através das características produção, número de frutos e peso de frutos no primeiro ano de cultivo e no ciclo completo da cultura do maracujazeiro azedo, ou seja, dois anos de cultivo. Este estudo demonstrou eficiência e viabilidade realizada no melhoramento genético do maracujazeiro azedo, através da possibilidade seleção antecipada de genótipos a nível individual através da metodologia REML/BLUP (Cavalcante et al., 2017).

Em 2014 teve início o novo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional, com a obtenção de 118 famílias de irmãos completos e implantação do experimento a campo para avaliação. Em 2015 foi realizada a seleção, por meio de índices de seleção restrito, de 40 famílias de irmãos completos (Dalbosco, 2015).

2.3 Delineamento e suas implicações no erro experimental

Ao avaliar famílias ou realizar ensaios de cultivares, os melhoristas esperam que a variação presente seja somente de ordem genética. Entretanto, podem ocorrer algumas variações aleatórias entre parcelas que receberam o mesmo genótipo, mesmo ao se tomar alguns cuidados pertinentes a variação ambiental. Tais variações aleatórias nada mais são que o erro experimental. Existem várias fontes de variação as quais contribuem para aumentar as estimativas do erro experimental, que em sua maioria, podem ser atenuadas através da utilização de um delineamento experimental adequado (Ramalho et al., 2000; Montgomery, 2017).

O delineamento experimental nada mais é que um arranjo dos tratamentos nas parcelas experimentais, de modo que, permita-se identificar as fontes de variação em que a soma de quadrados total será decomposta (Cressie, 1993). Os objetivos do delineamento experimental, em resumo, é permitir a estimativa do erro experimental, contribuir para aumentar a precisão dos experimentos, além de fornecer informações para proceder ao teste de significância (Resende, 2007; Faraway, 2014).

A escolha adequada de um delineamento experimental, bem como análises estatísticas apropriadas podem produzir melhoras consideráveis na predição de valores genéticos e um eficiente aproveitamento dos recursos disponíveis (Gezan et al., 2006). Fatores como o tipo de tratamento a ser aplicado, local de condução do experimento e o número de tratamentos a serem avaliados devem ser levados em consideração no momento da escolha do delineamento experimental (Campbell e Stanley, 1963; Ramalho et al., 2000).

Entre os tipos de delineamentos experimentais, encontra-se o delineamento de blocos casualizados ou blocos ao acaso, sendo considerado como o mais utilizado na pesquisa agrícola e inúmeras vezes no melhoramento genético. Neste tipo de delineamento há o princípio de controle local, ou seja, há uma certa restrição na aleatorização dos tratamentos (Resende, 2007; Faraway, 2014).

Para que esse tipo de delineamento seja eficiente é necessário que os blocos que irão receber todos os tratamentos sejam o mais homogêneo possível. Quando a área experimental utilizada for considerada heterogênea, diferenças entre blocos são esperadas. Entretanto, esta variação entre blocos não é incluída no erro experimental, e tal heterogeneidade pode ser atenuada através do delineamento em blocos casualizados (Ramalho et al., 2000; Costa e Silva, 2001).

A maioria dos experimentos de maracujazeiro azedo, têm sido realizados em delineamento de blocos ao acaso (Neves et al., 2011; Silva et al., 2017; Cavalcante et al., 2017). Entretanto, o delineamento em blocos casualizados, em geral, é eficiente somente quando a variabilidade dentro da repetição é relativamente pequena, o que é raro quando um grande número de genótipos é avaliado (Silva et al., 2015). A eficiência de um delineamento é uma medida relativa e está associada à capacidade do delineamento em propiciar condições para a discriminação das médias dos tratamentos em teste (Resende, 2007; Montgomery, 2017).

Embora o delineamento em blocos casualizados apresente bons resultados quando se utiliza um pequeno número de tratamentos, visto que a homogeneidade dentro do bloco será a maior possível, ao trabalhar com espécies perenes como o maracujazeiro, as parcelas experimentais acabam se tornando grandes, o número de repetições é reduzido, e assim, a magnitude da área do bloco inviabiliza que se encontre um terreno homogêneo em toda a sua extensão contribuindo para a redução da sua eficiência (Ramalho et al., 2000; Silva et al., 2015).

Visando a redução do erro experimental e maior precisão das estimativas de parâmetros genéticos, e conseqüentemente, incremento no ganho de seleção, uma das alternativas seria a utilização blocos incompletos, o qual foi introduzido por Yates (1936). Este delineamento consiste na utilização de um número fixo de parcelas, sendo menor que o número de tratamentos, assim, se consegue a redução da heterogeneidade ambiental dentro de blocos, o que não ocorreria no caso dos blocos casualizados completos ou quadrado latino (Ramalho et al., 2000; Resende, 2007). Para esses projetos, vários autores relataram maiores eficiências em relação ao DBC original (Fu et al., 1998, 1999; Gezan et al., 2006).

Alternativamente, poderia se empregar o delineamento em látice quadrado com a função de redução do erro experimental e melhor na precisão das estimativas. Moraes et al. (2005) utilizaram o delineamento em látice para avaliar oito características relacionadas ao fruto do maracujazeiro, mostrando-se eficiente em apenas duas situações, para Produção total de frutos (8,9%) e Número de frutos (11,8%).

No entanto, vale ressaltar que de acordo com Ramalho et al. (2000), quando a eficiência do látice é menor, muitos autores recomendam que a análise de variância do látice seja desprezada e que o experimento seja analisado como blocos

casualizados completos. Segundo os autores, a estratégia mais adequada é planejar o experimento estruturado em látice e proceder à análise que venha proporcionar maior eficiência. Assim, como o melhorista não tem condições de prever se a área experimental é ou não heterogênea, a condução dos experimentos no delineamento de látice funciona como sendo um seguro para um problema que pode ou não ocorrer (Campbell e Stanley, 1963; Faraway, 2014; Montgomery, 2017).

Entre os delineamentos incompletos apresentados, segundo Ramalho et al. (2000), os látices balanceados são considerados os mais eficientes, devido aos pares de tratamentos ocorrerem em algum bloco do experimento, melhorando a precisão das comparações entre dois tratamentos. Em contrapartida, este tipo de delineamento pode tornar-se inviável devido a exigência de um grande número de repetições. Assim, sabe-se que o delineamento de blocos incompletos só será eficiente a medida que o número de tratamentos é aumentado no mesmo bloco (Resende, 2007).

Também é possível simultaneamente implementar bloqueio de duas vias usando a técnica post hoc blocking Row-Col (RC). Estes designs RC são descritos por John e Williams (1995) e muitas vezes produzem maior eficiência que os delineamentos de blocos incompletos (Lin et al., 1993; Qiao et al. 2000; Gezan et al. 2006), decorrente da redução da variação do erro experimental (Silva et al., 2017).

2.4 Técnica post hoc blocking (Row-Col)

Quando há necessidade de se avaliar um elevado número de genótipos necessita-se de grande área física, gerando blocos de grandes tamanhos, restringindo sua quantidade (Silva et al., 2017). A escolha adequada de um delineamento experimental, bem como análises estatísticas apropriadas promovem melhorias consideráveis na predição de valores genéticos e um eficiente aproveitamento dos recursos disponíveis (Gezan et al., 2006). Assim, espera-se que a heterogeneidade dentro dos blocos seja a menor possível, e adequada para a predição de parâmetros e valores genéticos.

A exemplo de delineamento experimental mais eficiente, poderia ser aquele que capta a variação espacial de forma mais eficaz, como a técnica post hoc blocking Row-Col (RC) (Silva et al., 2017).

Denominada como uma técnica *posteriori*, ou seja, que é realizada

posteriormente a fase de execução do experimento, a técnica RC foi proposta inicialmente por Patterson e Hunter (1983), a qual consiste na sobreposição de uma estrutura de blocos sobre o desenho do campo original (Gezan et al., 2006), com a adição de linhas e colunas. Trata-se de uma ferramenta de baixo custo, com o objetivo de avaliar a eficiência de um delineamento experimental (Patterson e Hunter, 1983).

A técnica RC possibilita a eliminação da heterogeneidade por “dois diferentes caminhos”, ou seja, além dos efeitos de blocos e tratamento, obtido em delineamentos agrupados em blocos casualizados, encontram-se presentes os efeitos de linhas e colunas. Deste modo, em uma situação em que linhas são desconsideradas, considerando apenas as colunas, obtêm-se um delineamento com as colunas como o bloco; ou ainda, similarmente, ignorando colunas e considerando apenas linhas, obtêm-se um delineamento tendo as linhas como o bloco. As fontes de variação adicionais em um experimento reduzem o erro experimental e melhora a precisão das estimativas (Silva et al., 2017).

Kempton et al. (1994) relataram a reanálise de mais de 200 ensaios no qual foi observada a necessidade de modelos bidimensionais na maioria deles, tendo constatado-se superioridade da técnica RC em comparação ao delineamento em blocos casualizados, através de ganhos mais eficientes.

O delineamento em blocos casualizados é eficiente quando a variabilidade dentro da repetição é relativamente pequena, o que é raro quando há um grande número de genótipos em avaliação (Silva et al., 2017). Quando se trata de um elevado número de genótipos de maracujazeiro sempre requererá grandes áreas, então, isso, necessariamente acarretará uma variabilidade edáfica, a qual refere-se as variações pertinente ao solo, relacionadas a disponibilidade água e presença de restos culturais, as quais podem interferir no resultado dos tratamentos (Costa e Silva et al., 2001). Em contrapartida, quando o número de repetições é baixo, os parâmetros estimados conterão maiores erros e, então, necessariamente o uso de alternativas como a técnica proposta promoverá uma maior acurácia dos parâmetros estimados (Silva et al., 2017).

Neste contexto, o melhorista está usualmente restrito ao tamanho de área a ser utilizada em dado experimento. O uso da técnica RC como bloco incompleto

pode ser utilizado na prática, e os fatores linhas e colunas podem ser incluídos em um modelo linear misto como efeitos aleatórios (Silva et al., 2017).

A maioria dos experimentos de maracujazeiro, utilizam o delineamento em blocos casualizados (Neves et al., 2011; Silva et al., 2017; Cavalcante et al., 2017). A utilização da técnica RC, para a avaliação das variáveis, permite uma maior acurácia no tratamento das características fenotipadas na população conforme resultado obtido por Silva et al. (2017) ao trabalhar com uma população de maracujazeiro azedo sob seleção recorrente.

Além disso, vários autores têm utilizado a técnica RC com sucesso para aumentar a herdabilidade e a precisão da predição de efeitos genéticos para análises finais, ou seja, etapa de seleção propriamente dita (Ericsson, 1997; Dutkowski et al., 2002; Lopez et al., 2002).

2.5 Análise de deviance via REML/BLUP

A análise de deviance está inclusa na metodologia de modelos mistos e é utilizada para testar a significâncias de parâmetros e características que estão sendo avaliadas.

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

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

O método REML associado à metodologia de modelos mistos (BLUP) é uma ferramenta flexível para a estimação dos parâmetros genéticos. As vantagens geradas pelas estimativas não tendenciosas dos parâmetros levam em conta a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações. Além disso, simultaneamente corrige os dados decorrentes de efeitos ambientais, estima os

parâmetros genéticos e prediz os valores genéticos, maximiza a acurácia seletiva, permite a predição de efeitos de dominância (Resende, 2007).

Outra vantagem desta metodologia é poder-se trabalhar simultaneamente com um grande número de informações provenientes de diferentes gerações, locais e idades, não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, os quais não precisam estar associados a delineamentos, bastando que se tenha informações sobre a genealogia dos indivíduos sob medidas repetidas (Resende, 2007).

A avaliação genotípica consiste na estimação de parâmetros genéticos, como a herdabilidade e predição de valores genotípicos, os quais são fundamentais para o delineamento de eficientes estratégias de melhoramento genético (Pimentel et al., 2014).

Em sua maioria, a experimentação de campo está associada ao desbalanceamento de dados, fato que se deve a diversos fatores como perdas de parcelas, quantidade de mudas e sementes disponíveis, diferentes delineamentos experimentais, diferentes números de repetições por tratamento, entre outros. Visando lidar naturalmente com o desbalanceamento citado e conduzir estimativas e predições de parâmetros mais precisos encontra-se a metodologia de modelos mistos, ou REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada) (Viana e Resende, 2014; Altrock et al., 2016).

