

ALCINEI MISTICO AZEVEDO

**BIOMETRIA APLICADA AO MELHORAMENTO GENÉTICO DA COUVE DE
FOLHAS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2015

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

A994b Azevedo, Alcinei Místico, 1987-
2015 Biometria aplicada ao melhoramento genético da couve de
folhas / Alcinei Místico Azevedo. – Viçosa, MG, 2015.
viii, 98f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Derly José Henriques da Silva.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Couve - Melhoramento genético. 2. *Brassica oleracea* L.
var. *acephala* DC. 3. Parâmetros genéticos. I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de
Pós-graduação em Fitotecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 635.34

ALCINEI MISTICO AZEVEDO

BIOMETRIA APLICADA AO MELHORAMENTO GENÉTICO DA COUVE DE FOLHAS

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.


APROVADA: 20 de julho de 2015.



Pedro Crescêncio Souza Carneiro



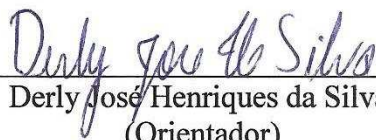
Felipe Lopes da Silva



Maria da Cruz Chaves Lima Moura



Cosme Damião Cruz
(Coorientador)



Derly José Henriques da Silva
(Orientador)

*Aos meus pais Jair Aparecido e Maria Aparecida,
pela dedicação e carinho
em todos os momentos da minha vida*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus e meus mentores espirituais, a quem devo minhas vitórias e conquistas alcançadas.

À Universidade Federal de Viçosa, especialmente ao Departamento de Fitotecnia e ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, pela oportunidade da realização deste aperfeiçoamento.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Professor Derly que além de orientador e amigo foi ótimo exemplo como profissional e ser humano.

Aos Professores Cosme Damião e Pedro Crescêncio pela amizade e valiosos ensinamentos de biometria que possibilitaram a redação desta tese.

Aos Professores Felipe Lopes e Maria Moura pelas grandiosas considerações apresentadas com o objetivo de valorizar o trabalho realizado.

Aos Professores da Universidade Federal de Viçosa, pela valiosa contribuição e ensinamento durante as disciplinas cursadas.

Aos Professores Valter Carvalho e Wilson Roberto Maluf pela grande contribuição em minha vida profissional.

A todos os integrantes do Núcleo de Estudos em Olericultura (NEO) pela agradável convivência, em especial aos amigos Bruno Laurindo, Carlos Nick, Daniel Alves, Fábio Dellazari, Fábio Sobreira, Izaias Neto, Jamilton, Mariana Neto, Mariane Ferreira, Renata Laurindo e Vitor Almeida.

Ao Rogério Seus pela amizade e auxílio na condução de minhas pesquisas.

À todos os funcionários da horta velha e aos estagiários Cléber, Cristiane Lourenço, Daniel Afonso, Diego Cândido, Diego Mattos, Elis Freitas, Elísia Teixeira e Mario Júnior, pela amizade e auxílio na condução de minhas pesquisas.

À minha namorada Nermy Valadares pelo amor, companheirismo e paciência.

Ao Adriano Tomaz, Annanda Mendes, César Aquino, José Sierra, Livia Gonzaga e Vitor Silveira pela amizade e companhia em Viçosa.

Ao Carlos Enrrik, Celso Mattes, Danilo Oliveira, Vinícius Lemos e Wander Amaral por serem grandes amigos e irmãos.

BIOGRAFIA

ALCINEI MISTICO AZEVEDO, filho de Jair Aparecido de Azevedo e Maria Aparecida Pires Ramos Azevedo, nasceu no município de Diamantina-MG, em 21 de agosto de 1987.

Cursou o ensino básico e médio na Escola Estadual Matta Machado e no Colégio Tiradentes em Diamantina-MG. Em 2006 iniciou o curso de agronomia na Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM). Foi bolsista de Iniciação Científica do CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) no período de 2007 a 2010 nos projetos "Caracterização e seleção de genótipos de jabuticabeiras no município de Diamantina" e "Potencial de utilização de raízes e ramas de batata-doce para a alimentação animal".

Em 2010 iniciou o curso de mestrado no Programa de Pós graduação em Produção Vegetal da UFVJM, cursando disciplinas relacionadas ao melhoramento genético de plantas na Universidade Federal de Lavras por dois semestres pelo Programa Nacional de Cooperação Acadêmica (PROCAD). Concluiu o mestrado em 2012 com dissertação intitulada "Divergência, variabilidade genética e desempenho agrônômico em genótipos de couve".

Em 2012 iniciou o curso de doutorado no Programa de Pós Graduação em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa onde cursou disciplinas relacionadas à estatística, biometria e melhoramento genético de plantas. No dia 16 de abril de 2015 foi aprovado no concurso para professor adjunto na Universidade Federal de Minas Gerais na área de conhecimento "Estatística e Experimentação Agrícola". Em 20 de julho 2015 concluiu o doutorado com a tese intitulada "Biometria aplicada ao melhoramento genético da couve de folhas".

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	viii
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	2
2.1 A cultura da couve.....	2
2.1 Modelos lineares mistos e REML/BLUP	5
2.2 Pressuposições de normalidade, homocedasticidade e transformação de dados.....	7
2.3 Repetibilidade genética	8
2.4 Análise de trilha sob multicolinearidade	9
2.5 Dissimilaridade genética	10
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	11
4. CAPÍTULO I: Transformação Box-Cox na avaliação de famílias de meios irmãos de couve de folhas via REML/BLUP	17
4.1 Introdução.....	19
4.2 Material e Métodos.....	21
4.3 Resultados e Discussão	24
4.4 Conclusões.....	27
4.5 Agradecimentos.....	28
4.6 Referências	28
5. CAPÍTULO II: Correlações genotípicas e análise de trilha em famílias de meios irmãos de couve de folhas	37
5.1 Introdução.....	39
5.2 Material e Métodos.....	40
5.3 Resultados e discussão	43
5.4 Conclusões.....	46
5.5 Agradecimentos.....	47
5.6 Referências bibliográficas	47
6. CAPÍTULO III: Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção em famílias de meios irmãos de couve via REML/BLUP.....	55
6.1 Introdução.....	57
6.2 Material e Métodos.....	58
6.3 Resultados e discussão	60

6.4	Conclusões.....	63
6.5	Agradecimentos.....	64
6.6	Referências	64
7.	CAPÍTULO IV: Número ótimo de colheitas para a avaliação de famílias de meios irmãos de couve de folhas	71
7.1.	Introdução.....	73
7.2.	Material e Métodos.....	74
7.3.	Resultados e Discussão	75
7.4.	Conclusões.....	77
7.5.	Agradecimentos	77
7.6.	Referências bibliográficas	77
8.	CAPÍTULO V: Metodologias multivariadas para avaliação de dados quantitativos e qualitativos em famílias de meios irmãos de couve.....	83
8.1.	Introdução.....	85
8.2.	Material e métodos	86
8.3.	Resultados e discussão	89
8.4.	Conclusão	92
8.5.	Agradecimentos.....	92
8.6.	Referências bibliográficas	92
9.	CONCLUSÕES GERAIS.....	98

RESUMO

AZEVEDO, Alcinei Místico, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2015. **Biometria aplicada ao melhoramento genético da couve de folhas.** Orientador: Derly José Henrique da Silva. Coorientadores: Cosme Damiano Cruz e Carlos Nick Gomes.

A importância da couve é crescente no Brasil, porém, há poucos trabalhos na literatura que visam obter informações para o melhoramento genético desta cultura. Objetivou-se avaliar famílias de meios irmãos de couve a fim de obter informações sobre: O efeito da transformação indicada pela metodologia Box-Cox na normalidade dos resíduos, homocedasticidade, nas estimativas de parâmetros e valores genéticos em famílias de meios irmãos de couve; As possíveis consequências da seleção truncada nas principais características de interesse agrônomo pelo estudo da análise de trilha; As estimativas de parâmetros genéticos e valores genéticos aditivos individuais em famílias de meios irmãos de couve; Os ganhos esperados com a seleção simultânea baseando nas médias dos ranks; O número mínimo de avaliações para a seleção de famílias de meios irmãos de couve; A obtenção de estratégias para o estudo da dissimilaridade genética considerando dados quantitativos e qualitativos coletados em nível de planta; e, determinar as famílias mais divergentes. O experimento foi conduzido na Universidade Federal de Viçosa (UFV) em blocos ao acaso com quatro repetições e cinco plantas por parcela. Foram avaliadas 24 famílias de meios irmãos de couve de folhas oriundas de acessos do banco de germoplasma da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) e duas testemunhas comerciais. Concluiu-se que: O uso da transformação Box-Cox não influencia na seleção dos melhores genótipos, na estimativa de parâmetros genéticos e que nem sempre garante o atendimento das pressuposições de normalidade e homocedasticidade; A seleção truncada para o número de folhas proporciona ganhos de seleção indiretos favoráveis para todas as características; O uso do índice de seleção baseada na média dos ranks indica a viabilidade da seleção simultânea para o melhoramento genético da população estudada; Com 8 colheitas é possível avaliar todas as características com um coeficiente de determinação superior a 85%. A conversão de matrizes de dissimilaridade do nível de planta para o nível de família apresenta grande potencial para estudos de dissimilaridade com dados multicategóricos obtidos em nível de planta; As cultivares comerciais e as família F13 são dissimilares em relação às demais famílias de meios irmãos, já as famílias F8, F12, F14 e F22 apresentam pequena dissimilaridade entre si.

ABSTRACT

AZEVEDO, Alcinei Místico, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2015. **Biometrics applied to kale genetic improvement.** Adviser: Derly José Henrique da Silva. Co-advisers: Cosme Damião Cruz and Carlos Nick Gomes.

The importance of kale has grown in Brazil; however, there are few studies aimed at obtaining information for the genetic improvement of this crop. The objectives of this study were to evaluate kale half-sib families in order to obtain information regarding: the effect of the transformation indicated by the Box-Cox methodology in normality of residuals, homoscedasticity, estimates of parameters, and genetic values in kale half-sib families; the possible consequences of truncated selection in the main characteristics of agronomic interest through the study of the path analysis; the estimates of genetic parameters and genetic individual additive values in kale half-sib families; the expected gains with the simultaneous selection based on the mean of ranks; the minimum number of evaluations for the selection of kale half-sib families; strategies for the study of genetic dissimilarity considering quantitative and qualitative data collected at plant level; and the determination of the most divergent families. The experiment was carried out at the Universidade Federal de Viçosa (UFV) in a randomized block design with four replications and five plants per plot. It was evaluated 24 kale half-sib families from the accesses of the Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri's (UFVJM) germplasm bank, and two commercial checks. It was concluded that: the Box-Cox transformation does not influence the selection of the best genotypes, nor the estimate of genetic parameters, and it does not always meet the assumptions of normality and homoscedasticity; the truncated selection for number of leaves provides favorable indirect selection gains for all characteristics; the use of the selection index based on the mean of ranks indicates the feasibility of simultaneous selection for genetic improvement of the studied population; and that with eight harvests it is possible to evaluate all the characteristics with a coefficient of determination superior to 85%; the conversion of dissimilarity matrices from plant level to family level presents great potential for dissimilarity studies with multicategorical data obtained at plant level. The commercial cultivars and the F13 family are dissimilar in relation to the other half-sib families; on the other hand, F8, F12, F14 and F22 families have little dissimilarity among them.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A couve de folhas (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC.) é consumida em todo o mundo, e sua alta ingestão reduz o risco de doenças crônicas relacionadas com a idade, tais como problema cardiovascular e outras doenças degenerativas (Moreno et al., 2006; Vilar et al., 2008; Soengas et al., 2011). Conseqüentemente, seu consumo tem aumentado gradativamente no Brasil (Novo et al., 2010). Desde o início do seu cultivo (2000 AC), conscientemente ou não, plantas vêm sendo selecionadas pelo homem, contudo, muito ainda deve ser feito para o melhoramento genético da couve (Balkaya e Yanamaz, 2005). Embora a importância desta cultura seja crescente, são raros os trabalhos científicos que se prestam à obtenção de informações para o melhoramento genético da couve.

Para se obter sucesso em um programa de melhoramento, além da avaliação do desempenho agrônômico de possíveis genitores, de acordo com Cruz et al. (2012), alguns estudos preliminares devem ser feitos, como forma de auxiliar na escolha de estratégias de melhoramento mais adequado para a cultura e que permitam fazer inferências sobre a predição de ganhos com a seleção. Dentre estes estudos destacam-se as estimativas de parâmetros como herdabilidade, índice de variação, coeficiente de variação residual, coeficiente de variação genética e correlações. Os primeiros (herdabilidade e índice de variação) refletem a proporção da variação fenotípica que é causada pela variação genética para determinado caráter. As correlações refletem o grau de associação entre dois ou mais caracteres, podendo ser usada como indicativo da consequência da seleção truncada. Para o estudo da relação entre as características recomenda-se o desdobramento da matriz de correlação em efeitos diretos e indireto por meio da análise de trilha (Cruz et al., 2012).

As estimativas dos componentes de variância para cálculo dos parâmetros genéticos são obtidas por análise de variância ou por modelos lineares mistos via REML/BLUP, quando se supõe homocedasticidade e distribuição normal tanto dos resíduos quanto dos demais efeitos aleatórios (Resende, 2007). Em certos casos quando não é possível satisfazer as pressuposições para análise de variância na própria escala observada, transformações são feitas para uma escala mais apropriada com o objetivo de se conseguir homogeneidade de variâncias e distribuição aproximadamente normal (Couto et al., 2009; Custódio e Barbin, 2009; Lúcio et al., 2011). Nesta situação a família de transformações Box-Cox (Box e Cox, 1964) é amplamente utilizada. Porém

não se sabe a consequência desta metodologia na estimativa de parâmetros genéticos e de valores genéticos via REML/BLUP.

Além das estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos, o estudo de dissimilaridade genética é importante na seleção de genitores (Cruz et al., 2014). A determinação da dissimilaridade genética pode ser obtida por informações de variáveis quantitativas e qualitativas, as quais podem ser coletadas em nível de planta ou família. Caso as variáveis analisadas sejam quantitativas coletadas em nível de planta, pode-se obter a média da família e posteriormente uma matriz de dissimilaridade em nível de família. Porém se os dados for multicategóricos e coletados em nível de planta esta estratégia não pode ser utilizada. Nestas condições, é necessário o desenvolvimento de estratégias para a solução deste problema. Outra informação importante para o melhoramento genético da couve é o estabelecimento do número mínimo de colheitas para a discriminação dos melhores genótipos, a fim de se evitar o desperdício na utilização de mão-de-obra e de recursos financeiros.