O BLUP possibilita a maximização da acurácia seletiva, sendo, portanto, considerado superior a qualquer outro índice de seleção combinada, exceto o que usa todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico (próprio BLUP para dados desbalanceados) (Resende e Higa, 1994; Resende e Fernandes, 1999).

Para estimação dos componentes de variância, ou seja, os parâmetros genéticos recomendam-se o procedimento REML (máxima verossimilhança restrita), o qual foi desenvolvido por Patterson e Thompson (1971). A análise de variância (ANOVA) tem limitação para lidar com dados desbalanceados e com tratamentos que apresentam parentesco, desta forma, o método REML permite lidar com esta situação, promovendo maior flexibilidade e eficiência.

O procedimento da análise de deviance compreende a obtenção do ponto máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com ou sem efeito a ser testado. Após a obtenção do Log L é obtida a deviance ($D =$

-2 Log L) para modelos com e sem efeito a ser testado, e então, faz-se a diferença entre as deviances obtidas, obtendo-se a razão de verossimilhança (LR). Assim, testa-se via LRT, a significância desta diferença usando o teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade (Viana e Resende, 2014).

Um programa que pode ser utilizado para realização destes procedimentos é o ASREML (Gilmour et al., 2000), o qual é aceito para a estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos (Gilmour et al., 2009).

O software ASREML contempla, adicionalmente, a técnica de análise espacial associada ao BLUP e permite também a análise de modelos não lineares para variáveis binomiais, empregando a técnica de modelos lineares generalizados. Este software permite, praticamente, a análise de qualquer modelo, mesmo os mais complexos, e dificilmente será superado (Resende, 2000).

2.6 Critério de informação de Akaike

A escolha do modelo apropriado, do ponto de vista estatístico, é um tópico extremamente importante na análise de dados (Bozdogan, 1987). Busca-se o modelo mais parcimonioso, isto é, o modelo que envolva o mínimo de parâmetros possíveis a serem estimados e que explique bem o comportamento da variável resposta (Bozdogan, 1987; Wolfinger, 1993; Littell et al., 2002).

O uso de modelos mistos permite a análise de dados com estruturas de dependência, desbalanceados e com falta de normalidade e homogeneidade de variância do erro entre os tratamentos (Balzarini et al., 2004). Além disso, esses modelos nos permitem modelar a resposta de um estudo experimental ou observacional em função de fatores ou covariáveis, quais efeitos podem ser considerados como constantes fixas ou variáveis aleatórias (Arnau e Bono, 2008; Castellano e Blanco-Villaseñor, 2015).

Arnau et al. (2012) relatam que o modelo linear misto permite modelar a estrutura da matriz de covariância e suas diferenças entre os grupos, dependendo da descrição dos dados. A partir desta abordagem, a estrutura da matriz de covariância mais adequada é previamente selecionada por critérios estatísticos, como Akaike (AIC) (Herrera et al., 2017).

Nas últimas quatro décadas técnicas de seleção de modelos foram desenvolvidos com base na teoria da informação, como os critérios de informação de Akaike (AIC) (Mu'ller et al., 2013).

O AIC baseia-se na minimização do valor esperado estimado, onde a distância entre o modelo aproximado e o desconhecido modelo verdadeiro deve ser a menor possível. Admite-se a existência de um modelo real que descreve os dados que é desconhecido, e tenta escolher dentre um grupo de modelos avaliados, o que minimiza a divergência de Kullback-Leibler (K-L) (Kullback e Leibler, 1951).

O termo de verossimilhança na AIC mede a sensibilidade e especificidade do ajuste de um modelo e penaliza para a complexidade do modelo para reforçar a parcimônia (Burnham e Anderson, 2002; Lee e Ghosh, 2009; Dziak et al., 2017). Como o coeficiente da probabilidade é negativo, o menor valor de AIC é considerado como o melhor ajuste. No entanto, a AIC é inteiramente baseada na probabilidade, e então depende fortemente da forma do modelo e a validade dos pressupostos do modelo (incluindo o erro distribuição, estrutura de correlação e linearidade de qualquer efeito de covariáveis) (Burnham e Anderson, 2004).

Após a definição dos modelos que serão testados com base nos valores encontrados de AIC, escolhe-se o melhor modelo preditivo (Hall et al., 2004).

3.0 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local

O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso, situada no município de Tangará da Serra, MT a 14°37'10" latitude sul e 57°29'09" longitude oeste e altitude de 321 m. O clima da região é tropical apresentando estação seca e chuvosa bem definida com precipitação média anual de 1300 a 2000 mm ano⁻¹ e temperatura anual de 16 a 36 °C (Martins et al., 2010).

O solo do local é classificado como Latossolo Vermelho distroférico, com teor de argila acima de 40%, textura argilosa e relevo plano a levemente ondulado (Embrapa, 2006). A calagem e adubações de plantio e de cobertura foram realizadas mediante a análise de solo, conforme as recomendações de Borges et al. (2006). O resultado da análise de solo feita a 0-20 cm de profundidade demonstrou os seguintes valores (Tabela 1).

Tabela 1. Característica química e física do solo, na área experimental

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

3.2 Material genético

Foram avaliadas 118 famílias de irmãos completos (FIC) oriundas do programa de melhoramento do maracujazeiro azedo da Unemat, o qual encontra-se no terceiro ciclo de seleção, conforme Figura 3, e três testemunhas adicionais, sendo um genótipo proveniente do programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo da Unemat denominado população UNEMAT S30 e as cultivares comerciais FB200 e BRS Rubi do Cerrado.

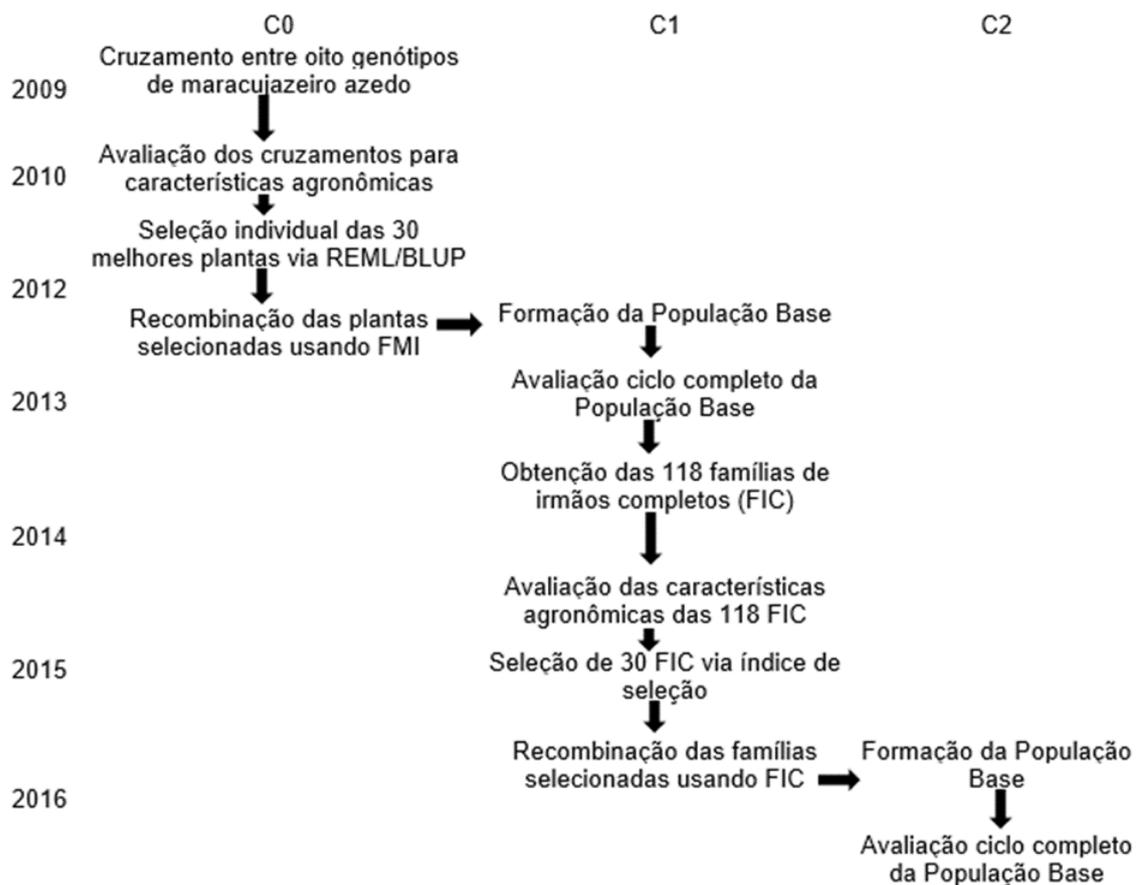


Figura 2 – Programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo da Universidade do Estado de Mato Grosso – Unemat.

3.3 Delineamento estatístico e condução do experimento

O experimento foi instalado em setembro de 2014, no qual empregou-se o delineamento em blocos casualizados, com três repetições, conforme o layout apresentado na Figura 3.

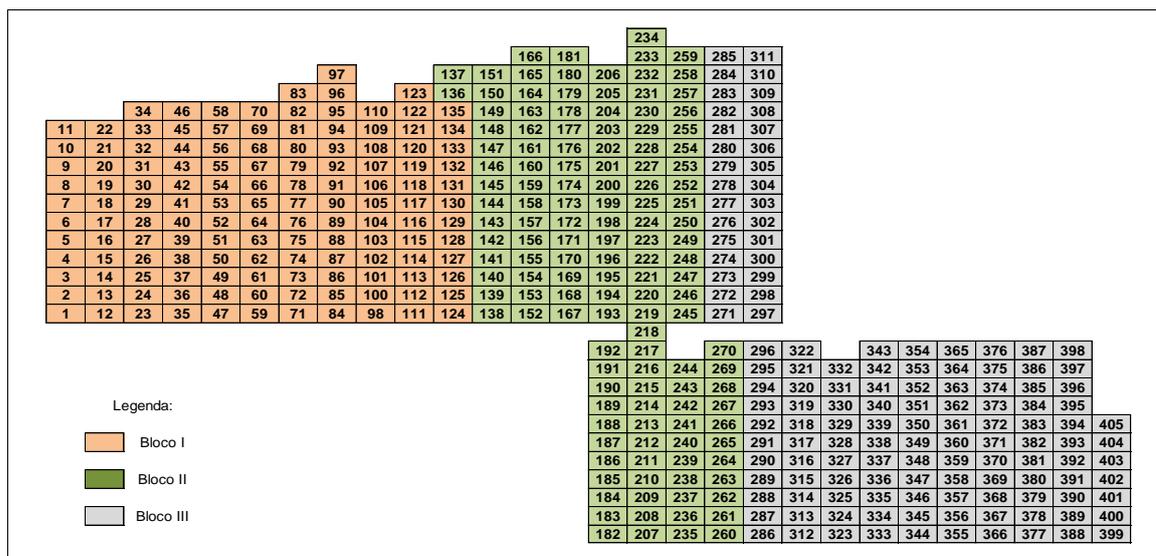


Figura 3 - Layout da área experimental, demonstrando a distribuição das parcelas em delineamento de blocos ao caso, com três repetições. Unemat, Tangará da Serra - MT.

O espaçamento foi de 3,0 m entre plantas e de 3,0 m entre linhas de plantio a fim de possibilitar a mobilidade de maquinário dentro do experimento. O sistema de condução das plantas foi em espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m, espaçados de 6,0 m e com um fio de arame liso número 12 a partir de 2,0 m do solo.

Foram empregados tratos culturais como irrigação, adubação, podas, controle de pragas e doenças, conforme recomendação para a cultura do maracujazeiro azedo (Bruckner e Picanço, 2001). Durante a condução do experimento a polinização manual foi realizada duas vezes por semana.

3.4 Características avaliadas

O plantio e condução do experimento, bem como a mensuração das variáveis foram realizadas por Dalbosco (2015). Foram avaliadas as seguintes características:

- a) Dias para florescimento (DFL): medida pela contagem de dias do plantio até a abertura da primeira flor na parcela.
- b) Produtividade (PROD) em kg ha⁻¹: evidenciada pela soma do total de colheitas realizadas durante a condução do experimento.
- c) Massa de frutos (MF) em g: calculada pela razão entre a produtividade de cada parcela pelo número total de frutos colhidos, tendo a pesagem ocorrido de forma direta com auxílio de uma balança digital da marca Marte (modelo MS 30 K1).