Logo, objetivou-se avaliar famílias de meios irmãos de couve e obter informações sobre: O efeito da transformação Box-Cox na normalidade dos resíduos, homocedasticidade e nas estimativas de parâmetros genéticos e valores genéticos; As possíveis consequências da seleção truncada nas principais características de interesse agrônômico pelo estudo da análise de trilha; As estimativas de parâmetros genéticos e valores genéticos aditivos individuais em famílias de meios irmãos de couve; Os ganhos esperados com a seleção truncada e simultânea; O número mínimo de medições para a seleção de famílias de meios irmãos de couve por meio do estudo de repetibilidade; A comparação de metodologias para o estudo da dissimilaridade genética considerando dados quantitativos e qualitativos coletados em nível de planta; e, determinar as famílias mais divergentes.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 A cultura da couve

A couve é uma hortaliça arbustiva anual ou bienal, da família *Brassicaceae*. Esta espécie botânica tem seu centro de origem ao longo da costa do Mediterrâneo, de onde provavelmente se disseminou por toda a Europa. Atualmente a espécie é subdividida em várias variedades botânicas, como: *Brassica oleracea* L. var. *capitata* DC. (repolho), *B. oleracea* L. var. *botrytis* DC. (couve-flor); *B. oleracea* L. var. *acephala* DC. (couve de folha); *B. oleracea* L. var. *italica* DC. (brócolis), dentre outras. A hipótese aceita que a

origem das variedades da *B. oleraceae* se derivam de uma espécie silvestre, denominada de *Brassica oleracea* L. var. *sylvestris* (Souza, 1983).

Embora a variedade de couve mais conhecida seja a Manteiga, segundo Silva et al., (2011) há 7 principais variedades de couve, as quais são caracterizadas na figura 1. Dentre estas, as mais comercializadas são a couve manteiga, couve manteiguinha e couve tronchuda.

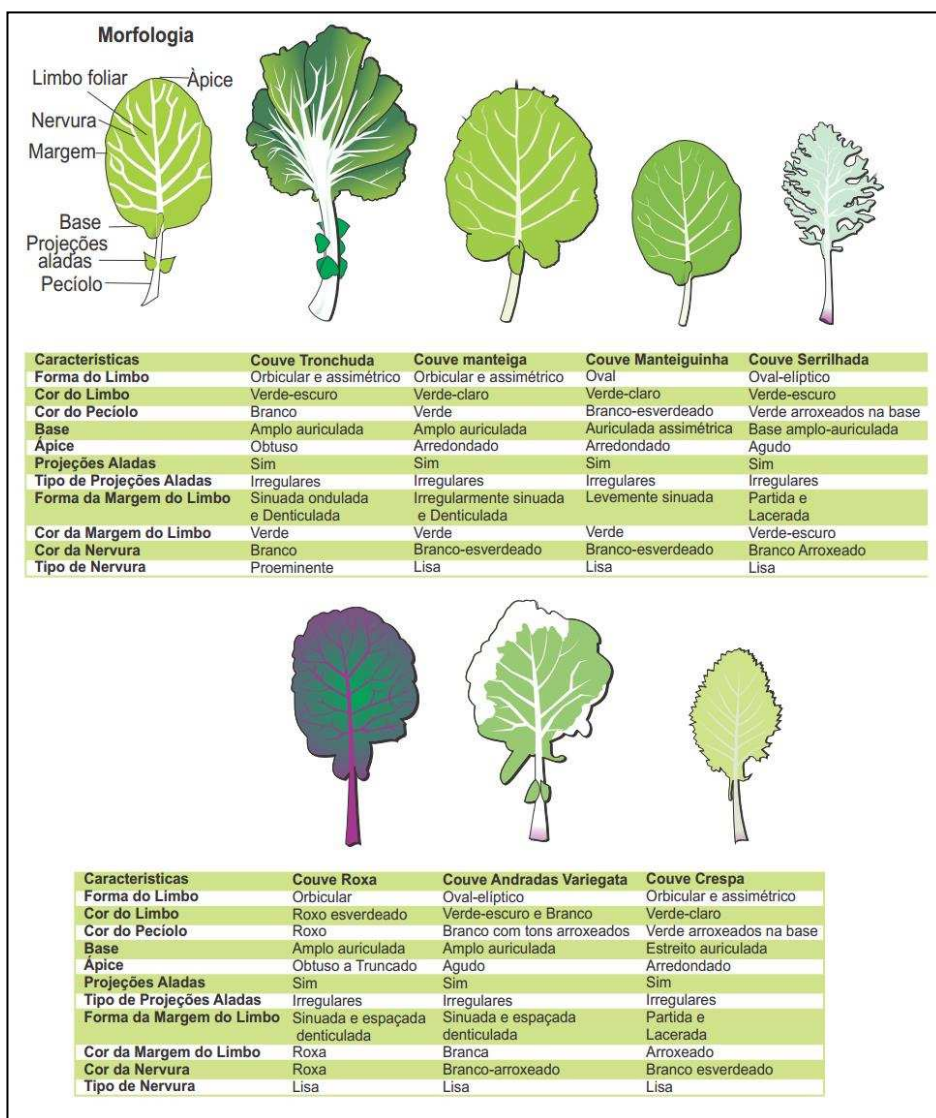


Figura 1. Caracterização morfológica de sete variedades de couve. Adaptado: Silva et al. (2011).

O consumo da couve no Brasil tem aumentado devido às novas maneiras de utilização na culinária e às descobertas recentes quanto às suas propriedades nutracêuticas (Novo et al., 2010). Sua ingestão reduz o risco de doenças crônicas relacionadas com a idade, tais como problema cardiovascular e reduz o risco de vários tipos de câncer, pois possuem propriedades antioxidantes, são ricas em glucosinolatos,

possui elevado teor de flavonóides, vitaminas e nutrientes (Moreno et al., 2006; Vilar et al., 2008).

A couve é produzida geralmente por pequenos produtores com propriedades de área inferior a 10 ha (IBGE, 2006). Em 2012, as 23 principais Centrais de Abastecimento Brasileira (CEASAS) comercializaram aproximadamente 8 mil toneladas de couve (Carvalho et al., 2013), indicando a importância econômica da cultura. Sua produtividade pode chegar facilmente à 100 t/ha. Porém, por ser cultivada com baixo nível tecnológico, ser susceptível a algumas pragas e serem suas folhas muito perecíveis há grande perda de produção, conseqüentemente sua produtividade no Brasil é próxima a 33 t/ha (Carvalho et al., 2013).

É uma cultura típica de outono-inverno, se desenvolvendo melhor em temperaturas amenas (16 a 22°C). Apresenta tolerância ao calor e pode em alguns locais, ser plantada ao longo de todo ano (Filgueira, 2008). As plantas podem permanecer produtiva por vários meses, mas é altamente exigente em água (Hussar et al., 2004). Em hortas domésticas é comum encontrar plantas com mais de 2 metros de altura e podem chegar a mais de 3 metros. Porém, em plantios comerciais são menores, pois o replantio é feito com maior frequência a fim de evitar a perda de qualidade de folhas, ocorrência de pragas e dificuldade na colheita em plantas altas. Em temperaturas inferiores a 10°C, a couve tende a florescer, fato que não é desejável, pois paralisa a produção de folhas comercializáveis (Novo et al., 2010).

A planta é hermafrodita (tem os dois sexos na mesma flor) e a polinização, na maioria dos casos é cruzada, efetuada por insetos polinizadores, geralmente abelhas. A espécie é alógama devido à auto-incompatibilidade do tipo esporófitica (Azevedo et al., 2012), apresenta depressão por endogamia (Thompson e Howard, 1958), com redução no tamanho e número de folhas, a qual pode ser restaurada com a obtenção de híbridos, possibilitando heterose para produtividade de folhas (Johnston, 1963). Porém, no Brasil o cultivo de híbridos de couve não é a estratégia mais utilizada entre os produtores. Segundo Novo et al. (2010) as cultivares híbridas são pouco cultivadas devido à características morfológicas não atrativas para o consumidor, como folhas de cor mais escura, nervuras proeminentes e de cor clara, que o consumidor associa a maior tempo de cocção.

A maioria das cultivares de couve comercializadas por sementes são variedades de polinização aberta, e conseqüentemente, há muita segregação para a cor, tamanho e formato de folhas, o que não é desejável comercialmente. Desta forma, a estratégia de

plântio mais utilizada pelos produtores é a propagação vegetativa, utilizando brotações (Filgueira, 2008). Além de proporcionar maior uniformidade, o uso da propagação vegetativa é de grande facilidade, com alta porcentagem de sobrevivência e baixo custo econômico. Tudo isso justifica a maior adoção da propagação vegetativa pelos produtores de couve, que frequentemente utilizam baixo nível tecnológico. Para a propagação vegetativa da couve é adotado o sistema de estaquia verde, utilizando brotações laterais com três a quatro centímetros de altura e dois folíolos para a formação das mudas.

O melhoramento genético da couve tem procurado selecionar genótipos com menor altura, menor número de brotações, maior número de folhas por planta (Azevedo et al., 2012) e resistência ao *Brevicoryne brassicae* e *Plutella xylostella* (Azevedo et al., 2014), que são as principais pragas das brássicas (Lovatto et al., 2004; Boiça Júnior et al., 2010). Todas estas características poderão possibilitar para a cultura maior adensamento, maior rendimento por área, redução de tratos culturais como a desbrota, tutoramento, controle de pragas e menor perda de folhas devido ao ataque de pragas (Azevedo et al., 2012; Azevedo et al., 2014).

2.1 Modelos lineares mistos e REML/BLUP

O objetivo de um modelo matemático é explicar as observações de uma variável dependente por meio de efeitos atribuídos à outra série de variáveis independentes. Um modelo é classificado como linear se nenhuma das derivadas parciais da função em relação a um parâmetro qualquer depende de outros parâmetros do modelo.

Os efeitos do modelo podem ser de natureza fixa ou aleatória. Segundo Cruz et al. (2012), um efeito pode ser considerado fixo quando as conclusões a seu respeito forem válidas somente para ele próprio. Neste caso, o objeto estudado (tratamento) não constitui uma amostra, e sim o próprio material de interesse. Por outro lado, o efeito é considerado aleatório quando o material avaliado constitui-se numa amostra de uma população, de forma que as informações obtidas têm apenas o interesse de caracterizar a população de trabalho.

Um modelo estatístico pode ser considerado aleatório quando todos os seus efeitos são aleatórios (excetuando-se a média que é sempre fixo). Caso todos os efeitos do modelo sejam considerados fixos (excetuando-se o erro que é sempre aleatório) trata-se de um modelo fixo. Porém, se o modelo reúne efeitos fixos e aleatórios (excetuando-se a média e o erro) trata-se de um modelo misto (Ramalho et al., 2012).

No melhoramento genético a utilização de modelos mistos é feita com dois objetivos, estimar os componentes de variância para o cálculo de parâmetros genéticos e prever valores genéticos. O conhecimento dos parâmetros genéticos como as estimativas de herdabilidade, coeficientes de variação genética, coeficiente de variação residual e coeficiente de variação relativo são importantes, pois auxiliam os melhoristas na tomada de decisões (Cruz et al., 2012). Já a predição de valores genéticos possibilita a seleção acurada de indivíduos superiores. Vários métodos já foram criados para a obtenção destas estimativas.

Segundo Cruz et al. (2014), Yates em 1931 propôs o uso da metodologia de quadrados mínimos, enquanto Lush e Wright, no mesmo ano, propuseram a metodologia do índice de seleção, que, em 1936, foi aplicada ao melhoramento vegetal por Smith e, em 1943, ao melhoramento animal por Hazel. Esses dois métodos apresentam inconvenientes, dependendo das situações em que são aplicados. Henderson (1963) desenvolveu um novo método pela união dos outros dois. Os três métodos (de Yates, de Lush e Wright e de Henderson) são respectivamente, BP (Melhor preditor), BLP (Melhor predição linear) e BLUP (Melhor predição linear não viesada).

Na utilização da BP para avaliação genética assume-se que os valores genéticos são fixos quando na realidade não o são. Já o BLP, assume coerentemente que os valores genéticos são aleatórios. Entretanto, para a estimação dos efeitos fixos, as correlações entre os valores genéticos não são consideradas, distorcendo as estimativas para a esperança de y , e conseqüentemente gera predições distorcidas dos valores genéticos (Cruz et al., 2014). Diante destas dificuldades, Henderson (1963) propôs a utilização do BLUP. Porém, todas estas metodologias pressupõem o conhecimento dos componentes de variância e covariâncias. Assim, estes componentes que geralmente não são conhecidos podem ser estimados por vários métodos.

O procedimento usual para a obtenção dos componentes de variância, quando se utilizam dados balanceados, é a análise de variância (ANOVA). Os estimadores ANOVA e seus derivados (Métodos I, II e III de Henderson) (Henderson, 1953) são amplamente usados por causa das propriedades ótimas de seus estimadores, como a não-tendenciosidade e a variância mínima, dentre outras. Porém, há possibilidades de obtenção de estimativas negativas e, com dados não balanceados, somente a não-tendenciosidade dos estimadores é reconhecida (Searle, 1971).

Uma alternativa para a não utilização da ANOVA é o método da máxima verossimilhança (ML). Este método apresenta algumas propriedades desejáveis:

translação invariante (não afetados por mudanças nos efeitos fixos), suficiência, consistência, eficiência (Kennedy, 1981) e estimativas dos componentes de variância sempre positivos. Por outro lado, os estimadores ML são viciados devido à imposição de restrição de não negatividade e perda de graus de liberdade devido à estimação dos efeitos fixos (Shaw, 1987).

Uma modificação do método ML foi proposta por Patterson e Thompson (1971) com o objetivo de obter estimativas não viesadas, resultando no método denominado de máxima verossimilhança restrita (REML). A diferença deste método para o da ML é que, ao invés de utilizar toda a função de verossimilhança, apenas os termos da verossimilhança relativos à parte aleatória das observações é utilizada, pois os contrastes entre os efeitos fixos não fornecem nenhuma informação adicional sobre o resíduo ou sobre os efeitos aleatórios (Resende, 2007).

Desta forma, a metodologia REML/BLUP vêm sendo utilizada cada vez mais no melhoramento de plantas, pois possibilita a avaliação de experimentos desbalanceados, a utilização da informação de parentesco entre os indivíduos, o estudo da associação entre características por modelos multi-característicos, a predição de híbridos não realizados em análises dialélicas, a identificação de indivíduos geneticamente superiores e a possibilidade de utilizar diferentes estruturas de covariância para o resíduo na avaliação de medidas repetidas (Resende, 2007).

2.2 Pressuposições de normalidade, homocedasticidade e transformação de dados

A maioria das variáveis mensuradas em experimentos na área biológica ajusta-se à distribuição normal. Porém, quando isso não ocorre, em algumas situações, há a aproximação da distribuição normal com o aumento do tamanho amostral, conforme prevê o teorema do limite central (Resende, 2007). A estatística paramétrica se fundamenta em alguns pressupostos básicos, sendo um deles a normalidade dos dados e dos resíduos (Resende, 2007). Na presença de grandes desvios de normalidade, a aplicação direta dos modelos lineares sobre os dados observados torna-se imprópria, e as informações obtidas pelas análises estatísticas podem gerar sérios equívocos (Xu et al., 2013), invalidando testes de hipóteses como o teste F por exemplo.

No melhoramento genético de couve, bem como de outras plantas alógamas, a avaliação de famílias de meios irmãos é uma prática corriqueira para a seleção de indivíduos e famílias agronomicamente superiores. Neste caso, a variação no

desenvolvimento e produção entre plantas é grande, mesmo dentro das parcelas, sendo consequência da variação ambiental e genética. A grande variabilidade da produção entre plantas, segundo Lúcio et al. (2011), pode acarretar desvios da homogeneidade de variâncias. A homogeneidade da variância dos erros, também denominada homocedasticidade, é muito importante (Couto et al., 2009), pois as hipóteses para os efeitos testáveis dos modelos são testadas considerando-se um resíduo comum. Segundo Resende (2007) a violação de qualquer uma das outras pressuposições da análise de variância pode conduzir à heterogeneidade de variância dos erros.

Em certos casos quando não é possível satisfazer as pressuposições para análise de variância na própria escala observada, transformações têm sido feitas para uma escala mais apropriada com o objetivo de se conseguir homogeneidade de variâncias e uma distribuição aproximadamente normal (Couto et al., 2009; Custódio e Barbin, 2009; Lúcio et al., 2010; Lúcio et al., 2011).

A escolha do tipo adequado de transformação não é trivial, pois matematicamente, existem inúmeras possibilidades e apenas o método de “tentativa e erro” não é o mais recomendado. Caso a escolha da transformação a ser utilizada seja equivocada, pode-se ter maiores problemas com a normalidade e homocedasticidade dos dados transformados do que utilizando os dados originais. Desta forma, a família de transformações Box-Cox (Box e Cox, 1964) é amplamente utilizada, pois permite identificar a melhor transformação dos dados, com base na utilização de um valor λ (lambda) que maximize o estimador de máxima verossimilhança e minimize o resíduo (Lúcio et al., 2011; Chung et al., 2007). Esta metodologia produz uma transformação da variável resposta (Y) tal que as pressuposições como homocedasticidade e normalidade do modelo estatístico da análise de variância sejam simultaneamente satisfeitas (Couto et al., 2009).

2.3 Repetibilidade genética

Durante o processo de seleção de plantas visando à recomendação de cultivares ou a escolha de genitores, é importante certificar-se da superioridade genética dos indivíduos avaliados. Desta forma, a análise de sucessivas medições de uma característica em um grupo de indivíduos é desejável no melhoramento genético de plantas, pois não é sempre esperado que a superioridade ou a inferioridade inicial de um indivíduo se mantenha ao longo das medições (Martuscello *et al.*, 2007).

No processo de seleção de genótipos de couve, é necessária a realização de avaliações periódicas em cada indivíduo sob seleção, uma vez que são feitas múltiplas colheitas no ciclo da planta, resultando no emprego considerável de tempo, custo e mão-de-obra. De acordo com Neves et al. (2010), a veracidade do bom desempenho de um genótipo ao longo de sucessivas avaliações pode ser comprovada pelo coeficiente de repetibilidade das características estudadas nos programas de melhoramento.

O coeficiente de repetibilidade varia com as propriedades genéticas da população (clones, famílias de meios irmãos, famílias de irmãos completos, etc.) e com a natureza do caráter avaliado, e suas estimativas variam de 0,00 a 1,00, sendo 1,00 a repetibilidade máxima, verificada quando uma das características manifesta-se com muita constância (Cruz et al., 2012). Outra importante informação do estudo de repetibilidade é a predição do número de medições necessárias para obter um determinado nível de precisão (coeficiente de determinação) na comparação entre genótipos para uma dada característica. Tal informação possibilita a avaliação de um número mínimo de medições, reduzindo o gasto de tempo, mão de obra e custo.

Dentre os métodos estatísticos possíveis no estudo da repetibilidade, destaca-se o método da análise de variância, o método dos componentes principais e análise estrutural baseando-se em matrizes de covariância e correlações (Cruz et al., 2012).

2.4 Análise de trilha sob multicolinearidade

Em programas de melhoramento, quando geralmente são levadas em consideração várias características de interesse, o estudo das associações existentes entre as características é importante. Este estudo possibilita inferir sobre a consequência que a seleção para uma característica pode trazer nas demais. Além disso, indica a viabilidade da seleção indireta, quando a característica de principal interesse é de difícil mensuração ou de baixa herdabilidade (Cruz et al. 2012). As relações existentes entre os caracteres são, em geral, avaliadas por meio das correlações fenotípicas, genotípicas e residuais.

A correlação fenotípica tem causas genéticas e ambientais, porém, somente as genéticas envolvem associação de natureza herdável, podendo ser utilizada para orientar programas de melhoramento (Espósito et al., 2012). Porém, a correlação estimada pode não representar a verdadeira associação entre dois caracteres, uma vez que uma alta ou baixa associação pode ocorrer por influência de um terceiro caráter ou conjunto de caracteres. Assim, o método estatístico da análise de trilha, permite estudar mais

detalhadamente as relações existentes entre as características de interesse (Cruz et al., 2014). A associação entre caracteres pode ser desdobrada nos seus efeitos diretos e indiretos, tendo em vista um sistema causal que explica as inter-relações entre conjuntos de variáveis (Teixeira et al., 2012).

Porém, se a matriz de correlação apresenta problemas de multicolinearidade moderada ou severa, os coeficientes de trilha estimados apresentam pouco sentido biológico (Carvalho, 1995). Segundo Cruz et al. (2014), em presença de multicolinearidade, as variâncias associadas a certos estimadores, como, por exemplo, os coeficientes de trilha que medem os efeitos diretos de variáveis explicativas sobre uma principal, podem atingir valores demasiadamente elevados, sendo evidência de serem as estimativas pouco confiáveis, e conseqüentemente, sem coerência com o fenômeno biológico estudado.

As duas metodologias mais utilizadas para a identificação da multicolinearidade se baseiam no fator de inflação da variância (FIV) e no número de condições. O FIV pode ser obtido, para cada variável, na diagonal da inversa da matriz de correlação $X'X$ (Cruz et al., 2014). Considera-se multicolinearidade severa, quando $FIV > 10$ (Hair et al., 2009). O número de condição é a divisão do maior pelo menor autovalor da matriz de correlação $X'X$ (Cruz et al., 2014; Gujarati, 2006). Número de condição menor que 100 indica multicolinearidade fraca, entre 100 e 1.000, moderada a forte e, maior que 1.000, multicolinearidade severa (Montgomery e Peck, 1982).

Uma opção para o problema da multicolinearidade é excluir as variáveis explicativas de maior contribuição para a multicolinearidade antes de fazer a análise de trilha. Porém, Cruz et al. (2014) sugerem que a análise de trilha pode ser realizada na presença de multicolinearidade com todas as variáveis, adotando-se o procedimento de regressão em crista ou cumeeira. Neste método, adiciona-se uma constante k à diagonal da matriz de correlação $X'X$, a fim de reduzir a variância associada ao estimador de mínimos quadrados da análise de trilha (Toebe e Cargnelutti Filho, 2013).

2.5 Dissimilaridade genética

Em um programa de melhoramento, o estudo da divergência genética é feito por meio de técnicas multivariadas. Estas técnicas, além de permitirem combinações de várias características avaliadas na unidade experimental, são de primordial importância no planejamento de programas de melhoramento (Ivoglio et al., 2008).

Para a quantificação da variabilidade genética, os caracteres morfoagronômicos são descritores bastante acessíveis quando comparados com técnicas moleculares mais avançadas e vêm sendo utilizados na caracterização e avaliação da divergência genética de germoplasma (Oliveira et al., 2004). A divergência genética pode ser estimada a partir de medidas de dissimilaridade, as quais são utilizadas em métodos hierárquicos de agrupamento e no método de otimização de Tocher, podendo ser utilizada também técnicas de dispersão gráfica (Oliveira et al., 2003; Oliveira et al., 2004; Sudré et al., 2005; Silva et al., 2011). A escolha do método a ser utilizado é função da precisão desejada, da facilidade de análise e da forma de obtenção dos dados (Cruz et al., 2012).

Muitas técnicas de análise multivariada dependem da estimação da dissimilaridade genética, a qual pode ser obtida por informações de variáveis quantitativas, qualitativas binárias ou muticatóricas. Diante das metodologias de análise multivariada estabelecidas na literatura há possibilidade de estudar a dissimilaridade genética considerando os dados quantitativos e qualitativos separadamente ou simultaneamente (Vieira et al., 2007).

Muitos trabalhos são encontrados na literatura contemplando o estudo da dissimilaridade genética em famílias de meios irmãos considerando a média da parcela ou da família (Martins et al., 2002; Ivoglo et al., 2008; Negreiros et al., 2013; Oliveira et al., 2007). Porém, se as variáveis analisadas são qualitativas coletadas em nível de planta, esta estratégia é menos explorada. Logo, para este caso, torna-se importante estabelecer e comparar metodologias que possibilitam o estudo da dissimilaridade genética entre famílias considerando dados qualitativos coletadas em nível de planta.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; PEDROSA, C.E.; FERNANDES, J.S.C; VALADARES, N.R.; FERREIRA, M.R.A.; MARTINS, R.A.V. Desempenho agrônomico e variabilidade genética em genótipos de couve. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p.1751-1758, 2012.

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; PEDROSA, C.E.; VALADARES, N.R.; FERNANDES, J.S.C; FERREIRA, M.R.A.; MARTINS, R.A.V. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 32, p.51-57, 2014.

- BALKAYA, A; YANMAZ, R. Promising kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) populations from Black Sea region, Turkey. **New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science**, V.33, P.1-7, 2005.
- BOIÇA JUNIOR, A.L.; CHAGAS FILHO, N.R.; SOUZA, J.R. Não-preferência para oviposição de traça-das-crucíferas em genótipos de couve-flor. **Revista Caatinga**, v.23, p.28-33, 2010.
- BOX, G.E.P.; COX, D.R. An analysis of transformations. **Journal of the Royal Society**, v.26, p.211-252, 1964.
- CARVALHO, C. et al. **Anuário brasileiro de hortaliças 2013**. Santa Cruz do Sul : Editora Gazeta Santa Cruz, 2013. 88 p.
- CARVALHO, S.P. de. **Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção sob multicolinearidade**. Viçosa: Editora UFV, 1995. 163p.
- CHUNG, S.H; PEARN, W.L.; YANG, Y.S. A comparison of two methods for transforming non-normal manufacturing data. **The International Journal of Advanced Manufacturing Technology**, v.31, p.957-968, 2007.
- COUTO, M.R.M; LÚCIO, A.D.; LOPES, S.J.; CARPES, R.H. Transformação de dados em experimentos com abobrinha italiana em ambiente protegido. **Ciência Rural**, v.39, p.1701-1707, 2009.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**, Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.
- CUSTÓDIO, T.N.; BARBIN, D. Modelos de predição para sobrevivência de plantas de *Eucalyptus grandis*. **Ciência agrotecnologia**, v.33, p.1948-1952, 2009.
- ESPOSITO, D.P.; PETERNELLI, L.A.; PAULA, T.O.M.; BARBOSA, M.H.P. Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, v.42, p.271-276, 2012.
- FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**, Viçosa: UFV, 2008. 402p.
- GUJARATI, D.N. **Econometria Básica**. Rio de Janeiro: Campus Elsevier, 2006. 812 p.

HAIR, J.F.; BLACK, W.C.; BABIN, B.J.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L. **Análise multivariada de dados**. 6.ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688p.

HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, v.9, p.226-252, 1953.

HUSSAR, G.J.; PARADELA, A.L.; SERRA, W.; JONAS, T.C.; GOMES, J.P.R. Efeito do uso do efluente de reator anaeróbio compartimentado na fertirrigação da couve. **Revista Ecosistema**, V.29, p. 65-72, 2004.

IBGE - Instituto brasileiro de geografia e estatística, Censo Agropecuário, 2006. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/> Acesso em: 04 nov. 2014.

IVOGLO, M.G.; FAZUOLI, L.C.; OLIVEIRA, A.C.B. de; GALLO, P.B.; MISTRO, J.C.; SILVAROLLA, M.B.; TOMA-BRAGHINI, M. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, v.67, p.823-83, 2008.

JOHNSTON, T.D. Inbreeding and hybrid production in marrow-stem kale (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* D.C.). The effects of inbreeding and the performance of F₁ hybrids. **Euphytica**, v.14, p.119-123, 1963.

KENNEDY, B.W. Variance component estimation and prediction of breeding values. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, v.23, p.565-578, 1981.

LOVATTO, P.B.; GOETZE, M.; THOMÉ, G.C.H. Efeito de extratos de plantas silvestres da família *Solanaceae* sobre o controle de *Brevicoryne brassicae* em couve (*Brassica oleracea* var. *acephala*). **Ciência Rural**, v.34, p.971-978, 2004.

LÚCIO, A.D.; COUTO, M.R.M.; LOPES, S.J.; STORCK, L. Transformação box-cox em experimentos com pimentão em ambiente protegido. **Horticultura Brasileira**, v.29, p.38-42, 2011.

LÚCIO, A.D.; COUTO, M.R.M.; TREVISAN, J.N.; MARTINS, G.A.K.; LOPES, S.J. Excesso de zeros nas variáveis observadas: estudo de caso em experimento com brócolis. **Bragantia**, v.69, p.1035-1046, 2010.

MARTINS, I.S.; PIRES, I.E.; OLIVEIRA, M.C. Divergência genética em progênies de uma população de *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH. **Floresta e Ambiente**. v.9, p.81-89, 2002.