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

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

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

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

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

As mensurações das características CF, DF e EC contaram com o auxílio de um paquímetro digital (Stainles shardened 150mm).

i) Porcentagem de polpa (PP) em %: foi obtida através da pesagem da polpa com o auxílio de uma balança digital da marca Marte (modelo MS 30 K1), logo, dividiu-se o valor obtido pelo peso total dos frutos e multiplicou-se por 100.

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

Quadro 1 - Escala de notas adotadas para avaliação da coloração da polpa de maracujazeiro azedo

Nota	6	5	4	3	2	1
Cores						
Descrição	Laranja	Laranja-claro	Ouro	Amarelo	Amarelo-claro	Branco

Fonte: Adaptado de Linhales (2007)

k) Teor de sólidos solúveis totais (SS) em graus Brix°: obtido por refratometria, utilizando-se refratômetro digital de bancada (Instrutherm Refractive index modelo RTD-45), com leitura na faixa de 0 a 45% ° Brix°.

As leituras foram realizadas pingando gotas do suco até a indicação do aparelho.

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

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

Onde:

G = equivalente de ácido cítrico por 100 ml de suco

V (L) = volume de NaOH 0,1 mol L⁻¹ gasto na titulação

f = fator de correção devido a padronização

N = normalidade do NaOH (eq L⁻¹) foi de 0,1

PE = peso equivalente do ácido cítrico (g eq⁻¹) de 64

P = volume de suco de 5 mL

m) Ratio (RAT): obtido pela divisão do valor encontrado de SS pelo valor encontrado de ATT.

3.5 Análise genético-estatística

O procedimento da técnica post hoc blocking Row-Col (RC) seguiu a distribuição de 28 linhas e 28 colunas, conforme a representação esquemática da Figura 4.

As análises para realização da comparação entre a performance da técnica RC com o modelo experimental original DBC, foram realizadas utilizando-se o software ASREML (Gilmour et al., 2000), o qual ajusta os modelos mistos lineares e permite a estimação dos componentes de variância, bem como a predição dos valores genéticos e de Log L (Gilmour et al., 2002). Realizou-se a análise de deviance para cada características, a fim de se determinar as diferenças entre cada característica.

O software ASREML contempla, adicionalmente, a técnica de análise espacial associada ao BLUP (Melhor Predição Linear não Viesada) e permite também a análise de modelos não lineares para variáveis binomiais, empregando a técnica de modelos lineares generalizados. Este software permite, praticamente, a análise de qualquer modelo, mesmo os mais complexos, e dificilmente será superado (Resende, 2000).

3.6 Desempenho da técnica post hoc blocking Row-Col (RC)

Com o objetivo de se avaliar o desempenho da técnica RC em relação ao DBC original, foram utilizadas as seguintes metodologias:

3.6.1 Escolha do modelo

3.6.1.1 Teste da razão de verossimilhança

Para comparação das expressões matemáticas foi empregado o teste baseado no qui-quadrado (χ^2), por meio do teste da razão de verossimilhança (LRT) e então obtidos os valores de Log L. A comparação visou avaliar a significância da técnica RC na avaliação dos dados. Os valores de Log L são utilizados para verificar qual dos modelos melhor explica os dados (Muse e Gaut, 1994; Dutkowski et al., 2002).

Com base nos valores de verossimilhança de Log L, considerou-se sua diferença, conforme:

$$d = 2 [\log L_2 - \log L_1] \sim \chi^2_{r_2-r_1}$$

Onde, subtrai-se o valor do modelo com maior número de parâmetros (L_2) daquele que corresponde o menor número de parâmetros (L_1), e compara-se o resultado com uma distribuição χ^2 com graus de liberdade igual à diferença do número de parâmetros entre os modelos (Silva et al., 2017).

3.6.1.2 Critério de Informação de Akaike (AIC)

Utilizou-se o Critério de Informação de Akaike (Akaike, 1973) (AIC), como descrito em Littell et al. (1996), a fim de se comparar o desempenho do modelo. O AIC é calculado com base em valores de verossimilhança levando em consideração o número de parâmetros do modelo.

$$AIC = 2 * (\text{Log } L - p)$$

Onde: Log L é a probabilidade de log REML e p é o número dos parâmetros estimados. Valores menores da AIC indicam um melhor desempenho do modelo estatístico (Myung et al., 2003; Kravchenko et al., 2006). Dois graus de liberdade foram permitidos para a determinação de tamanho de bloco no cálculo da AIC para o modelo pós hoc blocking. Todos os efeitos de modelo foram aleatórios para permitir a comparação usando AIC, como modelos podem só pode ser comparado quando os efeitos fixos são os mesmos.

3.6.2 Eficiência do modelo RC

3.6.2.1 Componentes de variância via REML com base na variância do erro e sua redução

Os componentes de variância de linha (σ_{Row}^2), coluna (σ_{Col}^2), variância de progênie (σ_{Prog}^2), residual (σ_e^2) e total (σ_{Total}^2), foram estimados via REML (máxima verossimilhança restrita).

As variâncias percentuais de linha ($\% \sigma_{\text{Row}}^2$) e coluna ($\% \sigma_{\text{Col}}^2$), foram encontradas através da divisão das variâncias de linha (σ_{Row}^2) e coluna (σ_{Col}^2), pela variância total (σ_{Total}^2), respectivamente.

O cálculo de redução da variação do erro pode ser empregado para avaliar melhorias na precisão dos modelos alternativos, a exemplo a técnica RC, sobre o modelo experimental original DBC, conforme a expressão utilizada para eficiência relativa (ER):

$$ER\% = \frac{\sigma_{e \text{ DBC}}^2}{\sigma_{e \text{ RC}}^2} \times 100$$

Esse parâmetro tem sido empregado para medir a precisão ou a eficiência de experimentos (Patterson e Hunter, 1983; Cullis e Gleeson, 1991; Kempton et al., 1994; Zimmerman e Harville, 1991; Qiao et al., 2000).

3.6.2.2 Herdabilidade, acurácia e a variância do erro de predição

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo, baseada na média das parcelas, foram obtidas, utilizando a seguinte expressão:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2}$$

Onde, h_a^2 = herdabilidade no sentido amplo, σ_G^2 = variância genotípica e σ_F^2 = variância fenotípica. A classificação das herdabilidades são: alta magnitude ($h_a^2 \geq 0,50$), média magnitude ($0,15 \leq h_a^2 < 0,50$) e baixa magnitude ($h_a^2 < 0,15$) (Batheria et al., 2006).

A fim de se obter a confiabilidade dos dados, estimou-se os valores da acurácia através da raiz quadrada da herdabilidade, sendo classificadas de acordo com as seguintes magnitudes: alta ($r_{aa} \geq 0,70$), média ou moderada ($0,40 \leq r_{aa} < 0,70$) e baixa ($r_{aa} < 0,40$) (Resende, 2002).

A precisão é dada pelo parâmetro variância do erro de predição (PEV), sendo esta estatística relacionada a acurácia, por meio da seguinte equação:

$$PEV = (1 - r_{aa})V_g$$

Em que: r_{aa} é a acurácia calculada através da herdabilidade e V_g é a variação genotípica entre os materiais em avaliação. Quanto menor o valor da variância do erro de predição, maior a acurácia, ou seja, maior a precisão.

3.6.3 Impacto na seleção com base nos valores genotípicos preditos para as características NF, MF e ATT

Aplicou-se a seleção direta das famílias de irmãos completos conforme seus respectivos valores genotípicos preditos, nas intensidades de seleção de 10, 15 e 20%, a fim de averiguar as possíveis modificações em relação a sua respectiva classificação entre os modelos empregados.

3.6.3.2 Índice de coincidência

O nível de coincidência das famílias de irmãos completos selecionadas nas expressões DBC e RC foi realizado, com intensidades de seleção de 10, 15 e 20%, para as características avaliadas. Para estimar o índice de coincidência, foi utilizado o método de Hamblin e Zimmermann (1986), pela expressão:

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

Onde, A é o número de famílias que são coincidentes nas duas expressões; B é o número de famílias selecionadas, no caso 13, 20 e 27, sendo essa quantidade de famílias em virtude das intensidades de seleção empregadas de 10, 15 e 20%, e C, o número de coincidências atribuídas ao acaso, sendo adotado, nesse caso, 10% de B.

4.0 RESULTADOS

4.1 Escolha do modelo

4.1.1 Teste da razão de verossimilhança

Com base no teste da razão de verossimilhança, o modelo proposto post hoc blocking Row-Col (RC) apresentou melhor ou igual desempenho quando comparado ao modelo de blocos casualizados original (DBC), para as características avaliadas (Tabela 1).

Tabela 1. Resumo da análise de deviance para o teste da razão de verossimilhança, comparando os modelos DBC e RC, para as características de maracujazeiro azedo avaliadas. Tangará da Serra - MT, 2017

Características avaliadas ^{1/}	DBC	RC	d	p-valor
DFL	-1660,34	-1657,49	5,70	0,06
NF	-4285,69	-4276,42	18,54	0,00**
PROD	-1563,85	-1562,62	2,46	0,29
MF	-3617,96	-3605,86	24,20	0,00**
CF	-1583,01	-1582,84	0,34	0,84
DF	-1761,15	-1760,68	0,94	0,63
FF	-1569,52	-1569,17	0,70	0,70
EC	-1171,48	-1171,17	0,62	0,73
PP	-1580,90	-1580,87	0,06	0,97
CP	-1071,93	-1071,93	0,00	1,00
SS	-1592,66	-1592,66	0,00	1,00
ATT	298,94	292,52	12,84	0,00**
RATIO	-1071,24	-1070,60	1,28	0,53

^{1/}Dias para o florescimento (DFL), Número de fruto (NF), Produtividade (PROD), Massa de fruto (MF), Comprimento de fruto (CF), Diâmetro de fruto (DF), Formato de fruto (FF), Espessura de casca (EC), Porcentagem de polpa (PP), Coloração de polpa (CP), Sólidos solúveis (SS), Acidez total titulável (ATT), Acidez total titulável/Sólidos solúveis (RATIO); **Significativo a 1% de probabilidade.

As características NF, MF e ATT apresentaram diferenças significativas ($p < 0,00$) entre os modelos avaliados, tendo se destacado o modelo RC, o qual proporcionou maior ajuste de dados, com diferenças de 18,54, 24,20 e 12,84, respectivamente. Em contrapartida, as características PP (0,06), CP (0,0) e SS (0,0) apresentaram valores próximos ou iguais a zero, o que indica que houve um menor ajuste de dados, ou ainda, que não havia diferença entre os modelos que foram empregados para estas características. As demais características não apresentaram diferença significativa entre os modelos empregados.

4.1.2 Critério de Informação de Akaike (AIC)

Também a fim de testar a validade do modelo RC, foi empregado o Critério de Informação de Akaike (AIC). Os valores encontrados de AIC com base no logaritmo da função de máxima verossimilhança (Log L) apresentam-se na Tabela 2. O modelo RC apresentou menores valores de AIC, ou seja, indicou melhor desempenho de acordo com as diferenças de valores de AIC para as características DFL (1,7), NF (14,54), MF (20,2), FF (17,06) e ATT (16,84) entre os modelos apresentados.