- MARTUSCELLO, J.A.; JANK, L.; FONSECA, D.M.; CRUZ, C.D.; CUNHA, D.N.F.V. Repetibilidade de caracteres agronômicos em *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.1975-1981, 2007.
- MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: J. Wiley, 1982. 504p.
- MORENO, D.A.; CARVAJAL, M.; LOPEZ-BERENGUER, C.; GARCIA-VIGUERA, C. Chemical and biological characterization of nutraceutical compounds of broccoli. **Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis**, v.41, p.1508-22, 2006.
- NEGREIROS, J.R.S.; BERGO, C.L.; MIQUELONI, D.P.; LUNZ, A.M.P. Divergência genética entre progênies de pupunheira quanto a caracteres de palmito. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v.48, p.496-503, 2013.
- NOVO, M.C.S.S.; PRELA-PANTANO, A.; TRANI, P.E.; BLAT, S.F. Desenvolvimento e produção de genótipos de couve manteiga. **Horticultura Brasileira**, v.28, p. 321-325, 2010.
- OLIVEIRA, A.C.B.; SEDIYAMA, M.A.N.; PEDROSA, M.W.; GARCIA, N.C.P.; GARCIA, S.L.R. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.26, p.211-217, 2004.
- OLIVEIRA, F.J.; ANUNCIACÃO FILHO, C.J.; BASTOS, G.Q.; REIS, O.V. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.605-611, 2003.
- OLIVEIRA, M.S.P; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. Divergência genética entre acessos de açaizeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v.42, n.4, p.501-506, 2007.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.

- SEARLE, S.R. Topics in variance component estimation. **Biometrics**, v.27, p.1-76, 1971.
- SHAW, R.G. Maximum-likelihood approaches to quantitative genetics of natural populations. **Evolution**, v.41, p.812-826, 1987.
- SILVA, G.C.; OLIVEIRA, F.J.; ANUNCIÇÃO FILHO, C.J.; NETO, D.E.S.; MELO, L.J.O.T. Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.6, p.52-58, 2011.
- SILVA, W.B.N.; SOARES, T.M.; BORGES FILHO, B.; GUTIERES, R. Variedades de couve comercializadas na CEAGESP. **CEAGESP**, p.1-2, 2011. Disponível em: <http://www.hortibrasil.org.br> >Acesso em: 04 nov. 2014.
- SOENGAS, P.; SOTELO, T.; VELASCO, P.; CARTEA M.E. Antioxidant properties of Brassica vegetables. **Functional Plant Science and Biotechnology**. v.5, p.43-55, 2011.
- SOUZA, R.J. Origem e Botânica de Algumas Brássicas. **Informe agropecuário**, v. 9, p. 10-12, 1983.
- SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v.23, p.22-27, 2005.
- TEIXEIRA, D.H.L.; OLIVEIRA, M.S.D.; GONÇALVES, F.M.A. NUNES, J.A.R. Correlações genéticas e análise de trilha para componentes da produção de frutos de açaizeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, p.1135-1142, 2012.
- THOMPSON, K.F.; HOWARD, H.W. Self-incompatibility in marrow-stem kale, *Brassica oleracea* var. *acephala*. II Methods for the recognition in inbred lines of plants homozygous for s alleles. **Journal of Genetics**, v.56, p.325-340, 1959.
- TOEBE, M.; CARGNELUTTI FILHO, A. Não normalidade multivariada e multicolinearidade na análise de trilha em milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.48, p.466-477, 2013.
- VIEIRA, E.A.; CARVALHO, F.I.F.; BERTAN, I.; KOPP, M.M.; ZIMMER, P.D.; BENIN, G.; SILVA, J.A.G.; HARTWIG, I.; MALONE, G.; OLIVEIRA, A.C. Association between genetic distances in wheat (*Triticuma estivum* L.) as estimated by

AFLP and morphological markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.30, p.392-399, 2007.

VILAR, M.; CARTEA, M.E.; PADILLA, G.The potential of kales as a promising vegetable crop. **Euphytica**, v.159, v.153-165, 2008.

XU, W.; LI, W.; SONG, D. Testing normality in mixed models using a transformation method. **StatPapers**, v. 54, p.71-84, 2013.

4. CAPÍTULO I: Transformação Box-Cox na avaliação de famílias de meios irmãos de couve de folhas via REML/BLUP

Transformação Box-Cox na avaliação de famílias de meios irmãos de couve de folhas via REML/BLUP

Resumo – As pressuposições de normalidade e homogeneidade dos resíduos são muito importantes. Se estas pressuposições não forem atendidas, as informações obtidas pelas análises estatísticas podem gerar sérios equívocos. Em tais situações, transformações têm sido feitas a fim de amenizar os problemas da não normalidade e heterocedasticidade. Logo, objetivou-se verificar o efeito da transformação indicada pela metodologia Box-Cox na normalidade dos resíduos, homocedasticidade, nas estimativas de parâmetros e valores genéticos em famílias de meios irmãos de couve. Foram avaliadas 24 famílias de meios irmãos de couve no delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e cinco plantas por parcela. Foram mensuradas as características número de brotações, número de folhas, massa fresca de folhas, altura da planta, comprimento do limbo foliar, largura do limbo foliar, comprimento do pecíolo, largura do pecíolo, espessura do pecíolo e diâmetro do caule. A transformação Box-Cox melhorou a homocedasticidade e normalidade dos resíduos para a maioria das variáveis, porém nem sempre garantiu o atendimento destas pressuposições. A transformação Box-Cox reduziu as estimativas da média e do coeficiente de variação genético e residual, porém não proporcionou grandes alterações nas outras estimativas de parâmetros genéticos. O uso da transformação influenciou pouco no ranqueamento dos valores genéticos aditivos individuais e das famílias, não afetando a seleção dos melhores genótipos. A transformação Box-Cox é dispensável neste trabalho.

Palavras-chave: *Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC., Normalidade, Homocedasticidade, Parâmetros genéticos.

Box-Cox transformation in kale half-sib families evaluation through REML/BLUP

Abstract - The assumptions of normality of residuals and homogeneity are very important. If these assumptions are not met, the information obtained by statistical analysis may lead to serious mistakes. In such situations, transformations have been carried out in order to ease the problems of non-normality and heteroscedasticity. Thus, this study aimed to verify the effect of the transformation indicated by the Box-Cox methodology in normality of residuals, homoscedasticity, estimates of parameters and genetic values in kale half-sib families. It was evaluated 24 kale half-sib families in a randomized block design with four replications and five plants per plot. The following characteristics were evaluated: number of shoots, number of leaves, fresh weight of leaves, plant height, leaf blade length, leaf blade width, petiole length, petiole width,

petiole thickness, and stem diameter. The Box-Cox transformation improved the homoscedasticity and the normality of residuals for most variables; however, it did not always meet these assumptions. The Box-Cox transformation reduced the estimates of the mean and of the coefficient of genetic and residual variation; however, it did not provide major changes in the other estimates of genetic parameters. The use of the transformation little influenced on the ranking of families and of individual additive genetic values, which did not affect the selection of the best genotypes. The Box-Cox transformation is dispensable in this study.

key words: *Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC., normality, homoscedasticity, genetic parameters.

4.1 Introdução

A couve de folhas (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC.) é reconhecida pelas suas qualidades nutracêuticas na redução do risco de doenças crônicas, tais como problemas cardiovasculares e outras doenças degenerativas como vários tipos de câncer (Moreno et al., 2006; Lefsrud et al., 2007; Vilar et al. 2008). Devido aos seus benefícios à saúde, seu consumo tende a aumentar, e conseqüentemente, trabalhos devem ser realizados para o melhoramento genético da cultura (Azevedo et al., 2014).

Para o melhoramento genético, bem como outras áreas do conhecimento, a distribuição normal é a mais importante distribuição de uma variável aleatória, tendo grande aplicação em pesquisas científicas e tecnológicas (Ramalho et al., 2012), uma vez que a maioria dos testes estatísticos pressupõe a normalidade dos resíduos. A estimação de parâmetros, tais como herdabilidade, coeficientes de variação genotípico e experimental e índice de variação relativo, são de grande importância para obtenção de informações sobre o controle genético dos caracteres (Pereira et al., 2012), facilitando a tomada de decisões nos programas de melhoramento (Cruz et al., 2012). Estas estimativas podem ser obtidas por modelos lineares mistos, quando se supõe distribuição normal tanto dos erros quanto dos demais efeitos aleatórios do modelo estatístico (Resende, 2007). Na presença de grandes desvios de normalidade, a aplicação direta dos modelos lineares sobre os dados observados torna-se imprópria (Resende, 2007), e as informações obtidas pelas análises estatísticas podem gerar sérios equívocos (Xu et al., 2013), invalidando testes de hipóteses como o teste F, por exemplo.

No melhoramento genético de couve, bem como de outras plantas alógamas, a avaliação de famílias de meios irmãos é uma prática corriqueira para a seleção de

indivíduos e famílias agronomicamente superiores. Neste caso, a variação no desenvolvimento e produção entre plantas é grande, mesmo dentro das parcelas, sendo consequência da variação ambiental e genética. A grande variabilidade da produção entre plantas, segundo Lúcio et al. (2011), pode acarretar problemas na homogeneidade de variâncias. A homogeneidade da variância dos erros, também denominada homocedasticidade, é muito importante (Couto et al., 2009), pois as hipóteses para os efeitos testáveis dos modelos estatísticos são testadas considerando-se um resíduo comum. Segundo Resende (2007), a violação de qualquer uma das outras pressuposições da análise de variância pode conduzir à heterogeneidade de variância dos erros.

Em certos casos quando não é possível satisfazer as pressuposições para análise de variância na própria escala observada, uma alternativa é a transformação dos dados para uma escala mais apropriada, com o objetivo de se conseguir homogeneidade de variâncias e distribuição aproximadamente normal (Couto et al., 2009; Custódio e Barbin, 2009; Lúcio et al., 2011).

Entretanto, a escolha do tipo adequado de transformação não é uma tarefa óbvia, pois matematicamente, existem inúmeras possibilidades e apenas o método de “tentativa e erro” não é o mais recomendado. Desta forma, a família de transformações Box-Cox (Box e Cox, 1964) é amplamente utilizada, pois permite identificar a melhor transformação dos dados, com base na utilização de uma potência λ (*lambda*) que maximize o estimador de máxima verossimilhança e minimize o resíduo (Lúcio et al., 2011; Chung et al, 2007).

A metodologia Box-Cox produz uma transformação da variável resposta (Y) tal que as pressuposições como homocedasticidade e normalidade dos resíduos sejam simultaneamente satisfeitas (Couto et al., 2009). Esta técnica vem sendo recentemente empregada em várias áreas do conhecimento, como para a transformação de dados na econometria (Yang et al., 2004), na avaliação de bovinos (Freitas et al., 2005), na estatística genômica (Yang et al, 2006), no estudo da qualidade da água (Freni e Mannina, 2012), no estudo de solos contaminados (Meloun et al., 2005), etc. O uso da transformação Box-Cox em plantas embora seja de grande valia, é menos frequente, destacando-se Gutierrez et al. (1995) com a cultura do tomate, Couto et al. (2009) com abobrinha italiana, Lúcio et al. (2010) avaliando brócolis, Lúcio et al. (2011) trabalhando com pimentão e Toebe e Cargnelutti Filho (2013) na cultura do milho.

Assim, objetivou-se neste trabalho verificar o efeito da transformação indicada pela metodologia Box-Cox na normalidade dos resíduos, homocedasticidade, nas estimativas de parâmetros e valores genéticos em famílias de meios irmãos de couve.

4.2 Material e Métodos

O experimento foi conduzido no período de 26/01/2013 a 09/11/2013, na horta de pesquisa da Universidade Federal de Viçosa (UFV) – Horta Velha –, em Viçosa, MG (20°45'14"S; 42°52'53"W; 648,74 m de altitude). Segundo a classificação de Köppen, o clima regional é do tipo Cwa, com umidade relativa média anual do ar de 80%, temperatura média máxima e mínima anual registrada de 26,4 e 14,8°C, respectivamente, e precipitação média anual de 1.221,4 mm.

Foram avaliadas 24 famílias de meios irmãos de couve oriundas de clones do banco de germoplasma da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) utilizando-se o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e cinco plantas por parcela.

A semeadura foi realizada no dia 26/01/2013 em bandejas de poliestireno expandido contendo 128 células, em substrato comercial Plantmax Hortaliças[®]. As bandejas foram acondicionadas em ambiente protegido, sob sombrite com 50% de sombreamento, realizando-se irrigações diárias. Foi plantada uma única semente por célula.

No dia 26/03/2013, as mudas foram transplantadas para canteiros com largura aproximada de 2,50 m e 0,30 m de altura, utilizando-se espaçamento de 1,00 x 0,50 m. As adubações de solo e cobertura foram realizadas de acordo com as recomendações para a cultura (Filgueira, 2008). A partir do dia 13/04/2013 até o dia 09/11/2013, realizou-se colheitas de 14 em 14 dias, constituindo-se em 15 avaliações, foi avaliado em 5 plantas por parcela o número de brotações (quando as mesmas foram removidas), número de folhas comercializáveis e massa fresca de folhas comercializáveis. Para estas características foi considerada a produção total por planta para a análise estatística. Foram consideradas como folha comercializável folhas completamente expandidas com comprimento do limbo foliar maior que 15 cm e sem sinais de senescência (Azevedo et al., 2012). No dia 06/07/2013 foi avaliada a altura das plantas medindo-se a planta do nível do solo até a extremidade da folha mais alta com o auxílio de uma fita métrica graduada em centímetros e o diâmetro do caule (medido com paquímetro na metade da altura da planta) (Azevedo et al., 2012). Na 5ª folha expandida mais nova de cada planta

foi avaliado o comprimento e largura do limbo foliar (medido com régua graduada em centímetros), o diâmetro do centro do pecíolo e a espessura da base do pecíolo em mm (medido com paquímetro) e o comprimento do pecíolo (medido com régua graduada em centímetros a partir de sua inserção no caule até o início do limbo foliar).

Para a determinação da melhor transformação necessária para estabilizar ou reduzir a variabilidade existente e normalizar os resíduos, utilizou-se a metodologia Box-Cox (Box e Cox, 1964). Como o objetivo deste trabalho é avaliar o efeito da transformação Box-Cox, realizou-se esta metodologia para os dados de todas as características avaliadas, desconsiderando se os erros do conjunto de dados originais seguiam distribuição normal e apresentavam homocedasticidade. Porém, recomenda-se realizar a transformação de dados apenas quando os desvios de normalidade e homocedasticidade são existentes.