Tabela 2. Logaritmo da função de máxima verossimilhança (Log L) e Critério de Informação de Akaike (AIC) para os modelos utilizados na comparação do número de classes para a variância residual. Tangará da Serra - MT, 2017

Características avaliadas ^{1/}	Log L ^{2/}		AIC	
	DBC	RC	DBC	RC
DFL	-1660,34	-1657,49	-3326,68	-3324,98
NF	-4285,69	-4276,42	-8577,38	-8562,84
PROD	-1563,85	-1562,62	-3133,7	-3135,24
MF	-3617,96	-3605,86	-7241,92	-7221,72
CF	-1583,01	-1582,84	-3172,02	-3175,68
DF	-1761,15	-1760,68	-3528,3	-3531,36
FF	-1569,52	-1569,17	-3145,4	-3128,34
EC	-1171,48	-1171,17	-2348,96	-2352,34
PP	-1580,90	-1580,87	-3167,8	-3171,74
CP	-1071,93	-1071,93	-2149,86	-2153,86
SS	-1592,66	-1592,66	-3191,32	-3195,32
ATT	298,94	292,52	591,88	575,04
RATIO	-1071,24	-1070,60	-2148,48	-2151,20

^{1/}Dias para o florescimento (DFL), Número de fruto (NF), Produtividade (PROD), Massa de fruto (MF), Comprimento de fruto (CF), Diâmetro de fruto (DF), Formato de fruto (FF), Espessura de casca (EC), Porcentagem de polpa (PP), Coloração de polpa (CP), Sólidos solúveis (SS), Acidez total titulável (ATT), Acidez total titulável/Sólidos solúveis (RATIO); ^{2/}Valores de Log L de DBC e RC; ^{3/}Valores expressos como desvio do melhor valor.

Para as características PROD, CF, DF, EC, PP, CP, SS e RATIO em que o modelo DBC apresentou menores valores de AIC (1,54; 3,0; 3,0; 3,38; 3,0; 4,0; 4,0; e 2,72, respectivamente) e, portanto, seria considerado mais apropriado, observa-se que as diferenças entre os modelos foram marginalmente semelhantes, com diferenças inferiores a 4,0. Em contrapartida, a maior diferença entre valores de AIC entre os

modelos ocorreu para as características em que o modelo RC apresentou melhor desempenho, variando entre 1,7 e 20,2.

Ainda para as características DFL (1,7) e PROD (1,54) estas seriam consideradas igualmente substanciais na seleção do modelo, visto que apresentam valores inferiores a 2,0 (Burnham e Anderson, 2002).

4.2 Eficiência do modelo

4.2.1 Componentes de variância via REML com base na variância do erro e sua redução

As fontes de variação adicionais que o modelo RC propõe, ou seja, linha (row) e coluna (col) foram capazes de capturar heterogeneidade, para 11 das 13 características avaliadas, conforme Tabela 3.

Tabela 3. Estimativas de componentes de variância de linha (σ_{Row}^2), coluna (σ_{Col}^2) e suas respectivas porcentagens, variância de progênie (σ_{Prog}^2), residual (σ_e^2) e total (σ_{Total}^2), para as características avaliadas em maracujazeiro azedo, através do modelo RC. Tangará da Serra - MT, 2017

Características avaliadas ^{1/}	σ_{Row}^2	% σ_{Row}^2	σ_{Col}^2	% σ_{Col}^2	σ_{Prog}^2	σ_e^2	σ_{Total}^2
DFL	24,56	0,87	40,18	1,43	2230,68	521,59	2817,0
NF	51222700	7,14	26784600	3,74	288342000	350704000	717050000
PROD	27,08	3,03	1,59	0,18	245,99	619,50	894,16
MF	2177370	8,47	1135630	4,42	9778200	12602900	25694000
CF	0,0	0,00	10,31	1,08	194,64	747,96	952,90
DF	3,15	0,06	26,92	0,49	4653,33	833,65	5517,0
FF	11,31	1,28	6,39	0,72	164,97	702,98	885,64
EC	0,0	0,0	0,60	0,07	816,32	25,63	842,55
PP	0,0	0,0	3,87	0,40	254,99	707,21	966,06
CP	0,0	0,0	0,0	0,0	584,71	14,76	599,46
SS	0,0	0,0	0,0	0,0	285,32	744,78	1030,10
ATT	0,0	0,0	0,0	0,01	0,09	0,0	0,10
RATIO	0,74	0,83	1,03	1,17	41,33	45,37	88,47

^{1/}Dias para o florescimento (DFL), Número de fruto (NF), Produtividade (PROD), Massa de fruto (MF), Comprimento de fruto (CF), Diâmetro de fruto (DF), Formato de fruto (FF), Espessura de casca (EC), Porcentagem de polpa (PP), Coloração de polpa (CP), Sólidos solúveis (SS), Acidez total titulável (ATT), Acidez total titulável/Sólidos solúveis (RATIO).

As características DFL, NF, PROD, MF, DF, FF e RATIO apresentaram heterogeneidade, ou seja, variação captada por ambas fontes de variação. O efeito

proporcionado pela fonte coluna foi responsável pela captação de maior variação, sendo captada em 11 características, enquanto o efeito de linha em apenas sete. Os maiores valores do efeito de coluna foram encontrados para as características DFL, CF, DF, EC, PP e RATIO, enquanto para os efeitos de linha foram encontrados para as características NF, PROD, MF e FF (Tabela 3).

Valores baixos ou igual a zero foram encontrados principalmente referente aos efeitos de linhas para as demais características. As características CP e SS apresentaram efeitos de colunas e linhas igual a zero, podendo inferir que não havia variação a ser capturada pelas fontes adicionais de variação, linha e coluna, respectivamente. Em todos os casos, a variância ambiental não capturada pelos fatores genéticos ou experimentais foram maiores que 2,46% da variância total, variando entre 2,46 e 79,37, excetuando-se a característica ATT (0,0).

O efeito de redução da variância residual (σ_e^2) via cálculo de eficiência relativa proporcionada pela técnica RC em relação a análise DBC original apresenta-se na Tabela 4, onde demonstra-se que houve uma redução da variância residual média de 7%.

Tabela 4. Efeito de redução da variância residual (σ_e^2) via cálculo de eficiência relativa proporcionada pela técnica RC em relação a análise DBC original, para as características avaliadas em maracujazeiro azedo. Tangará da Serra - MT, 2017

Características avaliadas ^{1/}	DBC	RC	ER(%) ^{2/}
DFL	579,26	521,59	11,06
NF	420235000,0	350704000,0	19,83
PROD	644,01	619,50	3,96
MF	15657400,0	12602900,0	24,24
CF	754,76	747,96	0,91
DF	860,04	833,65	3,17
FF	717,33	702,98	2,04
EC	26,15	25,63	2,03
PP	710,04	707,21	0,40
CP	14,76	14,76	0,0
SS	744,78	744,78	0,0
ATT	0,0	0,0	0,0
RATIO	46,92	45,37	3,42

^{1/}Dias para o florescimento (DFL), Número de fruto (NF), Produtividade (PROD), Massa de fruto (MF), Comprimento de fruto (CF), Diâmetro de fruto (DF), Formato de fruto (FF), Espessura de casca (EC), Porcentagem de polpa (PP), Coloração de polpa (CP), Sólidos solúveis (SS), Acidez total titulável (ATT), Acidez total titulável/Sólidos solúveis (RATIO). ^{2/}Valores acima de 100, proporcionaram a redução da variância residual em porcentagem.

Os valores apresentados na Tabela 4, inferem ainda que houve redução em 10 das 13 características avaliadas, sendo as características MF, NF e DFL as que mais sofreram o impacto deste efeito (Tabela 4), com reduções de 24,24, 19,83 e 11,06%, respectivamente. Os componentes de variância residual das características CP, SS e ATT não sofreram redução, e, portanto, seus valores de eficiência foram iguais a 0,0%.

Os componentes de variância residual no modelo DBC original foram maiores do que o modelo RC para todas as características, excetuando-se para CP, SS e ATT, as quais apresentaram os mesmos valores em ambos modelos.

4.2.2. Herdabilidade, acurácia e PEV

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo com base nos modelos mistos, variaram de 0,208 a 0,975 para o modelo DBC e para o modelo RC de 0,204 a 0,975 (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativas de herdabilidade (h_g^2), seus respectivos erros e acurácia (râa) obtidas pelos modelos DBC e RC, para as características avaliadas. Tangará da Serra – MT, 2017

Características avaliadas ^{1/}	DBC			RC		
	h_g^2 ^{2/}	Erro	râa	h_g^2 ^{2/}	Erro	râa
DFL	0,794	0,03	0,891	0,792	0,03	0,899
NF	0,412	0,05	0,642	0,402	0,05	0,634
PROD	0,280	0,06	0,529	0,275	0,06	0,525
MF	0,386	0,05	0,621	0,381	0,05	0,617
CF	0,208	0,06	0,456	0,204	0,06	0,452
DF	0,844	0,02	0,919	0,843	0,02	0,918
FF	0,190	0,06	0,436	0,186	0,06	0,432
EC	0,969	0,0	0,984	0,969	0,0	0,984
PP	0,265	0,06	0,515	0,264	0,06	0,514
CP	0,975	0,0	0,988	0,975	0,0	0,988
SS	0,277	0,06	0,526	0,277	0,06	0,526
ATT	0,974	0,0	0,987	0,974	0,0	0,987
RATIO	0,470	0,05	0,685	0,467	0,05	0,683

^{1/}Dias para o florescimento (DFL), Número de fruto (NF), Produtividade (PROD), Massa de fruto (MF), Comprimento de fruto (CF), Diâmetro de fruto (DF), Formato de fruto (FF), Espessura de casca (EC), Porcentagem de polpa (PP), Coloração de polpa (CP), Sólidos solúveis (SS), Acidez total titulável (ATT), Acidez total titulável/Sólidos solúveis (RATIO). ^{2/}Herdabilidade em sentido amplo associada a seu desvio padrão.

O modelo RC apresentou valores de herdabilidade iguais ao modelo DBC original para EC, CP, SS e ATT e marginalmente inferiores ao modelo DBC original para as demais características, expressos na Tabela 5. Para ATT, os valores de herdabilidade foram os mesmos em ambos os modelos (0,974).

Considerando as demais estimativas, cinco das 13 herdabilidades estimadas, sendo DFL, DF, EC, CP e ATT apresentaram valores superiores a 0,50, considerado alta de acordo com a classificação de Batheria et al. (2006). Segundo a mesma classificação proposta por Batheria et al. (2006) as demais características apresentaram valores de herdabilidade que variaram entre 0,186 a 0,467, sendo considerados como moderada.

Em relação aos valores de acurácia apresentados na Tabela 5, estes dados revelam uma variação de 0,436 a 0,988 para o modelo DBC e de 0,432 a 0,988 para o modelo RC. As características EC, CP, SS e ATT apresentaram valores de acurácia foram iguais em ambos modelos, sendo 0,969, 0,975, 0,277 e 0,974, respectivamente. O menor valor de acurácia seletiva foi obtido para FF enquanto CP apresentou o maior valor, sendo tais resultados observados para ambos os modelos empregados. Os valores de estão de acordo com a classificação de Resende (2002), considerados moderados para NF, PROD e MF e altos para DFL, CP e ATT, por exemplo.

Observa-se ainda que em relação a acurácia seletiva não houve diferença entre os modelos avaliados, se portando de maneira igual entre as características, e portanto, este parâmetro possivelmente não seja o mais apropriado para detectar diferenças entre os modelos ou sua respectiva eficiência.

As características NF, PROD, MF, CF, SS e RATIO apresentaram os maiores erros padrões associados à herdabilidade.

Os valores de variância do erro de predição (PEV) obtidos através da acurácia seletiva, apresentam-se na Tabela 6.

Comparando os valores de PEV obtidos entre os modelos, estes diferiram para as características PROD, CF, FF, EC e PP, apresentando valores menores de PEV, os quais estão diretamente relacionados com a acurácia.

Os valores de PEV para as características SS e ATT foram iguais em ambos os modelos.

Tabela 6. Estimativas de PEV obtidas através da acurácia para os modelos DBC e RC, para as 13 características avaliadas. Tangará da Serra – MT, 2017

Características avaliadas ^{1/}	DBC		RC	
	râa	PEV	râa	PEV
DFL	0,891	243,5	0,899	245,6
NF	0,642	105250210,0	0,634	105504337,8
PROD	0,529	117,8	0,525	117,0
MF	0,621	3726441,7	0,617	3746028,4
CF	0,456	107,8	0,452	106,7
DF	0,919	377,1	0,918	379,7
FF	0,436	94,9	0,432	93,8
EC	0,984	13,1	0,984	12,8
PP	0,515	124,4	0,514	124,0
CP	0,988	7,0	0,988	7,3
SS	0,526	135,2	0,526	135,2
ATT	0,987	0,0	0,987	0,0
RATIO	0,685	13,1	0,683	13,9

^{1/}Dias para o florescimento (DFL), Número de fruto (NF), Produtividade (PROD), Massa de fruto (MF), Comprimento de fruto (CF), Diâmetro de fruto (DF), Formato de fruto (FF), Espessura de casca (EC), Porcentagem de polpa (PP), Coloração de polpa (CP), Sólidos solúveis (SS), Acidez total titulável (ATT), Acidez total titulável/Sólidos solúveis (RATIO).