Box e Cox (1964) definiram a seguinte família de transformações: $y_{i(\lambda)} = (Y_i^\lambda - 1) / \lambda$ para λ diferente de 0, e $y_{i(\lambda)} = \ln(Y_i)$ para λ igual a 0. Estas equações podem ser expressas por: $t_{i(\lambda)} = (Y_i^\lambda - 1) / (\lambda G^{\lambda-1})$ para λ diferente de 0, e $t_{i(\lambda)} = G \ln(Y_i)$ para λ igual a 0. Onde: λ é um número real e G é a média geométrica das observações da variável y .

Estas equações são baseadas na transformação dos dados originais, sendo:

$$\mathbf{T}_{\sim(\lambda)} = \begin{bmatrix} t_{1(\lambda)} \\ t_{2(\lambda)} \\ \vdots \\ t_{n(\lambda)} \end{bmatrix} = \mathbf{X} \mathbf{b}_{\sim} + \mathbf{Z} \mathbf{a}_{\sim} + \mathbf{W} \mathbf{c}_{\sim} + \mathbf{e}_{\sim}$$

Em que: $\mathbf{T}_{\sim(\lambda)}$ é o vetor de dados transformados, \mathbf{b}_{\sim} é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, \mathbf{a}_{\sim} é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), \mathbf{c}_{\sim} é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), \mathbf{e}_{\sim} é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sobre as distribuições e estruturas de médias e variâncias, admiti-se que (Adaptado: Resende, 2007):

$$\begin{bmatrix} T \\ \sim(\lambda) \\ a \\ \sim \\ c \\ \sim \\ e \\ \sim \end{bmatrix} \sim N \left[\begin{bmatrix} Xb \\ \sim \\ 0 \\ \sim \\ 0 \\ \sim \\ 0 \\ \sim \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & ZG & WC & R \\ GZ' & G & \Phi & \Phi \\ CW' & \Phi & C & \Phi \\ R & \Phi & \Phi & R \end{bmatrix} \right]$$

em que:

$$G = A\sigma_a^2;$$

$$C = I\sigma_c^2;$$

$$R = I\sigma_e^2;$$

$$V = ZA\sigma_a^2Z' + WI\sigma_c^2W' + I\sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + R;$$

Φ = matriz nula.

Desta forma é possível obter a seguinte equação de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'T(\lambda) \\ Z'T(\lambda) \\ W'T(\lambda) \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2-c^2}{h^2} \quad ; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1-h^2-c^2}{c^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;}$$

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} : \text{correlação devida ao ambiente comum da parcela;}$$

σ_a^2 : variância genética aditiva;

σ_c^2 : variância entre parcelas;

σ_e^2 : variância residual;

A : matriz de parentesco.

Foram avaliados valores de λ entre -2 e 2 em intervalos de 0,125 unidades, avaliando-se 33 valores de λ em cada variável estudada. Para o cálculo do estimador de máxima verossimilhança do erro (L_{\max}) em cada valor de λ , foi utilizada a expressão:

$$L_{\max(\lambda)} = -\frac{n}{2} \ln(\sigma_{e(\lambda)}^2)$$

Para a obtenção da variância residual ($\sigma_{e(\lambda)}^2$) para o cálculo do L_{\max} e estimação de parâmetros genéticos, utilizou-se o software R (R Development Core Team, 2013) com auxílio do package *pedigreemm*. Na metodologia Box-Cox, considera-se como melhor valor de λ aquele que maximiza o estimador de máxima verossimilhança (L_{\max}) (Lúcio et al., 2011). A expressão $y^{(\lambda)} = (Y^\lambda - 1)/\lambda$ é equivalente a $y^{(\lambda)} = Y^\lambda$ para $\lambda \neq 0$, se $\lambda = 0$ torna-se necessário utilizar a transformação $y^{(\lambda)} = \ln(Y)$ (Box e Cox, 1964; Lúcio et al., 2011). Visando avaliar o efeito da transformação, foram estimados os parâmetros genéticos com os dados originais e transformados. Todos os estimadores dos parâmetros genéticos estudados são apresentados por (Resende, 2007). Para o estudo da normalidade e heterocedasticidade, recorreu-se aos testes de Shapiro-Wilk's e Bartlett os quais foram implementados no software R (R Development Core Team, 2013).

4.3 Resultados e Discussão

Verifica-se na Figura 1 que a característica número de brotações teve o maior valor de L_{\max} para o λ com o valor 1,00, indicando que para esta variável nenhuma transformação possibilitaria maior maximização do estimador de máxima verossimilhança (L_{\max}) que a utilização dos dados originais (Y^1). Na Figura 2 verifica-se que nesta variável houve homogeneidade dos resíduos pelo teste Bartlett. Para a variável comprimento do pecíolo (CP), verificou-se que a estimativa de λ foi próxima a 1,00 (1,125), evidenciando pouca necessidade do uso da transformação. Para esta característica, houve a normalidade dos resíduos pelo teste Shapiro Wilk's e pequeno desvio na homogeneidade de variâncias pelo teste Bartlett (Figura 2), caso se considere o nível de significância de 5%. Segundo Resende (2007) os testes de hipótese como o teste F é robusto a pequenos desvios de homocedasticidade, desde que a normalidade dos resíduos não seja seriamente comprometida, desta forma, a transformação de dados para as características número de brotações e comprimento do pecíolo pode ser considerada dispensável.

A característica número de folhas apresentou o maior valor do L_{\max} (Figura 1) para λ próximo ao valor 0 (-0.125), quando a melhor transformação é a função logarítmica ($Z^0 = \log y$). Segundo Banzatto e Kronka (2013) a transformação logarítmica estabiliza a variância na situação em que os desvios padrões são proporcionais às médias dos tratamentos, o que ocorre frequentemente com algumas variáveis obtidas

por contagem, como o caso do número de folhas. Além disso, a transformação logarítmica pode contribuir para a adequação ao modelo aditivo linear (Resende, 2007). Lúcio et al. (2010) utilizando a metodologia Box-Cox em características produtivas do brócolis, cultura pertencente a mesma espécie da couve, verificaram o melhor ajuste da transformação logarítmica nas características massa das cabeças comercializáveis, ramificações comercializáveis, cabeças não comercializáveis e ramificações não comercializáveis em experimentos conduzidos em três estações do ano (inverno, primavera e verão). Na figura 2 pode-se observar que a transformação considerando o valor de λ como -0.125 contribuiu para a melhoria da normalidade e homocedasticidade, porém as hipóteses de nulidade para estas pressuposições continuaram sendo rejeitadas ao se considerar um nível de significância de 5%.

A característica massa fresca de folhas, teve maior valor do L_{max} para λ com o valor 0,50 (Figura 1), indicando como melhor transformação a raiz quadrada. A transformação raiz quadrada é indicada para casos em que a variável segue distribuição Poisson (média de tratamentos igual às suas respectivas variâncias) o que geralmente ocorre em dados de contagens (Banzatto e Kronka, 2013). Com o uso da transformação raiz quadrada na massa fresca de folhas os resíduos continuaram seguindo distribuição normal, porém, o problema de heterocedasticidade continuou a ser existente, sendo ligeiramente agravado (Figura 2). Nesta situação, o uso da transformação não apresentou vantagem.

Para as características matéria fresca por folha, altura de plantas, razão entre o comprimento e largura da folha, espessura do pecíolo e diâmetro do caule, a melhor transformação foi a raiz quarta ($\lambda=0,25$) (Figura 1). Couto et al., (2009) utilizando a metodologia Box-Cox também verificaram maiores valores de L_{max} para λ igual a 0,25 em todas as características mensuradas em abobrinha italiana. Com a transformação raiz quarta nas características matéria fresca por folha, altura de plantas e diâmetro de caule os resíduos continuaram heterocedásticos e não seguindo distribuição normal (Figura 2). Para a espessura do pecíolo, a pressuposição de homocedasticidade continuou sendo satisfeita, mas os resíduos continuaram não seguindo distribuição normal. Já para a razão entre o comprimento e largura do limbo foliar, estas pressuposições passaram a ser atendidas.

As características comprimento e largura do limbo foliar já seguiam distribuição normal mesmo antes do uso da transformação (Figura 1), conseqüentemente, a transformação de dados para estas características é dispensável. Após a transformação

dos dados para a largura do pecíolo os resíduos continuaram heterocedásticos e não seguindo distribuição normal (Figura 2).

De forma geral, os valores de λ selecionados pela metodologia Box-Cox proporcionam melhor normalidade dos resíduos e homogeneidade das variâncias residuais. Isto mostra a eficiência da metodologia Box-Cox que segundo Yang (2006) é a técnica mais indicada para a transformação de dados cujos valores originais são positivos. Estas situações ocorrem apenas com a utilização de transformações adequadas para os dados, pois se a escolha da transformação for feita de forma equivocada, os problemas com a não normalidade dos resíduos e heterocedasticidade podem ser agravados, conforme pode ser observado na figura 2. Porém nem sempre o uso de transformação é suficiente para fazer com que as pressuposições de normalidade e homocedasticidade sejam atendidas.

Não foi verificada significância para o efeito de progênes pelo teste F ao nível de 5% de probabilidade para as características altura de plantas e diâmetro do caule utilizando ou não a transformação dos dados (Figura 2). Para as demais características, o efeito de progênie foi significativo ao nível de 5% de significância pelo teste F, independente do uso de transformação. Segundo Pimentel-Gomes (2009) a pressuposição de normalidade não é tão restritiva para o teste F caso a distribuição seja apenas aproximadamente normal. Segundo este mesmo autor, a normalidade dos erros jamais se verifica nos experimentos, pois como primeira condição, deveria haver possibilidade de observações desde $-\infty$ até $+\infty$.

Para a análise do modelo estatístico adotado neste experimento via metodologia REML/BLUP a pressuposição de normalidade não é apenas para os resíduos, mas também para os efeitos genéticos aditivos individuais e para os efeitos de parcelas (Resende, 2007). As características altura de plantas, comprimento da folha, e diâmetro do caule já apresentavam distribuição normal mesmo antes da transformação para os efeitos genéticos aditivos individuais. Para o número de folhas e razão entre o comprimento e largura da folha obteve-se normalidade dos efeitos genéticos aditivos individuais após a transformação dos dados (Tabela 1), porém para a matéria fresca de folhas, largura de folhas e espessura do pecíolo, a transformação fez com que estes efeitos deixassem de seguir distribuição normal. Para as demais características, os efeitos genéticos aditivos individuais continuaram não seguindo distribuição normal após a transformação dos dados. Para o efeito genético aditivo das famílias, efeito de

blocos e efeitos de parcela, não se verificou distribuição normal ao nível de 5%, independente do uso de transformação.

Todas as transformações selecionadas pela metodologia Box-Cox acarretaram a redução da média dos dados e do coeficiente de variação residual (Figura 3 e Tabela 2). Resultado similar foi verificado por Couto et al. (2009), Lúcio et al. (2010) e Lúcio et al. (2011) que encontraram grande redução no coeficiente de variação ambiental e para a média geral após a transformação dos dados. Reduções para os coeficientes de variação genética aditivo individual e da família também foram observadas com o uso da transformação (Tabela 2). A redução dos coeficientes de variação é consequência da mudança de escala pela transformação dos dados, o que causa redução da variação.

Para as estimativas de herdabilidade e acurácias foram observadas pequenas alterações em função do uso da transformação Box-Cox (Figura 3 e tabela 2), mostrando que não haveria mudanças nas conclusões sobre estes parâmetros para o melhoramento genético em consequência da transformação de dados. O fato da transformação afetar a média geral e o coeficiente de variação ambiental e não causar grandes alterações nas estimativas de herdabilidade mostra que a mudança de escala ocasiona alterações nos componentes de variância de forma aproximadamente proporcional. Desta forma, sendo as estimativas de herdabilidade e de acurácia obtidos diretamente ou indiretamente pela razão dos componentes de variância (Rezende, 2007) não há grande alterações em suas estimativas. Portanto, em casos onde o objetivo é estimar parâmetros genéticos o uso da transformação de dados pode ser considerado dispensável, principalmente quando os desvios de normalidade e homocedasticidade não são severos.

Altas estimativas de correlação dos ranks foram encontradas antes e após a transformação Box-Cox para os valores genéticos aditivos da família e valores genéticos aditivos individuais (Tabela 2). Isto mostra que o uso da transformação não traria consequências na seleção das melhores famílias.

4.4 Conclusões

1) A transformação Box-Cox melhora a homocedasticidade e normalidade dos resíduos na maioria dos casos, porém nem sempre garante o atendimento destas pressuposições.

- 2) A transformação Box-Cox reduz as estimativas da média e do coeficiente de variação genético e residual, porém não proporciona grandes alterações nas outras estimativas de parâmetros genéticos.
- 3) A transformação influencia pouco no ranqueamento dos valores genéticos individuais e das famílias, não afetando na seleção dos melhores genótipos.
- 4) A transformação Box-Cox é dispensável neste trabalho.

4.5 Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do estado de Minas Gerais (FAPEMIG), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsas de estudos e recursos financeiros para o desenvolvimento do projeto.

4.6 Referências

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; PEDROSA, C.E.; FERNANDES, J.S.C; VALADARES, N.R.; FERREIRA, M.R.A.; MARTINS, R.A.V. Desempenho agrônômico e variabilidade genética em genótipos de couve. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p.1751-1758, 2012.

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; PEDROSA, C.E.; VALADARES, N.R.; FERNANDES, J.S.C; FERREIRA, M.R.A.; MARTINS, R.A.V. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 32, p.51-57, 2014.

BANZATTO, D.A.; KRONKA, S.N. **Experimentação agrícola**. Jaboticabal:Funep. 2013. 237p.

BOX, G.E.P.; COX, D.R. An analysis of transformations. **Journal of the Royal Society**, v.26, p.211-252, 1964.

CHUNG, S.H; PEARN, W.L.; YANG, Y.S.A comparison of two methods for transforming non-normal manufacturing data. **The International Journal of Advanced Manufacturing Technology**. v.31, p.957-968, 2007.