Os maiores valores de PEV foram encontrados para as características NF e MF. Em contrapartida, a característica ATT apresentou valor de PEV igual a zero.

4.3 Impacto na seleção com base nos valores genotípicos preditos para as características NF, MF e ATT

A classificação das famílias de irmãos completos foi realizada através da seleção direta com base nos valores genotípicos preditos para as características NF, MF e ATT, as quais foram significantes ($p < 0,00$) em relação aos modelos empregados nas intensidades de seleção de 10, 15 e 20% (Tabela 7).

Tabela 7. Classificação das famílias de irmãos completos (FIC) através da seleção direta com base nos valores genotípicos preditos para as características Número de fruto (NF), Massa de fruto (MF) e Acidez total titulável (ATT), nas intensidades de seleção de 10, 15 e 20%. Tangará da Serra – MT, 2017

Intensidade de seleção ^{1/}	Classificação	FIC NF		FIC MF		FIC ATT	
		DBC	RC	DBC	RC	DBC	RC
10% (13)	1	68	68	122	41	2	59
	2	122	55	68	55	6	68
	3	55	41	55	122	9	22
	4	41	122	79	68	10	103
	5	87	87	41	87	8	125
	6	79	23	87	23	5	58
	7	23	125	23	79	3	42
	8	125	47	70	75	4	3
	9	130	57	77	101	7	77
	10	57	52	130	77	68	81
	11	47	103	120	125	101	102
	12	103	79	101	57	12	4
	13	52	75	57	71	96	113
15% (20)	14	101	101	125	130	114	70
	15	120	130	75	84	59	50
	16	18	16	71	52	125	24
	17	70	110	18	16	58	15
	18	16	71	52	120	113	13
	19	110	76	89	70	50	14
	20	75	18	16	103	14	47
20% (27)	21	89	120	84	83	21	29
	22	116	84	103	76	52	21
	23	71	83	31	128	90	52
	24	126	128	83	47	124	90
	25	76	70	76	31	120	128
	26	77	30	35	4	78	124
	27	2	89	66	89	130	120

^{1/}Para as intensidades de seleção de 10, 15 e 20% compreende-se as 13, 20 e 27 melhores famílias selecionadas pela seleção direta aplicada na população avaliada.

Ainda em relação aos valores genotípicos preditos, ou seja, o próprio ganho, observa-se que o modelo RC proporcionou ganho superior ao DBC original para as características NF e MF e foi semelhante para a característica ATT (Tabela 8).

Tabela 8. Média dos valores genotípicos preditos para as características Número de fruto, Massa de fruto e Acidez total titulável, entre os modelos empregados. Tangará da Serra – MT, 2017

Característica avaliada	Ganho genético	
	DBC	RC
Número de fruto	18104,44	18471,85
Massa de fruto	3298,48	3380,52
Acidez total titulável	0,1052	0,1055

4.3.1 Índice de coincidência

Após a seleção direta realizada com base nos valores genotípicos preditos para as intensidades de 10, 15 e 20% (Tabela 7), foram obtidos os índices de coincidência entre os modelos DBC e RC para as características NF, MF e ATT (Tabela 8), para estas mesmas intensidades de seleção.

Tabela 9. Índice de coincidência (%) para as características Número de fruto (NF), Massa de fruto (MF) e Acidez total titulável (ATT), nas intensidades de seleção de 10, 15 e 20%. Tangará da Serra – MT, 2017

Intensidade de seleção	Índice de coincidência (%)		
	NF	MF	ATT
10% (13)	91,45	74,36	14,53
15%(20)	88,89	88,89	94,44
20%(27)	83,54	91,77	91,77

A característica NF sofreu maior impacto quanto a classificação das famílias de irmãos completos na intensidade de seleção de 20%, apresentando o índice de coincidência de 83,54%, enquanto nas características MF e ATT observou-se maior impacto na intensidade de seleção de 10%, apresentando índices de coincidência de 74,36% e 14,53%, respectivamente.

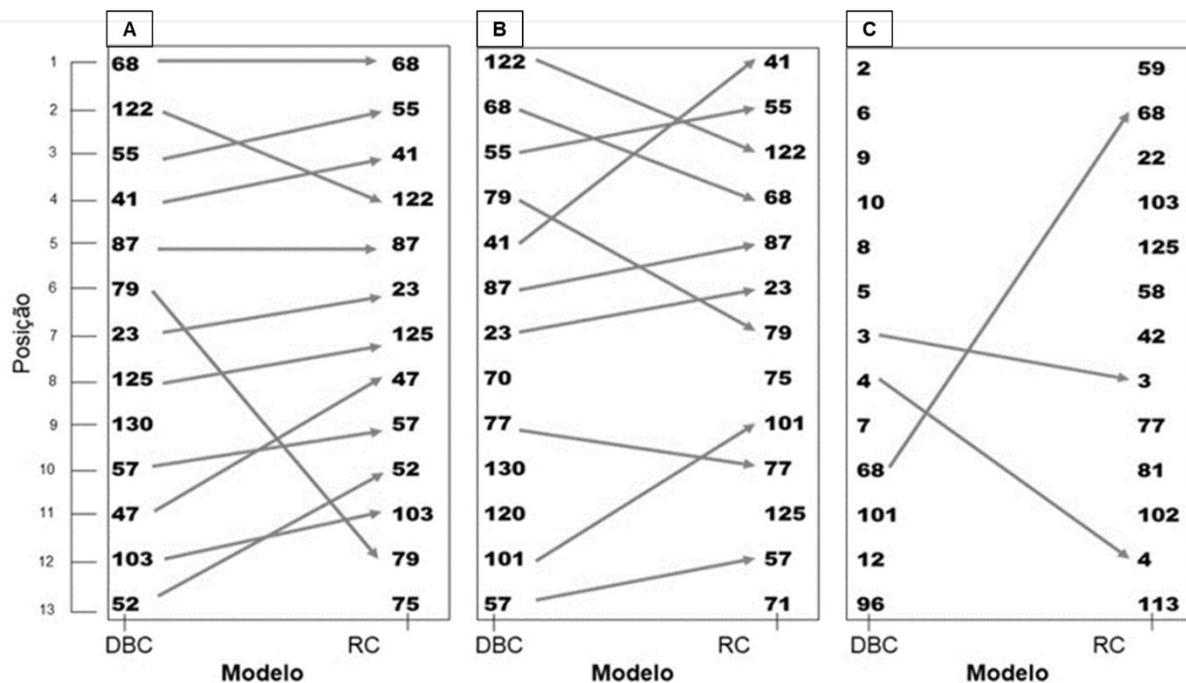


Figura 3. Representação das modificações na classificação decorrente do modelo empregado, para as características: A) Número de fruto (NF), B) Massa de fruto (MF) e C) Acidez total titulável (ATT), na intensidade de seleção de 10%.

A intensidade de seleção de 10% apresentou maior impacto, ou seja, produziu maiores modificações na classificação dos genótipos para as características NF, MF e ATT, podendo ser melhor observado pela ilustração na Figura 3.

5.0 DISCUSSÃO

5.1 Escolha do modelo

5.1.2 Teste da razão de verossimilhança

O modelo post hoc blocking Row-Col (RC) apresentou melhor desempenho em relação ao DBC original, para o conjunto de dados analisados. Para as características NF, MF e ATT houveram diferenças significativas entre os modelos avaliados, onde o modelo RC destacou-se devido o melhor ajuste de dados proporcionado, segundo o critério utilizado. As demais características embora não tenham apresentado diferenças significativas, os modelos empregados apresentaram melhor ou igual desempenho. Esse resultado pode ser explicado pelo fato de que as progênies aqui avaliadas passaram por alguns ciclos de melhoramento sendo provável que não haja variabilidade para essas características.

Para estas características em que não houve diferença significativa entre os modelos empregados, não infere que o modelo RC não foi eficiente, mas sim que a acurácia e precisão experimental provavelmente está adequada para aquela determinada característica, de modo que não houve heterogeneidade a ser captada, ou seja, não houve variação a ser capturada pelas fontes adicionais do modelo RC.

Estes resultados favoráveis da análise com base no modelo RC são consistentes com o estudo de Silva et al. (2017) no qual utilizaram a mesma abordagem, em um experimento com 80 famílias de irmãos completos de maracujazeiro azedo pertencentes ao terceiro ciclo de seleção recorrente, no qual validou-se a eficiência desse modelo, no qual houve diferença entre os modelos para as características NF e PROD.

5.1.3 Critério de Informação de Akaike (AIC)

Os valores obtidos de AIC com base no logaritmo da função de máxima verossimilhança, foram menores para as características DFL, NF, MF, FF e ATT, ou seja, proporcionaram um melhor ajuste para estes dados, corroborando com o teste da razão semelhança. Algumas características (38%) tiveram melhor ajuste de seus dados proporcionados pelo modelo RC, o que pode explicar-se devido a um melhor controle da variação ambiental (Libby e Cockerham 1980; Loo-Dinkins e Tauer, 1987).

A confirmação da eficiência e validade desta modelagem é bastante abordada em ensaios de cultivares (Lill et al., 1988; Baird e Mead, 1991; Cullis et al., 1992; Azais et al., 1996; Brownie e Gumpertz, 1997), no entanto, para experimentos com famílias de irmãos completos, principalmente para a cultura do maracujazeiro são escassas as informações (Silva et al., 2017).

Através dos resultados obtidos pelo teste da razão de verossimilhança e os valores de AIC, escolheu-se o modelo RC como melhor modelo a ser empregado, decorrente da captação de variação através de suas fontes adicionais, que impactam diretamente na precisão e acurácia dos resultados obtidos.

Em relação aos critérios utilizados para escolher-se o melhor modelo, estes não foram aplicados com o intuito de se inferir quanto ao melhor critério a ser empregado para a escolha do modelo. Todavia, nota-se que a metodologia do critério via teste de razão verossimilhança é a base para que o critério AIC possa ser empregado, visto que utiliza-se os valores de Log L obtidos pela análise de deviance. Além disso, o critério AIC nesse estudo foi utilizado de maneira complementar, a fim de se garantir a melhor escolha de modelo a ser utilizado.

5.2 Eficiência do modelo

5.2.1 Componentes de variância via REML com base na variância do erro e sua redução

O efeito de coluna foi responsável por bloquear a maior variação presente nas características avaliadas, tendo sido captada em seis características, enquanto o efeito de linha em quatro. Este resultado difere do encontrado por Silva et al. (2017) que também avaliando progênies de maracujazeiro azedo reportou maior efeito de linha do que de coluna, esse comportamento infere que as progênies respondem, neste caso, de maneira semelhante em linha para todas as características em questão, sendo elas NF, PROD, MF e FF.

Valores baixos ou igual a zero foram encontrados principalmente referente aos efeitos de linhas para as características), CP (0,0), SS (0,0), ATT (0,0) e RATIO (0,74), podendo-se inferir que neste caso a maior variação esteve presente e foi capturada pela fonte de variação adicional de linha, assim, podendo ser considerada como mais eficiente para estas características. As características CP e SS apresentaram efeitos de colunas e linhas igual a zero, ou seja, de maneira

semelhante estas fontes adicionais linha e coluna não capturaram nenhuma variação presente nestas características, o que pode-se inferir que há uma melhor precisão destes dados. A variância ambiental não capturada pelos fatores genéticos ou experimentais variou de 2,46 a 79,37, diferindo do encontrado por Silva et al. (2017) em que teve variação de 39,0 a 79,0%. Essa diferença entre os dois estudos pode ter sido influenciada pelo layout e condições divergentes em cada local.

Santos et al. (2011) explicam que as estimativas dos componentes de variância são importantes, por permitir que o controle genético do caráter e seleção de materiais potenciais sejam determinados. Entre os componentes de variância estimados via metodologia REML, a variância residual (σ_e^2) foi evidenciada neste estudo, devido ao maior impacto do modelo RC na redução deste componente. Através do componente de variância residual foi possível avaliar a eficiência do modelo através de sua redução para 10 das 13 características avaliadas, sendo as características MF, NF e DFL as que mais sofreram o impacto deste efeito, apresentando maior redução da variação residual.

Os componentes de variância residual no modelo DBC original foram maiores do que o modelo RC para todas as características, exceto para CP, SS e ATT, as quais apresentaram os mesmos valores em ambos modelos, refletindo na eficiência do modelo RC, visto que maiores valores de variância residual acusam menor precisão dos dados obtidos pelo modelo DBC.

Esses resultados indicam que os efeitos de linha e coluna permitem a redução da estimativa do erro, pertinente a heterogeneidade ou variação presente no experimento. Semelhantemente Xing et al. (2017) avaliando qualidade de grama de *Zoysia* sp., puderam constatar a eficiência do modelo e controle da heterogeneidade presente nos experimentos realizados em vários locais.

A redução da variância residual ocorreu de modo significativo para as características DFL, NF e MF, baseando-se em critérios complementares aos de Xing et al. (2017), como a eficiência relativa a qual também foi empregada por Simon e Maitournam (2004), validando-se, o modelo RC pelo seu melhor desempenho em relação ao delineamento DBC original.

A superioridade da técnica RC em comparação ao DBC original também foi constatada em ensaios com cereais, sendo reportados ganhos mais eficientes (Kempton et al., 1994).

O desempenho superior do modelo RC sobre o modelo DBC original pode ser devido à existência de gradientes globais dominantes, o quais são responsáveis por heterogeneidades presentes em algumas áreas em que se diferenciam devido ao material de origem daquele determinado solo, por exemplo, e que são melhor controlados por linha e coluna, em vez de pequenas manchas de solo as quais são melhor controladas por blocos (Gezan et al., 2006).

Além do melhor controle da variabilidade dos solos e vegetação original, em experimentos de culturas agrícolas que são em suma menos complexos do que experimentos florestais, a técnica RC pode ter um melhor desempenho do que muitos delineamentos convencionais (Fu et al., 1999).

5.2.2 Herdabilidade, acurácia e PEV

Há vários relatos abordando a importância de se obter estimativas de herdabilidade para a cultura do maracujazeiro (Gonçalves et al., 2007, 2009; Santos et al., 2011; Krause et al., 2012; Silva et al., 2017).

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo foram em algumas das características iguais para ambos modelos. A amplitude da herdabilidade variou de 0,190 (FF) a 0,975 (CP) para o modelo DBC, enquanto para o modelo RC teve variação de 0,186 (FF) a 0,975 (CP). O modelo RC apresentou valores de herdabilidade iguais ao modelo DBC original para EC, CP, SS e ATT e marginalmente inferiores ao modelo DBC original para as demais características.

Em relação as herdabilidades estimadas, os valores superiores a 0,50 encontrados para as características DFL, DF, EC, CP e ATT em ambos modelos, estão de acordo com a classificação que os qualificam como alta herdabilidade e podem indicar que há controle genético (Bhateria et al., 2006). Todavia, as menores estimativas de herdabilidade observadas para PROD, CF, FF, PP e SS, classificadas de acordo com Batheria et al. (2006) como moderadas, podem ser explicadas pela natureza poligênica dessas variáveis, que são altamente influenciadas pelo ambiente (Silva et al., 2017).

A herdabilidade para as variáveis PROD, CF, FF, PP e SS tiveram os maiores erros padrões relativos relacionados ao parâmetro estimado, porém, o fator genético foi significativamente diferente de zero quando testado pelo modelo

reduzido (DBC) e pelo teste de razão da verossimilhança, corroborando com os resultados obtidos por Silva et al. (2017).

Cavalcante et al. (2017) em um ciclo de seleção recorrente que precede a população avaliada no presente estudo, observaram através da análise via modelos mistos estimativas de herdabilidade de 0,23 para PROD, 0,17 para NF e 0,91 para MF. Valores divergentes eram esperados em relação ao presente trabalho, devido ao uso da técnica RC para avaliação dos dados. Os valores de herdabilidade para PROD (0,40), NF (0,28) e MF (0,38) foram classificados como moderada (Batheria et al., 2006). No entanto, sabe-se que as estimativas de herdabilidade são influenciadas por muitos fatores, como o nível de endogamia da população, bem como a precisão experimental, portanto, não deve ser extrapolada para outras populações (Borém e Miranda, 2005; Silva e Viana, 2012; Cavalcante et al., 2017).

A acurácia se refere à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material analisado e aquele estimado ou predito (Resende, 2002). A acurácia do modelo RC observada foi maior apenas para a característica DFL em relação ao modelo DBC original.

Os menores valores de acurácia seletiva obtidos pelo modelo DBC e RC para FF foram respectivamente 0,436 e 0,432, enquanto CP apresentou os maiores valores (0,987) em ambos modelos. A alta acurácia observada indica maior precisão no acesso à variação genética verdadeira a partir da variação fenotípica observada em cada uma das características. A baixa acurácia indica que, para essas características, tem-se menor confiabilidade dos dados, possivelmente pelo fato de a característica ser altamente influenciada pelo ambiente (Ferreira et al., 2016).

Aliado a esses resultados a variância do erro de predição (PEV), que é o parâmetro relacionado à precisão dos estimadores/ preditores não viciados, os valores de PEV obtidos entre os modelos, diferiram para as características PROD, CF, FF, EC, CP, PP, ATT e RATIO, apresentando valores menores de PEV. Resende (2007), explica que quanto menor o valor de PEV maior é a acurácia e maior será a precisão experimental.

5.3 Impacto na seleção com base nos valores genotípicos preditos para as características NF, MF e ATT

A classificação das famílias de irmãos completos (FICs) obtida através da seleção direta com base nos valores genotípicos preditos, sofreram modificações decorrente dos modelos empregados para as características NF, MF e ATT, as quais o modelo RC foi significativamente superior ao DBC com base nos critérios de validação da performance dos modelos (Tabela 7).

Além disso, esse resultado corrobora com o encontrado por Xing et al. (2017) no qual também foram observadas as modificações na classificação dos genótipos em relação aos diferentes locais onde encontravam-se os experimentos, e o impacto direto pela implementação do modelo foi relatado pelos autores.

Em relação aos ganhos superiores proporcionados pelo modelo RC em relação ao modelo DBC original para as características NF e MF, esse resultado é bastante importante dentro deste estudo, visto que pode ser determinante na escolha do modelo a ser adotado, pois apresenta impacto direto na seleção que é a etapa crucial de um programa de melhoramento genético.

Ainda em relação a implementação do modelo RC, observou-se que a intensidade de seleção de 10% acarretou maior impacto na classificação das FICs, sendo 44,44% de FICs comuns entre os modelos para a característica NF, 37,04% para a característica MF e apenas 11,11% para a característica ATT, revelando esta última a que sofreu maior impacto em todas as intensidades de seleção aplicadas. Essa informação é considerada relevante para os melhoristas de plantas, particularmente quando a intensidade de seleção é alta e os recursos acessíveis são limitados. Tais mudanças reforçam a idéia de que a implementação do modelo RC pode proporcionar o controle da variação ambiental potencial intra-bloco (Xing et al., 2017).

A intensidade de seleção de 20% foi melhor entre os modelos apresentando a classificação semelhante, sendo 85,19 de FICs comuns entre os modelos para a característica NF, 81,48% para MF e 44,44% para ATT.

Além do bloqueio da variação proporcionado pelo modelo RC, outros autores tentaram abordar esse desafio de maneiras diferentes, como Cullis et al. (1989) que mostraram que alguns modelos espaciais poderiam ser incorporados para melhorar a estimativa de BLUP de valores genotípicos nas trilhas de variedades de geração precoce. Alguns métodos geoestatísticos também foram empregados, como Kriging,

fornece previsões que utilizam a informação de observação em vizinhos com base na correlação espacial (Schabenberger e Gotway, 2004).

Embora os critérios de seleção e procedimentos para obtenção de cultivares de maracujazeiro azedo sejam bastante relatados, para esta cultura, há escassas informações disponíveis sobre a eficiência de diferentes delineamentos e análises experimentais com impacto direto na seleção de material genético superior. Na literatura, encontra-se apenas o trabalho de Silva et al. (2017) com a cultura do maracujazeiro, porém pouco aprofunda-se sobre o uso da técnica RC. Já o trabalho de Xing et al. (2017) utilizou desta mesma técnica e metodologias semelhantes, porém aplicado a gramíneas.

5.3.1 Índice de coincidência

Em relação ao índice de coincidência em todas as intensidades empregadas para NF, MF e ATT foram observadas coincidências superiores a 70%, excetuando-na intensidade de 10%, a característica ATT (14,53%). Esses resultados nos permitem escolher entre a melhor intensidade de seleção a ser empregada, pois observa-se que na intensidade de seleção de 20% houveram as maiores coincidências obtidas para as três características NF, MF e ATT. Assim, quanto maior o índice de coincidência entre dois índices, maior será a concordância dos resultados entre eles (Pedrozo et al., 2009).

A Figura 3 ilustra as modificações na classificação das FICs e seu respectivo impacto através da implementação modelo RC, principalmente para a característica ATT, na intensidade de 10% a qual foi observada por apresentar maiores modificações na classificação.

6.0 Conclusões

Em relação ao emprego da técnica RC, conclui-se:

- i) A técnica foi eficaz no controle da variação residual, ou seja, no erro experimental, das características NF, MF e ATT;
- ii) Em relação as estimativas de herdabilidade, acurácia e pev não houve diferenças proporcionadas pela técnica. No entanto, em relação ao ganho genético, esta técnica possibilitou ganhos maiores para as características NF e MF e similar para ATT;
- iii) Em relação a seleção das famílias geneticamente superiores, indicase a intensidade de seleção de 20% para que o modelo RC possa ser mais eficiente.

7.0 Referência bibliográfica

- AGRIANUAL: Anuário estatístico da agricultura brasileira. São Paulo, 2016. 344p.
- AGRONET. 2018. Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia, Análisis – Estadísticas, Maracuyá. Retrieved from: <http://www.agronet.gov.co>; consulted: 22 fevereiro 2018.
- AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In B. N. Petrov & F. Caski (Eds.), *Proceedings of the Second International Symposium on Information Theory* (pp. 267–281). Budapest: Akademiai Kiado, 1973.
- ALLARD, R.W. Princípios do melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blüchner, 1971. 381 p.
- ALTROCK, P. M.; BRENDDEL, C; RENELLA, R.; ORKIN, S.H.; WILLIAMS, D.A.; MICHOR, F. Mathematical modeling of erythrocyte chimerism informs genetic intervention strategies for sickle cell disease. *Am J Hematol.* 2016 Sep;91(9):931-7. doi: 10.1002/ajh.24449. Epub 2016 Jul 14.
- AOAC, Association of official agriculture chemists. Official methods of analysis of the association of official analytical chemistry. Washington, 1990. p. 910-928.
- ARAÚJO, R. da C. Produção, qualidade de frutos e teores foliares de nutrientes no maracujazeiro amarelo em resposta a nutrição potássica. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 103p. (Tese - Doutorado em fitotecnia).
- ARIAS, J.C.; OCAMPO, J.; URREA, R. La polinización natural em el maracuyá (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Degener) como um servicio reproductivo y ecosistémico. *Rev. Mesoamer. Agron.* 25(1), 2014, 73-83. DOI: 10.15517/am.v25i1.14200
- ARNAU, J.; BONO, R.; BLANCA, M.J.; BENDAYAN, R. Using the linear mixed model to analyze non-normal data distributions in longitudinal designs. *Behavior Research Methods*, 44(4), 1224-1238, 2012.
- ARNAU, J.; BONO, R.; VALLEJO, G. Técnicas de análisis aplicadas a datos longitudinales en Psicología y Ciencias de la Salud: Período 1985-2005. *Papeles del Psicólogo*, 29, 136-146, 2008.
- 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.
- AZAIS, J.M.; WSCHEBOR, M. Almost sure oscillation of certain random processes. *Bernoulli*, v. 2, n. 3, 1996, 257-270.
- BAIRD, D.; MEAD, R. The empirical efficiency and validity of two neighbour models. *Biometrics*, Vol. 47, No. 4, 1991. DOI: 10.2307/2532400.