- COUTO, M.R.M.; LÚCIO, A.D.; LOPES, S.J.; CARPES, R.H. Transformação de dados em experimentos com abobrinha italiana em ambiente protegido. **Ciência Rural**, v.39, p.1701-1707, 2009.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.
- CUSTÓDIO, T.N.; BARBIN, D. Modelos de predição para sobrevivência de plantas de *Eucalyptus grandis*. **Ciência agrotecnologia**, v.33, p.1948-1952, 2009.
- FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa: Editora UFV. 2008. 402p.
- FREITAS, A.R.; PRESOTTI, C.V.; TORAL, F.L.B. Alternativas de análises em dados de medidas repetidas de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p.2233-2244, 2005.
- FRENI, G.; MANNINA, G. Uncertainty estimation of a complex water quality model: The influence of Box-Cox transformation on Bayesian approaches and comparison with a non-Bayesian method. **Physics and Chemistry of the Earth**, v.42, p.31-41, 2012.
- GUTIERREZ, R.G.; CARROL, R.J.; WANG, N.; LEE, G.H.; TAYLOR, B.H. Analysis of Tomato Root Initiation Using a Normal Mixture Distribution. **Biometrics**, v.51, p.1461-1468, 1995.
- LEFSRUD, M; KOPSELL, D; WENZEL, A; SHEEHAN, J. Chances in kale (*Brassica oleracea* L. var. *acephala*) carotenoid and chlorophyll pigment concentrations during leaf ontogeny. **Scientia Horticulturae**, v.112, p.136-141, 2007.
- LÚCIO, A.D.; COUTO, M.R.M.; LOPES, S.J.; STORCK, L. Transformação Box-Cox em experimentos com pimentão em ambiente protegido. **Horticultura Brasileira**, v.29, p.38-42, 2011.
- LÚCIO, A.D.; COUTO, M.R.M.; TREVISAN, J.N.; MARTINS, G.A.K.; LOPES, S.J. Excesso de zeros nas variáveis observadas: estudo de caso em experimento com brócolis. **Bragantia**, v.69, p.1035-1046, 2010.

- MELOUN, M.; SANKA, M.; NEMEC, P.; KRITCKOVA, S.; KUPKA, K. The analysis of soil cores polluted with certain metals using the Box-Cox transformation. **Environmental Pollution**, v.137, p.273-280, 2005.
- MORENO, D.A.; CARVAJAL, M.; LOPEZ-BERENGUER, C.; GARCIA-VIGUERA, C. Chemical and biological characterization of nutraceutical compounds of broccoli. **Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis**, v.41, p.1508-1522, 2006.
- PEREIRA, I.G.; OLIVEIRA, H.N.; ROSA, G.J.M. Estudo de simulação de modelos lineares mistos com distribuição normal contaminada no melhoramento genético animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.1304-1315, 2007.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. FEALQ: Piracicaba. 2009. 451p.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2013. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.
- TOEBE, M.; CARGNELUTTI FILHO, A. Não normalidade multivariada e multicolinearidade na análise de trilha em milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.48, p.466-477, 2013.
- VILAR, M.; CARTEA, M.E.; PADILLA, G. The potential of kales as a promising vegetable crop. **Euphytica**, v.159, p.153–165, 2008.
- XU, W.; LI, W.; SONG, D. Testing normality in mixed models using a transformation method. **Stat Papers**, v. 54, p.71–84, 2013.
- YANG R, YI N, XU S. Box-Cox transformation for QTL mapping. **Genetica**, v.128, p.133-43, 2006.

YANG, Z.; CHEN, G. Tests of transformation in nonlinear regression. **Economics Letters**, v.84, p.391–398, 2004.

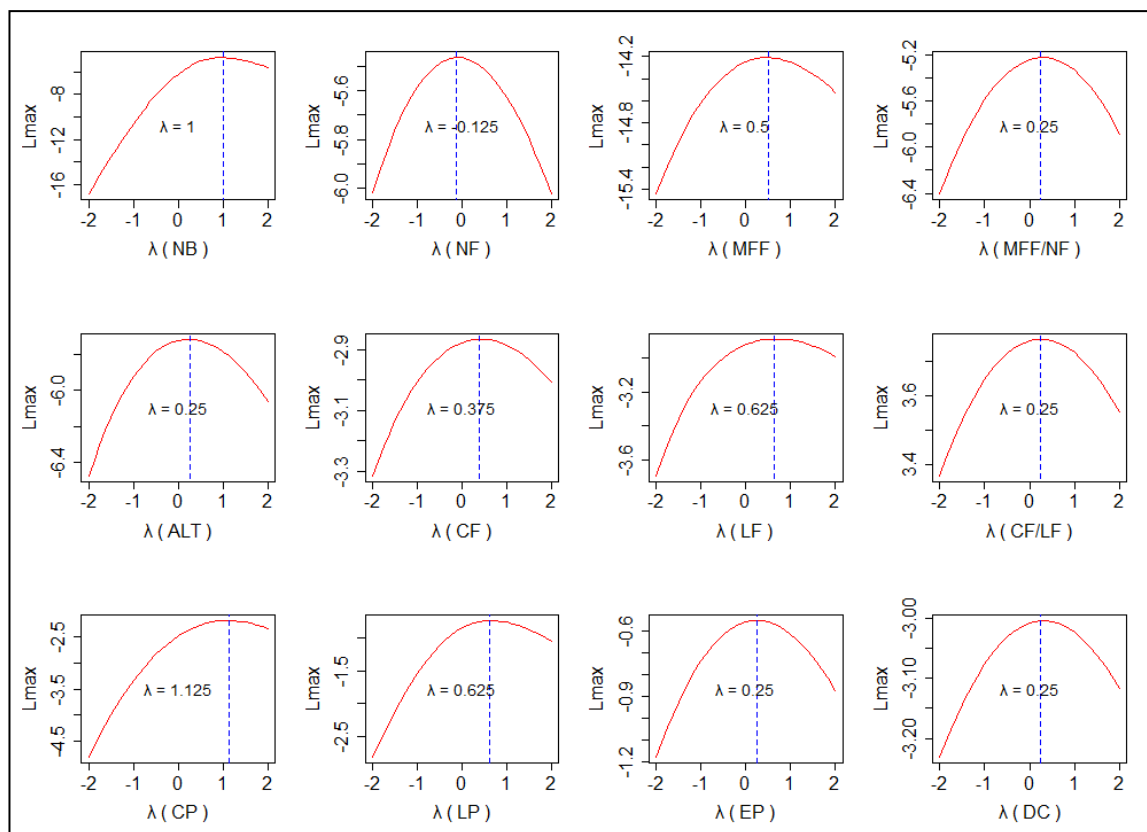


Figura 1. Função de máxima verossimilhança (L_{max}) obtidos pela metodologia Box-Cox na seleção da potência λ para o número de brotações (NB), número de folhas (NF), massa fresca de folhas (MFF), massa fresca por folha (MFF/NF), altura da planta (ALT), comprimento do Limbo foliar (CF), largura do limbo foliar (LF), razão entre o comprimento e largura da folha (CF/LF), comprimento do pecíolo (CP), largura do pecíolo (LP), espessura do pecíolo (EP) e diâmetro do caule (DC) em famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

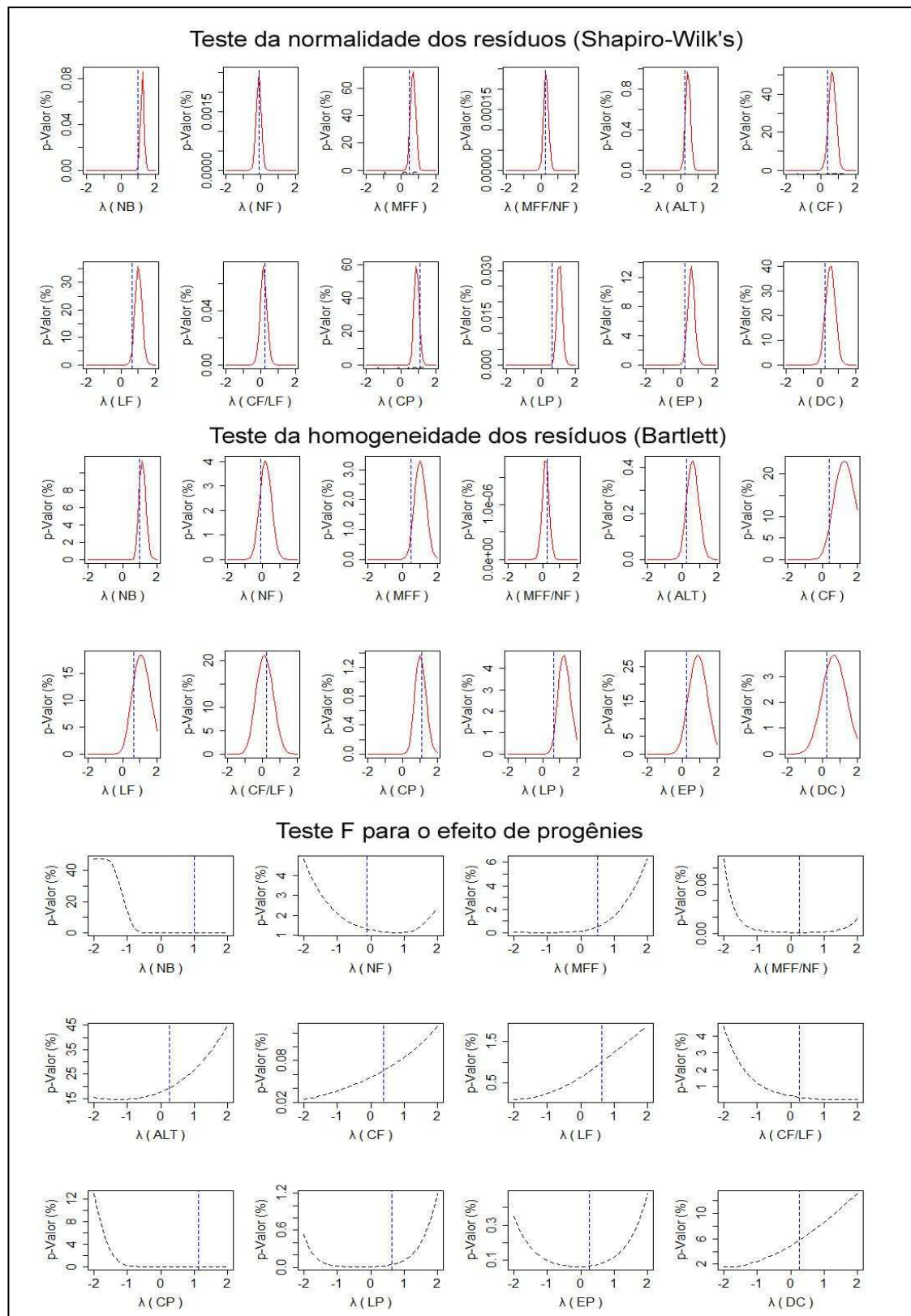


Figura 2. Estimativa do p-Valor para o teste Shapiro Wilk's, Bartlett e para o teste F em função do uso de potências λ nas características número de brotações (NB), número de folhas (NF), massa fresca de folhas (MFF), massa fresca por folha (MFF/NF), altura da planta (ALT), comprimento do Limbo foliar (CF), largura do limbo foliar (LF), razão entre o comprimento e largura da folha (CF/LF), comprimento do pecíolo (CP), largura do pecíolo (LP), espessura do pecíolo (EP) e diâmetro do caule (DC) em famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Tabela 1. Estimativas do p-Valor (%) do teste Shapiro Wilk's para a normalidade dos efeitos genéticos aditivos individuais (Ef Ind), efeitos genéticos aditivos das famílias (Ef Fam), efeito do bloco (Ef Bloc), efeitos das parcelas (Ef Parc) e efeitos dos resíduos (Ef Res) considerando dados originais (NT) e transformados (T) na avaliação de famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Carac. ¹	Ef Ind		Ef Fam		Ef Bloc		Ef Parc		Ef Res	
	NT	T	NT	T	NT	T	NT	T	NT	T
NB	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
NF	0,00	9,55	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
MFF	13,19	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	9,70	30,48
MFF/NF	0,00	0,06	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
ALT	36,00	10,82	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,48
CF	94,29	12,87	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	14,79	20,45
LF	12,04	0,22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	35,97	4,98
CF/LF	1,93	96,66	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,06
CP	2,27	0,28	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	51,00	21,27
LP	0,44	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,03	0,00
EP	10,09	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,60	2,37
DC	32,89	78,65	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	11,55	2,25

¹Características: número de brotações (NB), número de folhas (NF), massa fresca de folhas (MFF), massa fresca por folha (MFF/NF), altura da planta (ALT), comprimento do Limbo foliar (CF), largura do limbo foliar (LF), razão entre o comprimento e largura da folha (CF/LF), comprimento do pecíolo (CP), largura do pecíolo (LP), espessura do pecíolo (EP) e diâmetro do caule (DC).