BALZARINI, J.; VAN LAETHEM, K.; HATSE, S.; VERMEIRE, K.; DE CLERCQ, E.; PEUMANS, W.; VAN DAMME, E.; VANDAMME, A.M.; BÖLMSTEDT, A.; SCHOLS, D. Profile of resistance of human immunodeficiency virus to mannose-specific plant lectins. *J Virol.* 2004 Oct;78(19):10617-27.

BÁRBARO, I. M.; CENTURION, M. A. P. da C.; MAURO, A. O. di; UNÊDATREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. *Revista Ceres*, 54: 250-261, 2007.

BERNACCI, L.C.; CERVI, A.C.; MILWARD-DE-AZEVEDO, M.A.; NUNES, T.S.; IMIG, D.C.; MEZZONATO, A.C. 2015. Passiflora in Flora do Brasil 2020 em construção. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB12557>>. Acesso em: 04 Mar. 2018

BERNARDO, R. Genomewide selection when major genes are known. *Crop Science*, v. 54, n. 1, p. 68-75. 2014.

BHATERIA, S.; SOOD, S.P.; PATHANIA, A. Genetic analysis of quantitative traits across environments in Linseed (*Linum usitatissimum* L.). *Euphytica*, 150:185-194, 2006.

BORGES, A.L.; CALDAS, R.C.; LIMA, A. de A. Doses e fontes de nitrogênio em fertirrigação no cultivo do maracujá amarelo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.28, p.301-304, 2006.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Melhoramento de Plantas. 4. ed. Viçosa: UFV, 2005, p.525.

BOZDOGAN, H. Model selection and Akaike's information criterion (AIC): The general theory and its analytical extensions. *Psychometrika*, 52, 345–370, 1987.

BROWNIE, C.; BOWMAN, D.T.; BURTON, J.W. Estimating spatial variation in analysis of data from yield trials, a comparison of methods. *Agron. J.* 85:1244–1253, 1993.

BROWNIE, C.; GUMPERTZ, M.L. Validity of spatial analyses for large field trials. *J Agric Biol Environ Stat* 122:1–23, 1997.

BRUCKNER, C.H.; PICANÇO, M.C. (Ed) Maracujá: tecnologia de produção, pós colheita, agroindústria, mercado. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2001. 472p.

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

BURNHAM, K.P.; ANDERSON, D.R. Multimodel inference: understanding AIC and BIC in model selection. *Sociol Methods Res* 33:261–304, 2004.

BURNHAM, K.P.; ANDERSON, D.R. Model selection and multimodel inference – A practical information-theoretic approach. 2 ed. Springer, New York. P. 49-97, 2002.

BUTLER, D.; CULLIS, B.; GILMOUR, A. ASReml-R An R Package for Mixed Models Using Residual Maximum Likelihood. 2007.

CAMPBELL, D. T.; STANLEY, J. C. Experimental and quasi-experimental designs for research. Chicago: Rand McNally, 1963.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; LÚCIO, A.D. Ajustes de quadrado médio do erro em ensaios de competição de cultivares de milho pelo método de Papadakis. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.38, p.467-473, 2003.

CASTELLANO, J.; E BLANCO-VILLASEÑOR, A. Análisis de la variabilidad de desplazamiento de futbolistas de élite durante una temporada competitiva a partir de un modelo mixto multivariable. Cuad. Psicol. Deporte 15, 161–168, 2015. doi: 10.4321/S1578-84232015000100016

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 Sci., Agron., Maringá, v. 39, n. 2, p. 143-148, June 2017. Available from <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1807-86212017000200143&lng=en&nrm=iso>. access on 16 Feb. 2018. <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v39i2.31022>.

CERQUEIRA-SILVA, C.B.M.; FALEIR, F.G.; NUNES, O.; SANTOS, E.S.L. dos.; SOUZA, A.P.de. The genetic diversity, conservation, and use of passion fruit (*Passiflora* spp.). In: Ahuja, M.R. and S.M. Jain (eds.) Genetic diversity and erosion in plants, sustainable development and biodiversity 8. Springer International Publishing, Switzerland, 2016. Doi:10.1007/978-3-319-25954-3_5

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. Eur. J. Plant. Pathol., 139:255-264, 2014.

COSTA e SILVA, J.; DUTKOWSKI, G.W.; GILMOUR, A.R. Analysis of early tree height in forest genetic trials is enhanced by including a spatially correlated residual. Can. J. For. Res., 31: 1887-1893, 2001.

CRESSIE, N.A.C. Statistics for spatial data revised edition. Iowa State University, a Wiley-Interscience Publication, John Wiley & Sons, INC. 1993

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

CULLIS, A.G.; ROBBINS, D.J.; PIDDUCK, A.J.; SMITH, P.W. The characteristics of strain-modulated surface undulations formed upon epitaxial Si_{1-x}Ge_x alloy layers on Si. Journal of Crystal Growth, v.123, n.3-4, 1992, p.333-343.

CULLIS, B.R.; GLEESON, A.C. Spatial analysis of field experiments an extension to two dimensions. *Biometrics* 47:1449– 460, 1991.

CULLIS, B.R.; GLEESON, A.C. Efficiency of neighbour analysis for replicated variety trials in Australia. *J Agric Sci* 113: 233–239, 1989.

CUNHA, M.A.P. DA, BARBOSA, L.V., JUNQUEIRA, N. T. V. (2002) Aspectos botânicos. In: Lima, A. A. (Ed.) *Maracujá produção: aspectos técnicos*. Embrapa mandioca e Fruticultura Cruz das Almas. Brasília: Embrapa Informação tecnológica, p. 15-24.

DALBOSCO, E.Z. Progresso genético a partir de índices de seleção aplicado no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo. 2015. 77 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade do Estado de Mato Grosso, Tangará da Serra, 2015.

DUTKOWSKI, G.W.; SILVA, J.C.e.; GILMOUR, A.R.; LOPEZ, G.A. Spatial analysis methods for forest genetic trials. *Canadian Journal of Forest Research*, 32(12), 2002, p. 2201-2214.

DZIAK, R.; PENEDER, A.; BUETTER, A.; HAGEMAN, C. Trace DNA sampling success from evidence items commonly encountered in forensic casework. *J Forensic Sci*, 2017. DOI: 10.1111/1556-4029.13622.

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

ERICSSON, T. Enhanced heritabilities and best linear unbiased predictors through appropriate blocking of progeny trials. *Canadian Journal of Forest Research*, 27(12), 1997, p. 2097-2101.

FALEIRO, F.G., JUNQUEIRA, N.T.V., BRAGA, M.F., BELLON, G., PEIXOTO, J.R. (2005) Diversidade genética de variedades comerciais de maracujazeiro-azedo com base em marcadores RAPD. In: *Reunião Técnica De Pesquisas Em Maracujazeiro*, 4. ed, Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, p.105-109.

FARAWAY, J. *Linear models with R*. 2ed. CRC Press is an imprint of Taylor & Francis Group, an Informa business, 2014.

FERREIRA, R.T.; VIANA, A.P.; SILVA, F. H. de L.E.; SANTOS, E. A.; SANTOS, J.O. Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38(1), 2016, 158-166. <https://dx.doi.org/10.1590/0100-2945-260/14>

FREITAS, J.P.X. de.; OLIVEIRA, E.J.; JESUS, O.N. de.; CRUZ NETO, A.J. da.; SANTOS, L.R. dos. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro-amarelo com uso de índices de seleção. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47 (3):803-814, 2012.

FU, Y.B.; YANCHUK, A.D.; NAMKOONG, G. Incomplete block designs for genetic testing: some practical considerations. *Can J For Res* 29:1871–1878, 1999.

FU, Y.B.; CLARKE, G.P.Y.; NAMKOONG, G.; YANCHUK, A.D. Incomplete block designs for genetic testing: statistical efficiencies of estimating family means. *Can J For Res* 28:977–986, 1998.

GEZAN, S.A.; HUBER, D.A.; WHITE, T.L. Post hoc blocking to improve heritability and precision of best linear unbiased genetic predictions. *Can. J. For. Res.*, 2006, 36:2141-2147.

GILMOUR, A.R.; GOGEL, B.J.; CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. ASReml user Guide release 3.0. VSN International Ltd., Hemel Hempstead, UK, 2009, 372p.

GILMOUR, A.R.; GOGEL, B.J.; CULLIS, B.R.; WELHAM, S.J.; THOMPSON, R. ASReml User Guide Release 1.0 VSN International Ltd., Hemel Hempstead, UK, 2002, 372p.

GILMOUR, A.R.; CULLIS, B.R.; VERBYLA, A.P. Accounting for natural and extraneous variation in the analysis of field experiments. *J. Agric. Biol. Environ. Stat.*, 1997, 2(3):269–293.

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.

GONÇALVES, E.; STAUBYN, A.; MARTINS, A. Mixed spatial models for data analysis of yield on large grapevine selection field trials. *Theor Appl Genet* 115: 653–663, 2007.

HALL, D.B.; CLUTTER, M. Multivariate multilevel nonlinear mixed effects modelos for timber yield predictions. *Biometrics* 60, 16–24, 2004.

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

HALLAUER, A.R. Compendium of recurrent selection methods and their applications. *CRC Review in Plant Science*, Boca Raton, v.3, p.1-33, 1986.

HALLAUER, A. R. Compendium of recurrent selection methods and their application. *Review in Plant Science*, v. 3, p. 1-34, 1985.

HAMBLIN, J.; ZIMMERMANN, M.J. de O. Breeding common bean for yield in mixtures. *Plant Breeding Reviews*, v.4, p.254-272, 1986.

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

HERRERA, M.; MEDINA, Y.; GUERRA, W.; SARDUY, L.; GARCÍA HERNÁNDEZ, Y.; TORRES, V.; FRAGA, L.M. Comparison of mixed and fixed effects in the analysis of a split plot design in an experiment with guinea mombaza (*Megathyrsus maximus* cv. Mombaza). *Cuban Journal of Agricultural Science*, v. 51, n. 3, 2017.

HULL, F. H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. *Journal Am. Agron.*, Madison, 37:134–145, 1945.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – IBGE. Quantidade produzida, valor da produção, área plantada e área colhida da lavoura permanente no ano de 2016. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br>. Acesso em: 06, novembro, 2017

JOHN, J.A.; WILLIAMS, E.R. *Cyclic and Computer Generated Designs*, 2nd ed. Chapman & Hall, London, 1995.

JUNQUEIRA, N.T.V.; VERAS, M.C.M.; CHAVES, R.C.; FIALHO, J.F.; OLIVEIRA, J.A.; MATOS, A.P. Manejo da floração do maracujazeiro. *Recomendação Técnica 45*. Brasília: Embrapa Cerrados. 1ªEd. 2001.

KEMPTON, R.A.; SERAPHIN, J.C.; SWARD, A.M. Statistical analysis of two-dimensional variation in variety yield trials. *J. Agric. Sci.*, 122:335–342, 1994.

KRAUSE, W.; NEVES, L.G.; VIANA, A.P.; ARAÚJO, C.A.T.; FALEIRO, F.G. Produtividade e qualidade de frutos de cultivares de maracujazeiro-amarelo com ou sem polinização artificial. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 47, n. 12, 2012.

KRAVCHENKO, A.; ROBERTSON, G.; SNAP, S.; SMUCKER, A. Using information about spatial variability to improve estimates of total soil carbon. *Agron J* 98:823–829, 2006.

KULLBACK, S.; LEIBLER, R.A. On information and sufficiency. *Annals of Mathematical Statistics*, 22, 1951, 79–86.

LEE, H.; GHOSH, S. Performance of information criteria for spatial models. *J. Stat. Comput. Simul.*, 79, 93–106, 2009.

LIBBY, W.J.; COCKERHAM, C.C. Random non-contiguous plots in interlocking field layouts. *Silvae Genet* 29:183–190, 1980.

LILL, W.J.; GLEESON, A.C.; CULLIS, B.R. Relative accuracy of a neighbour method for field experiments. *J Agric Sci* 111: 339–346, 1988.

LIMA, A.A.; CUNHA, Y.M.A.P. Maracujá: produção e qualidade na psicultura. Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz de Almas, Brasil. 2004.

LIN, C.S.; BINNS, M.R.; VOLDENG, H.D.; GUILLEMETTE, R. Performance of randomized block designs in field experiments. *Agron. J.* 65: 168-171, 1993.