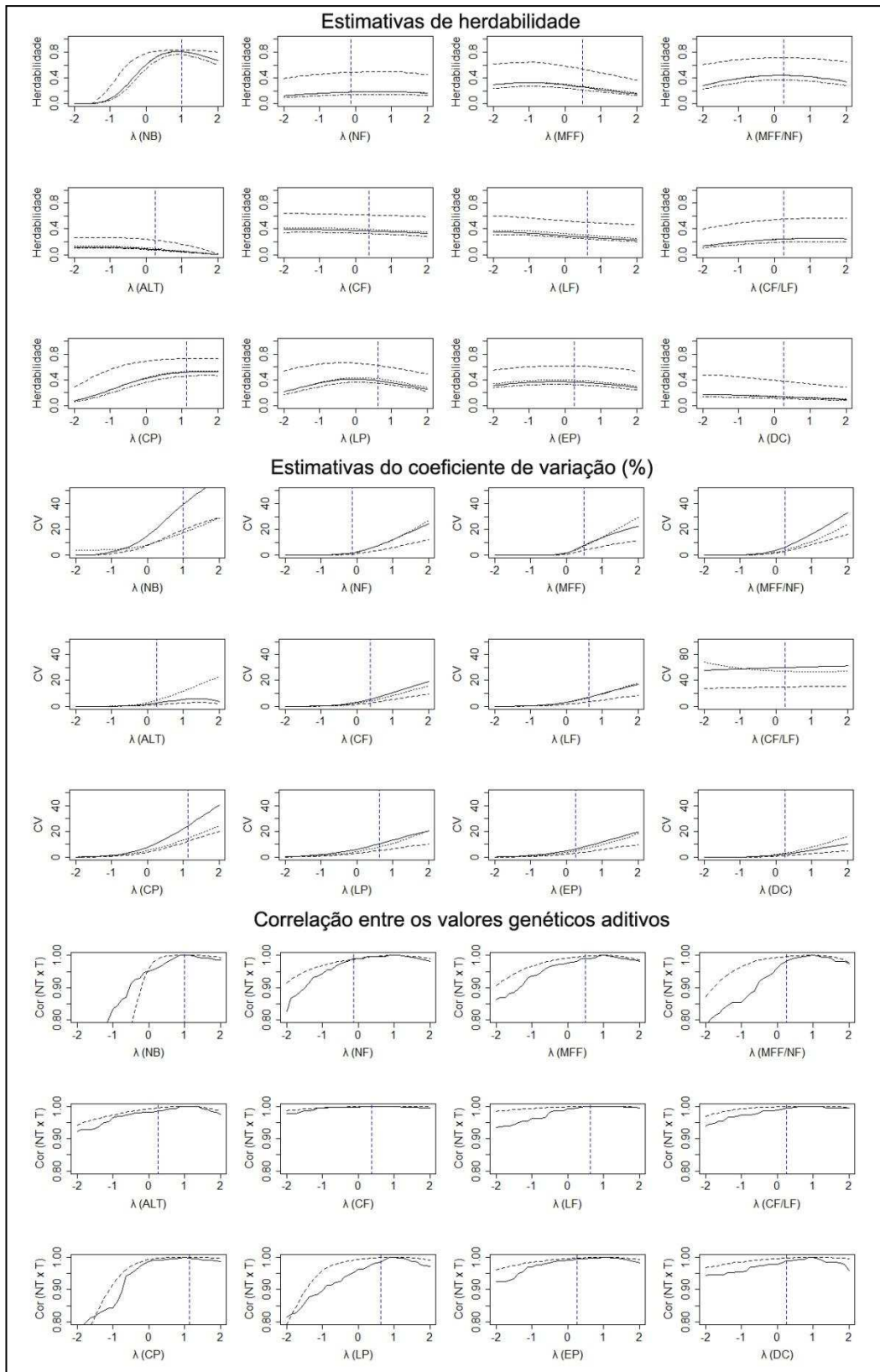


Figura 3. Influência de potências λ nas estimativas de herdabilidade individual (—), herdabilidade média da família (---), herdabilidade ajustada aos efeitos de parcela (···), coeficiente de variação genotípico individual (—), coeficiente de variação genético da família (---), coeficiente de variação residual (···), e correlações entre os valores genético aditivos individuais (—) e valores genético aditivos da família (---) em relação aos dados transformados e não transformados para características avaliadas em famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre efeitos obtidos com dados originais (NT) e transformados (T) para as características número de brotações (NB), número de folhas (NF), massa fresca de folhas (MFF), massa fresca por folha (MFF/NF), altura da planta (ALT), comprimento do Limbo foliar (CF), largura do limbo foliar (LF), razão entre o comprimento e largura da folha (CF/LF), comprimento do pecíolo (CP), largura do pecíolo (LP), espessura do pecíolo (EP) e diâmetro do caule (DC) na avaliação de 24 famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Parâmetros ¹		NB	NF	MFF	MFF/NF	ALT	CF	LF	CF/LF	CP	LP	EP	DC
h^2_{ind}	NT	0,81	0,19	0,22	0,42	0,05	0,36	0,26	0,25	0,52	0,36	0,34	0,12
	T	-	0,18	0,26	0,44	0,08	0,37	0,27	0,24	0,52	0,39	0,37	0,14
h^2_{mp}	NT	0,83	0,50	0,48	0,70	0,16	0,61	0,49	0,57	0,73	0,60	0,60	0,34
	T	-	0,49	0,54	0,71	0,23	0,61	0,50	0,55	0,73	0,63	0,61	0,38
Acurácia	NT	0,91	0,70	0,69	0,84	0,40	0,78	0,70	0,75	0,85	0,77	0,77	0,58
	T	-	0,70	0,73	0,84	0,48	0,78	0,71	0,74	0,85	0,79	0,78	0,62
$h^2_{ajust.}$	NT	0,81	0,19	0,24	0,42	0,06	0,38	0,29	0,26	0,53	0,39	0,37	0,13
	T	-	0,18	0,27	0,44	0,10	0,39	0,30	0,25	0,53	0,42	0,39	0,14
$h^2_{ad.dentro}$	NT	0,76	0,15	0,19	0,35	0,05	0,31	0,23	0,21	0,46	0,32	0,30	0,10
	T	-	0,14	0,22	0,37	0,07	0,33	0,25	0,20	0,46	0,35	0,33	0,11
CV _{g.ind} (%)	NT	38,78	11,82	13,67	16,17	5,19	10,05	9,34	7,93	20,66	11,90	10,60	5,47
	T	-	1,38	7,59	4,11	1,66	3,90	6,10	1,91	23,19	7,91	2,78	1,46
CV _{g.prog} (%)	NT	19,39	5,91	6,84	8,08	2,59	5,03	4,67	3,96	10,33	5,95	5,30	2,73
	T	-	0,69	3,80	2,06	0,83	1,95	3,05	0,96	11,59	3,95	1,39	0,73
CV _{res} (%)	NT	17,31	11,92	14,18	10,56	11,72	8,10	9,52	6,94	12,60	9,81	8,74	7,66
	T	-	1,42	7,06	2,61	3,08	3,09	6,07	1,73	14,07	6,12	2,20	1,87
Média	NT	56,76	67,78	5046,56	75,73	87,36	32,83	29,03	1,15	15,25	9,77	9,75	31,76
	T	-	0,59	70,25	2,93	3,04	3,69	8,17	1,03	21,58	4,13	1,76	2,37
Correl. VG. Fam. (NT x T)		-	-0,99	0,99	0,98	0,99	1,00	1,00	0,99	1,00	0,99	0,99	0,99
Correl. VG.Ind. (NT x T)		-	-0,99	1,00	1,00	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Correl. Ef. Parc. (NT x T)		-	1,00	1,00	1,00	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	0,99	0,99	1,00
Correl. Ef. Bloc. (NT x T)		-	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00

¹Parâmetros genéticos: h^2_{ind} : herdabilidade dos efeitos aditivos individuais, h^2_{mp} : herdabilidade média da progênie, $h^2_{ajust.}$: herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela; $h^2_{ad.dentro}$: herdabilidade aditiva dentro de parcela; CV_{g.ind} (%): Coeficiente de variação genético aditivo individual; CV_{g.prog} (%): coeficiente de variação genético aditivo da família, CV_{res} (%): coeficiente de variação residual.

5. CAPÍTULO II: Correlações genóticas e análise de trilha em famílias de meios irmãos de couve de folhas

Correlações genotípicas e análise de trilha em famílias de meios irmãos de couve de folhas

Resumo – A seleção truncada para uma característica pode trazer consequências indesejáveis para as demais, pois pode haver associação entre características, sendo consequência de pleiotropia e/ou ligação dos genes. Assim, objetivou-se estudar as associações existentes entre características avaliadas em famílias de meios irmãos de couve por meio da correlação genotípica e análise de trilha, a fim de se conhecer as possíveis consequências da seleção truncada. Foram avaliadas 13 características em 24 famílias de meios irmãos de couve no delineamento em blocos casualizados com 4 repetições e 5 plantas por parcela. Como existem quatro características de maior interesse para o melhoramento genético de couve (altura de planta, número de brotações, número de folhas por planta e diâmetro do caule) foram feitas quatro análises de trilha, sendo que cada análise considerou uma destas características como variável dependente e as demais como variáveis explicativas. Constataram-se maiores estimativas de correlação genotípica entre os caracteres comprimento e largura do pecíolo, número de folhas e matéria fresca de folhas, e entre as características comprimento e largura de folhas. A seleção para o menor número de brotações pode ocasionar a redução do comprimento do pecíolo. A seleção para o maior número de folhas pode proporcionar o aumento da produção de massa fresca de folhas e redução da massa fresca por folha, o que é desejável na população avaliada. A seleção truncada para a altura de plantas ou diâmetro do caule pode não ocasionar alterações expressivas nas demais características avaliadas.

Palavras-Chave: *Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC., correlação genotípica, regressão em crista, melhoramento de plantas, seleção truncada.

Genotypic correlation and path analysis in kale half-sib families

Abstract - Truncated selection for a characteristic may bring undesirable consequences for the other characteristics, since there might be associations among them, as a result of pleiotropy and/or linkage. The objectives of this work were to study the associations between the characteristics evaluated in kale half-sib families by means of genotypic correlation and path analysis, in order to know the possible consequences of truncated selection. Thirteen characteristics were evaluated in 24 kale half-sib families in a randomized block design with four replications and 5 plants per plot. Since there are

four characteristics of greatest interest for kale genetic improvement (plant height, number of shoots, number of leaves per plant and stem diameter), four path analyses were carried out, and each one took into account one of these characteristics as dependent variable, and the others as explanatory variables. It was found higher estimates of genotypic correlation between petiole length and width, number of leaves and fresh weight of leaves, and between leaves length and width. Selection for the lowest number of shoots may reduce the petiole length. Selection for the highest number of leaves may increase the yield fresh weight of leaves, and reduce the fresh weight per leaf, which is desirable in this population. Truncated selection for plant height or stem diameter may not cause significant changes in other characteristics.

key words: *Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC., genotypic correlation, ridge path analysis, plant breeding, truncated selection.

5.1 Introdução

A couve (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC.) é uma das formas mais antigas da família das brassicáceas, é originada do leste do mediterrâneo e tem sido utilizada como cultura alimentar desde 2000 anos AC (Balkaya e Yanamaz, 2005). Desde o início do seu cultivo, conscientemente ou não, estas plantas vêm sendo selecionadas pelo homem, contudo, muito ainda deve ser feito para o melhoramento genético da cultura.

Segundo Ramalho et al. (2012), o objetivo final de qualquer programa de melhoramento é a obtenção de cultivares que superem com vantagens às pré-existentes. Ter vantagens adicionais só é possível se a nova variedade reunir simultaneamente uma série de fenótipos favoráveis para os caracteres de interesse. No melhoramento genético de couve tem se procurado selecionar genótipos com menor altura, menor número de brotações, maior número de folhas por planta e maior diâmetro do caule. Todas estas características poderão possibilitar para a cultura maior adensamento, maior rendimento por área e redução de tratos culturais como a desbrota e tutoramento, permitindo a maior rentabilidade da cultura (Azevedo et al., 2012; Azevedo et al., 2014).

Porém, a seleção truncada pode trazer consequências indesejáveis para as demais características de interesse agrônômico, pois pode haver associação entre características, sendo consequência de pleiotropia e/ou ligação dos genes (Falconer e Mackay; 1996). Desta forma, no melhoramento genético de couve torna-se necessário conhecer a associação existente entre as características, a fim de se identificar as possíveis

consequências da seleção para a altura de planta, número de brotações, número de folhas por planta e diâmetro do caule sobre as demais características de interesse agrônomo.

As associações existentes entre os caracteres são, em geral, avaliadas por meio das correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais (Cruz et al., 2012). A correlação fenotípica tem causas genéticas e ambientais, mas somente as genéticas envolvem associação de natureza herdável, podendo ser utilizada para orientar programas de melhoramento. Porém, a correlação estimada pode não representar a verdadeira associação entre dois caracteres, uma vez que uma alta ou baixa associação pode ocorrer por influência de um terceiro caráter ou conjunto de caracteres (Toebe e Cargnelutti Filho, 2013).

Neste sentido, o método estatístico da análise de trilha (“path analysis”) permite estudar mais detalhadamente as relações existentes entre as características, por meio da estimação de coeficientes que caracterizam a influência que um caráter exerce sobre o outro. Logo, a associação entre os caracteres pode ser desdobrada nos seus efeitos diretos e indiretos, tendo em vista um sistema causal que explica as inter-relações entre as variáveis (Teixeira et al., 2012).

Assim, objetivou-se estudar as associações existentes entre características avaliadas em famílias de meios irmãos de couve por meio da correlação genotípica e análise de trilha, a fim de se conhecer as possíveis consequências da seleção truncada nas principais características de interesse agrônomo.

5.2 Material e Métodos

O experimento foi conduzido no período de 26/01/2013 a 09/11/2013, na horta de pesquisa da Universidade Federal de Viçosa (UFV) – Horta Velha –, em Viçosa, MG (20°45'14"S; 42°52'53"W; 648,74 m de altitude). Segundo a classificação de Köppen, o clima regional é do tipo Cwa, com umidade relativa média anual do ar de 80%, temperatura média máxima e mínima anual registrada de 26,4 e 14,8°C, respectivamente, e precipitação média anual de 1.221,4 mm.

Foram avaliadas 24 famílias de meios irmãos de couve oriundas de clones do banco de germoplasma da UFVJM (Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri) utilizando-se o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e cinco plantas por parcela.

A semeadura foi realizada no dia 26/01/2013 em bandejas de poliestireno expandido contendo 128 células, em substrato comercial Plantmax Hortaliças®, acondicionadas em ambiente protegido, sob sombrite com 50% de sombreamento, realizando-se irrigações diárias. No dia 13/03/2013, as mudas foram transplantadas para canteiros com largura aproximada de 2,50 m e 0,30 m de altura, utilizando-se espaçamento de 1,00 x 0,50 m. As adubações de solo e cobertura foram realizadas de acordo com as recomendações para a cultura (Filgueira, 2008).

A partir do dia 13/04/2013 até o dia 09/11/2013, realizou-se colheitas de 14 em 14 dias, constituindo-se 15 avaliações, foram avaliados em 5 plantas por parcela: o número de brotações (quando as mesmas foram removidas), número de folhas comercializáveis, massa fresca de folhas comercializáveis e a massa fresca por folha. Foram consideradas como folha comercializável as folhas expandidas com comprimento do limbo foliar maior que 15 cm e sem sinais de senescência (Azevedo et al., 2012).

No dia 06/07/2013 foi avaliado a altura das plantas medindo-se a planta do nível do solo até a extremidade da folha mais alta com o auxílio de uma fita métrica graduada em centímetros e o diâmetro do caule (medido com paquímetro na metade da altura da planta). Na 5ª folha expandida mais nova de cada planta foi avaliado o comprimento e largura do limbo foliar (medido com régua graduada em centímetros), a razão entre o comprimento e largura do limbo foliar, o diâmetro do centro do pecíolo, a espessura da base do pecíolo em mm (medido com paquímetro), o comprimento do pecíolo (medido com régua graduada em centímetros a partir de sua inserção no caule até o início do limbo foliar) e as razões entre o comprimento da folha e comprimento do pecíolo. A 5ª folha expandida mais nova foi escolhida para fins de padronização na avaliação, pois esta folha sempre apresenta grau de desenvolvimento similar na maioria dos genótipos.