- LINHALES, H. Seleção em famílias de irmãos completos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.) no segundo ano de produção. 2007. 76 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- LITTELL, R. C.; MILLIKEN, G. A. STROUP, W. W & WOLFINGER, R. D. SAS System for Mixed Models. Cary: Statistical Analysis System Institute, 2002. 633p.
- LITTELL, R.C.; MILLIKEN, G.A.; STROUP, W.W.; WOLFINGER, R.D. SAS® system for mixed models. SAS Institute Inc. Cary, North Carolina, 1996, 633pp.
- LOPEZ, G.A.; POTTS, B.M.; DUTKOWSKI, G.W.; APIOLAZA, L.A.; GELID, P.E. Genetic variation and inter-trait correlations in *Eucalyptus globulus* base population trials in Argentina. *Forest Genetics*, 9(3): 217-231, 2002.
- LOO-DINKINS, J.A. Field test design. In: Fins L, Friedman S, Brotschol J (eds) *Handbook of quantitative forest genetics*. Kluwer, Dordrecht, pp 96–139, 1992.
- LOO-DINKINS, J.A. e TAUER, C.G. Statistical efficiency of six progeny test field designs on three loblolly pine (*Pinustaeda* L.) site types. *Canadian Journal of Forest Research*, 1987, 17(9): 1066-1070, <https://doi.org/10.1139/x87-163>.
- MARTIN, F. W.; NAKASONE, H. Y. (1970), The edible species of *Passiflora*. *Economic Botanic*, 24, 333-43.
- MARTINS, J. A.; DALLACORT, R.; INOUE, M.H.; SANTI, A.; KOLLING, E.M.; COLETTI, A.J. Probabilidade de precipitação para a microrregião de Tangará da Serra, Estado do mato Grosso. *Pesquisa Agropecuária tropical*, v. 40, n. 3, 2010.
- MELETTI, L.M.M.; SOARES-SCOTT, M.D.; BERNACCI, L.C.; PASSOS, I.R.S. Melhoramento genético do maracujá: passado e futuro. In: FALEIRO, F.G., MORAES, M.C. de; GERALDI, I.O.; MATTA, F.P.; VIEIRA, M.L.C. Genetic and phenotypic parameter estimates for yield and fruit quality traits from a single wide cross in yellow passion fruit. *HortScience*, 40(7):1978-1981, 2005.
- MELETTI, L.M.M.; SANTOS, R.R. dos; MINAMI, K. Melhoramento do maracujazeiro-amarelo: obtenção do cultivar „ OMPO TO -27“. *Scientia Agricola*, v.57, p.491-498, 2000.
- MIRANDA FILHO, J. B. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. *Melhoramento e produção de milho*. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 2, p. 765-795.
- MONTGOMERY, D.C. *Design and analysis of experiments*. 9 ed. Arizona State University, Wiley, 2017.
- MORAES, M.C. DE; GERALDI, I.O.; MATTA, F.P.; VIEIRA, M.L.C. (2005) Genetic and phenotypic parameter estimates for yield and fruit quality traits from a single wide cross in yellow passion fruit. *HortScience*, 40(7):1978-1981.

MORGADO, M.A.D.; BRUCKNER, C.H.; ROSADO, L.D.S.; SANTOS, C.E.M. dos. Desenvolvimento de mudas de maracujazeiro-azedo enxertadas em espécies silvestres de Passiflora. Rev. Bras. Frutic., Jaboticabal - SP, v. 37, n. 2, 2015, p. 471-479. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0100-2945-099/14>.

MÜLLER, S.; SCEALY, J.L.; Welsh, A.H. Model selection in linear mixed models. *Statistical Science*, v. 28, n. 2, 2013, 135-167.

MUSE, S.V.; GAULT, S. A likelihood approach for comparing synonymous and non-synonymous substitution rates, with application to the chloroplast genome. *Molecular Biology and Evolution*, 11: 715-724, 1994.

MYUNG, I. J. (2003). Tutorial on maximum likelihood Estimation. *Journal of mathematical psychology*, 47(1), 90-100. DOI: 10.1016/S0022-2496(02)00028-7

NASCIMENTO, W.M.O. do; TOMÉ, A.T.; OLIVEIRA, M. do S.P. de; CARVALHO, J.E.U. de. Seleção de progênies de maracujazeiro-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) quanto à qualidade de frutos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.25, p.186-188, 2003.

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

OCAMPO, J.; ACOSTA-BARÓN, N.; HERNANDEZ-FERNANDEZ, J. Variability and genetic structure of yellow passion fruit (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Degener) in Colombia using microsatellite DNA markers. *Agronomía Colombiana* 35(2), 135-149, 2017. DOI: Doi: 10.15446/agron.colomb.v35n2.59973.

OCAMPO, J.; COPPENS D'EECKENBRUGGE, G. Morphological characterization in the genus *Passiflora* L.: an approach to understanding its complex variability. *Plant Syst. Evol.* 33, 2017, 531-558. Doi: 10.1007/s00606-017-1390-2

OCAMPO, J.; URREA, R.; WYCKHUYS, K.; SALAZAR, M. Aprovechamiento de la variabilidad genética del maracuyá (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Degener) como base para un programa de fitomejoramiento en Colombia. *Acta Agron.* 62, 2013, 352-360.

OCAMPO, J.; COPPENS D'EECKENBRUGGE, G.; JARVIS, A. Distribution of the genus *Passiflora* L. diversity in Colombia and its potential as an indicator for biodiversity management in the Coffee Growing Zone. *Diversity* 2(11), 2010, 1158-1180. DOI: 10.3390/d2111158

PASSIONFRUITJUICE. 2018. Quicornac, IT IS Tropicals, supply and demand. Retrieved from: <http://www.passionfruitjuice.com/supply.php?MENU=5>; consulted: 22 fevereiro 2018.

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

PATTERSON, H.; HUNTER, E. The efficiency of incomplete block designs in National List and Recommended List cereal variety trials. *J Agric Sci* 101:427–433, 1983.

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

PEREIRA, M.B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente. I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.23, n.7, p.769-780, 1988.

PIMENTEL, A.J.B.; GUIMARÃES, J.F.R.; SOUZA, M.A.; RESENDE, M.D.V.; MOURA, L.M.; ROCHA, J.R.A.S.C.; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.49, n.11, p.882-890, nov. 2014. DOI: 10.1590/S0100-204X2014001100007

QIAO, C.; BASFORD, K.; DELACY, I.; COOPER, M. Evaluation of experimental designs and spatial analyses in wheat breeding trials. *Theor. Appl. Genet.*, 100:9–16, 2000.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. Experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras: UFLA, 2000. 303 p.

REIS, R.V.; OLIVEIRA, E.J.; VIANA, A.P.; PEREIRA, T.N.S.; PEREIRA, M.G.; SILVA, M.G.M. Diversidade genética em seleção recorrente de maracujazeiro detectada por marcadores microssatélites. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 46:51-57, 2011.

REIS, R.; VIANA, A.P.; OLIVEIRA, E.J. DE; GERALDO, M.; SILVA, D.M. Phenotypic and molecular selection of yellow passion fruit progenies in the second cycle of 73 recurrent selection. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 12, p. 17-24, 2012.

RESENDE JUNIOR, M.F.R. (2010). Seleção genômica ampla no melhoramento vegetal. 2010. 67p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

RESENDE, M.D.V. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Editora Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47).

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

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. S. C.; SIMEÃO, R. M. BLUP individual multivariado em presença de interação genótipo x ambiente para delineamentos experimentais repetidos em vários ambientes. *Revista de Matemática e Estatística*, São Paulo, v. 17, p. 209-228, 1999.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, v. 28/29, p. 37-55, 1994.

RIBEIRO, R.M. impacto da seleção recorrente na variabilidade Genética da população uenf-14 de milho-pipoca. 2015. 74 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2015.

RIPARDO, A. K. S. Doses de NPK no desenvolvimento, produtividade e qualidade de frutos do maracujazeiro ‘ROXINHO DO KÊNIA’. 2010. 71 f. Dissertação – Faculdade de Ciências Agronômicas –UNESP, Botucatu, 2010.

SANTOS, E.A.; SOUZA, M.M.; VIANA, A.P.; ALMEIDA, A.A.; FREITAS, J.C.O.; LAWINSCKY, P.R. Multivariate analysis of morphological characteristics of two species of passion flower with ornamental potential and of hybrids between them. *Genetics and Molecular Research*, 10(4):2457–2471, 2011.

SCHABENBERGER, O.; GOTWAY, C.A. *Statistical methods for spatial data analysis*. CRC Press., Boca Raton, 2004.

SILVA, F.H.L.; MUNÕZ, P.R.; VINCENT, C.I.; VIANA, A.P. Generating relevant information for breeding *Passiflora edulis*: genetic parameters and population structure. *Euphytica*, 2017. DOI 10.1007/s10681-015-1616-8

SILVA, F.H. DE LIMA. Abordagem fenotípica e molecular em progênies de maracujazeiro-azedo submetidas à seleção recorrente. 2015. 86 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Norte Fluminense “Darcy Ribeiro”, Campos dos Goytacazes, 2015.

SILVA, F.H. L. DE., VIANA, A.P., FERREIRA, R.T., FREITAS, J.C. DE O., SANTOS J.O., RODRIGUES, D.L. (2014) Measurement of genetic diversity in progenies of sour passion fruit by Ward-MLM methodology: a strategy for heterotic group formation. *Revista Ciência e Agrotecnologia*, 38:1234-1239.

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

SILVA, F. C. da (Org.). *Manual de análises químicas de solos, plantas e*

fertilizantes. Brasília: EMBRAPA, 1999. 370 p.

SIMON, R.; MAITOURNAM, A. Evaluating the efficiency of targeted designs for randomized clinical trials. *Clin. Cancer Res.*, 10:6759–6763, 2004.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C; MELO, I. S.; VALADARES, M. C. (eds) Recursos genéticos e melhoramento: planta. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

SOUZA JUNIOR, C. L. Seleção recorrente e desenvolvimento de híbridos. In: XVII Reunión Latinoamericana del Maiz, Cartagena de Indias, 1998. Cartagena de Indias: Corpoica/CIMMYT, 1998. p. 37-58.

SOUZA, J.S.I., MELETTI, L.M.M. (1997) Maracujá: espécies, variedades, cultivo. Piracicaba: FEALQ, 179p.

VIANA, A.P.; RESENDE, M.D.V. Genética quantitativa no melhoramento de Fruteiras, Editora Interciência, Rio de Janeiro, 298p, 2014.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Simple and canonic correlation between agronomical and fruit quality traits in yellow passion fruit (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) populations. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 3, n. 2, p. 133-140, 2003.

VIANA, A.E.S.; SEDIYAMA, T.; CECON, P.R.; LOPES, S.C.; SEDIYAMA, M.A.N. Estimativas de tamanho de parcela em experimentos com mandioca. *Horticultura Brasileira* 20: 58-63, 2002.

XING, L.; GEZAN, S.; KENWORTHY, K.; UNRUH, J.B.; MUNOZ, P. Improved genetic parameter estimations in zoysiasgrass by implementing post hoc blocking, *Euphytica*, p. 195-213, 2017.

WELHAM, S.J.; GEZAN, S.A.; CLARK, S.J.; MEAD, A. *Statistical methods in biology: design and analysis of experiments and regression*. CRC Press, Boca Raton, 2014.

WOLFINGER, R.D. Covariance structure selection in general mixed models. *Communications in Statistics*, v.22, p.1079-1106, 1993a.

WU, K.K.; HEINZ, D.J.; MEYER, H.K.; LADD, S.L. Minimum sample size for estimating progeny mean and variance. *Crop Science*, Madison, v.18, p.57-62, 1978.

YATES, F. A new method of arranging variety trials involving a large number of varieties. *J Agric Sci* 26: 424–455, 1936.

YOCKTENG, R.; COPPENS D'EECKENBRUGGE, G.; SOUZA-CHIES, T.T. *Passiflora* L. In: Kole C (ed), *Wild crop relatives: genomic and breeding resources. Tropical and subtropical fruits*: 129–171. Springer Verlag, Berlin, Heidelberg, 2011.

ZIMMERMAN, D.L.; HARVILLE, D.A. A random field approach to the analysis of field-plot experiments and other spatial experiments. *Biometrics*, 47:223–239, 1991.