Para a obtenção da matriz de correlação genotípica, recorreu-se à metodologia indicada por Resende (2007) que visa a obtenção de valores genéticos aditivos das famílias para todas as características, e estimar a matriz de correlação entre os valores genéticos obtidos.

Como as características número de folhas comercializáveis, massa fresca de folhas, massa fresca por folha e número de brotações foram avaliadas em várias colheitas (medidas repetidas) foi utilizado o modelo estatístico $y = X\mu + Za + Wp + Ts + e$, em que: y é o vetor de dados, onde $y \sim N(X\mu, V)$, $V = ZA\sigma_a^2Z' + W\sigma_p^2W' + T\sigma_s^2T' + I\sigma_e^2$; A

é a matriz de parentesco entre os indivíduos; σ_a^2 é a variância genética aditiva; I é uma matriz identidade; σ_p^2 é a variância ambiental entre parcelas; σ_s^2 é a variância dos efeitos permanentes; σ_e^2 é a variância residual; m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), onde $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$; p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), sendo que $p \sim N(0, I\sigma_p^2)$; s é vetor dos efeitos permanentes (aleatórios), onde $s \sim N(0, I\sigma_s^2)$; e e é o vetor de erros (aleatórios), sendo $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Já para as demais características, que foram obtidas por uma única avaliação por planta, foi utilizado o modelo $y = Xr + Za + Wp + e$, em que: y é o vetor de dados, onde $y \sim N(Xr, V)$, $V = ZA\sigma_a^2Z' + WI\sigma_c^2W' + I\sigma_e^2$; σ_a^2 é a variância genética aditiva; σ_c^2 é a variância ambiental entre parcelas; σ_e^2 é a variância residual; r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), onde $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$; p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), onde $p \sim N(0, I\sigma_p^2)$; e e é o vetor de erros (aleatórios), sendo $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para a obtenção das estimativas dos valores genéticos e das correlações genotípicas utilizou-se o software SELEGEN (Resende, 2007).

Antes da análise de trilha, realizou-se o diagnóstico de multicolinearidade para a matriz de correlação genotípica. No estudo de multicolinearidade para a análise de trilha, deve-se analisar a matriz de correlação apenas entre as variáveis explicativas, a qual corresponde à matriz $X'X$. A presença de multicolinearidade foi verificada pela análise dos autovalores da matriz $X'X$, em que o grau de multicolinearidade foi estabelecido com base no número de condição (NC), que é a razão entre o maior e o menor autovalor da matriz. Considerou-se também como indicativo de multicolinearidade o fator de inflação da variância (FIV), o qual foi obtido para cada variável na diagonal inversa da matriz de correlação ($X'X$).

Depois de constatado moderado grau de multicolinearidade, foi utilizada a metodologia denominada de análise de regressão em crista ou em cumeeira (Carvalho, 1995). Neste método adiciona-se uma constante (k) à diagonal da matriz de correlação $X'X$, a fim de reduzir a variância associada ao estimador de mínimos quadrados da

análise de trilha. Para selecionar o melhor valor de k para minimizar a multicolinearidade, verificaram-se as estimativas dos efeitos diretos da análise de trilha (vetor \hat{B}^*), dos fatores de inflação da variância e do número de condição em função de vários valores de k. Considerou-se como melhor valor de k o menor valor que possibilitou a estabilização das estimativas do vetor \hat{B}^* , FIV inferior a 10 (Hair et al., 2009) e NC menor que 100 (Montgomery e Peck, 1981).

Como existem quatro características de maior interesse para o melhoramento genético de couve (altura de planta, número de brotações, número de folhas por planta e diâmetro do caule) foram feitas quatro análises de trilha, sendo que cada análise considerou uma destas características como variável dependente e as demais como variáveis explicativas. Desta forma, para a obtenção do vetor de efeitos diretos, recorreu-se à análise de trilha utilizando o método de regressão em crista pela seguinte expressão:

$$\hat{B}^* = (R_{xx} + Ik)^{-1} R_{xy}$$

Sendo: \hat{B}^* o vetor com as estimativas dos efeitos diretos; R_{xx} a matriz de correlação entre as variáveis explicativas; Ik o valor da constante k multiplicado pela matriz identidade com número de linhas e colunas igual ao número de variáveis explicativas; e R_{xy} o vetor de correlações entre a variável dependente e as variáveis explicativas.

O diagnóstico de multicolinearidade e análise de trilha foram obtidos a partir de programação no software R (R Development Core Team, 2013).

5.3 Resultados e discussão

As estimativas de correlações genóticas obtidas variaram entre -0,680 e 0,901 (Tabela 1). Constataram-se maiores valores das estimativas de correlação genotípica entre os caracteres comprimento e largura do pecíolo (0,901), sendo superior a encontrada por Azevedo et al. (2012) que encontrou correlação de 0,420 avaliando 30 acessos de couve. Altas estimativas também foram encontradas entre as características número de folhas e matéria fresca de folhas (0,749), e entre as características comprimento e largura de folhas (0,713). A estimativa de correlação entre as características comprimento e largura de folhas também foi superior a encontrada por Azevedo et al. (2012) que verificou estimativa de 0,420. As diferenças encontradas para as estimativas de correlação genotípica entre este trabalho e o de Azevedo et al. (2012) pode ser devido aos diferentes genótipos avaliados, diferentes condições

edafoclimáticas e diferença na condução do experimento, já que estes autores avaliaram plantas cultivadas em vasos.

Correlações positivas foram encontradas entre o diâmetro do caule e massa fresca de folhas (0,705), o que é desejável, pois além de plantas produtivas, têm-se interesse por plantas com maior diâmetro de caule, o que reduz a necessidade de tutoramento e diminui a perda de plantas por tombamento (Novo et al., 2010). A correlação negativa (-0,671) entre o número de brotações e a massa fresca de folhas também é desejável, pois se tem interesse em plantas com menor número de brotações e maior produção de massa fresca de folhas. Para as outras estimativas de correlação obtidas entre o diâmetro de caule, altura de plantas, número de brotações e número de folhas, as quais são consideradas como mais importante neste trabalho, foram encontradas menores estimativas de correlação (em módulo). Estimativas de correlação genética próximas de zero apontam a independência entre as características, o que indica que a seleção para uma característica pode não afetar a média da outra. Porém, para se conhecer as relações de causa e efeito, recomenda-se um estudo minucioso das estimativas de correlação, o que pode ser feito pela análise de trilha (Teixeira et al., 2012).

Segundo Borges et al. (2011), para um estudo mais detalhado das associações das características por meio da análise de trilha, é necessário detectar a presença ou não da multicolinearidade na matriz de correlação entre as variáveis explicativas (matriz $X'X$). Pois, em presença de multicolinearidade, as variâncias associadas a certos estimadores, como, por exemplo, os coeficientes de trilha, que medem os efeitos diretos de variáveis explicativas sobre uma principal, podem atingir valores demasiadamente elevados (Cruz et al.; 2014). Estes valores demasiadamente elevados são evidências de estimativas pouco confiáveis, e conseqüentemente, sem coerência com o fenômeno biológico estudado, o que foi verificado por Bizeti et al. (2004), Coimbra et al. (2005) e Toebe e Cargnelutti Filho (2013).

Na Tabela 2 verifica-se pelas estimativas do fator de inflação de variância (FIV) e número de condição (NC) multicolinearidade severa para as matrizes $X'X$. As características que mais contribuíram para a multicolinearidade foram a largura do limbo foliar, comprimento do limbo foliar e razão entre o comprimento e largura da (Tabela 2). A exclusão de uma destas características pode amenizar o problema de multicolinearidade (Toebe e Cargnelutti Filho, 2013), porém, por serem importantes para o melhoramento da couve, torna-se viável a adição de uma constante (K) na

diagonal principal da matriz $X'X$ antes de se realizar a análise de trilha, metodologia denominada de regressão em crista ou comunheira (Carvalho, 1995).

Na Figura 1, são apresentadas para as quatro análises de trilha estudadas, as estimativas de efeito direto, coeficiente de determinação, FIV e NC da matriz $X'X$ em função de valores de K no intervalo de 0 a 1. Segundo Cruz et al. (2014), quanto maior for o valor K mais viesadas serão as informações obtidas pela análise de trilha. Logo, foram selecionados os menores valores de K que proporcionaram a estabilização dos efeitos diretos, NC inferior a 100 e FIV inferior a 10. Encontram-se valores K de 0,0471, 0,0471, 0,0449 e 0,0477 para as análises de trilha considerando como variáveis básicas as características número de brotações, número de folhas, altura de planta e diâmetro do caule, respectivamente. Os valores de k utilizados neste trabalho são menores que os utilizados por Borges et al., (2011) e Toebe e Cargnelutti Filho (2013), porém foram eficientes para amenizar suficientemente os problemas de multicolinearidade (Tabela 2). Os menores valores de k utilizados neste trabalho podem ser consequência do menor grau de multicolinearidade da matriz $X'X$ ou do critério utilizado para a escolha do valor k.

Quando se considerou o número de brotações como variável básica verificou-se maior efeito direto para a característica comprimento do pecíolo (Tabela 3). Foi encontrada estimativa negativa para o efeito direto da matéria fresca de folhas sobre o número de brotações, o que é desejável, pois se tem interesse em reduzir o número de brotações e aumentar a matéria fresca de folhas. Porém este efeito foi menor que o efeito da variável residual, mostrando que estas características não são fortemente associadas.

Para a análise de trilha que considerou o número de folhas como variável básica, foram encontrados efeitos diretos superando o efeito da variável residual para as características massa fresca de folha e massa fresca por folha (Tabela 3). Estas associações estão com sentido desejado para o melhoramento da couve, pois além de se querer um maior número de folhas comercializáveis, é necessário também que haja maior produção de massa fresca de folha por planta e redução da massa fresca por folha. A redução da massa fresca por folha é desejável nesta população, já que a maioria das plantas avaliadas tem folhas de grande dimensão, as quais geralmente são mais espessas e duras, sendo de menor interesse comercial. Embora a massa fresca por folha seja a segunda característica com maior efeito direto sobre o número de folhas, a estimativa de correlação genética entre estas características foi baixa (-0,067). Este resultado segundo

Teixeira et al. (2012) demonstra que as estimativas de correlação podem induzir a erros, sendo indicado o estudo da análise de trilha.

Não foram encontradas estimativas de efeitos diretos e indiretos sobre a altura da planta superiores ao efeito da variável residual (Tabela 4), indicando que a seleção truncada para a altura de plantas pode não trazer conseqüências para as demais características. Porém, deve-se atentar ao baixo coeficiente de determinação desta análise (0,466), o que torna esta informação pouco conclusiva. A média para a altura de plantas neste experimento foi de 87 cm, sendo maior que o desejável pois, de acordo com Novo et al. (2010), a maioria das cultivares comercializada no Brasil é de porte variando de 40 – 80 cm, as quais são multiplicadas por brotações. Já as cultivares híbridas são ainda mais compactas, com altura de até 50 cm e multiplicadas por sementes.

Quando se considerou o diâmetro de caule como variável básica, verificou-se maior efeito direto da característica massa fresca de folha. A associação positiva entre estas características é desejável, pois se tem interesse em aumentar o diâmetro do caule e a massa fresca de folha (Novo et al., 2010).

Os coeficientes de determinação encontrados nas análises de trilhas foram baixos (Tabela 2 e 3), principalmente quando se considerou o diâmetro do caule (0,732) e a altura de plantas (0,489) como variáveis básicas. Isso pode ser justificado pelos modelos que não contemplaram todas as variáveis necessárias para explicar a variável básica. Outra justificativa pode ser a soma de constantes na diagonal da matriz $X'X$ que tende a reduzir o coeficiente de determinação e aumentar o valor do efeito da variável residual na análise de trilha, conforme pode ser verificado na Figura 2. De acordo com Borges et al. (2011) maiores estimativas do coeficiente de determinação são desejáveis, sendo que valores próximos ou igual à unidade (1,00), indicam que as variações na variável dependente são explicadas pelas variações das variáveis independentes.

5.4 Conclusões

A seleção para o menor número de brotações pode ocasionar a redução do comprimento do pecíolo.

A seleção para o maior número de folhas pode proporcionar o aumento da produção de massa fresca de folhas e redução da massa fresca por folha, o que é desejável na população avaliada.

A seleção truncada para a altura de plantas ou diâmetro do caule pode não ocasionar alterações expressivas nas demais características avaliadas.

5.5 Agradecimentos

Ao CNPq, FAPEMIG e CAPES pela concessão de bolsas de estudos e recursos financeiros para o desenvolvimento do projeto.

5.6 Referências bibliográficas

ALMEIDA FILHO, J.E. ; TARDIN, F.D.; RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F.; GRANATO, I.S.C.; MENEZES, C.B. Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. **Scientia Agricola**,v.71, p.146-150, 2014.

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; PEDROSA, C.E.; FERNANDES, J.S.C; VALADARES, N.R.; FERREIRA, M.R.A.; MARTINS, R.A.V. Desempenho agrônômico e variabilidade genética em genótipos de couve. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p.1751-1758, 2012.

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; PEDROSA, C.E.; VALADARES, N.R.; FERNANDES, J.S.C; FERREIRA, M.R.A.; MARTINS, R.A.V. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 32, p.51-57, 2014.

BALKAYA, A; YANMAZ, R. Promising kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) populations from Black Sea region, Turkey. **New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science**, V.33, P.1-7, 2005.

BIZETI, H.S.; CARVALHO, C.G.P. de; SOUZA, J.R.P. de; DESTRO, D. Path analysis under multicollinearity in soybean. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v.47, p.669-676, 2004.

BORGES, V.; SOUZA SOBRINHO, F.; LÉDO, F.J.S; KOPP, M.M. Associação entre caracteres e análise de trilha na seleção de progênies de meios-irmãos de *Brachiaria ruziziensis*. **Revista Ceres**, v.58, p.765-772, 2011

CARVALHO, S.P. de. **Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção sob multicolinearidade**. Viçosa: Editora UFV, 1995. 163p

COIMBRA, J.L.M.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A.; OLIVEIRA, A.C. de; CARVALHO, F.I.F.; GUIDOLIN, A.F.; SOARES, A.P. Consequências da multicolinearidade sobre a análise de trilha em canola. **Ciência Rural**, v.35, p.347-352, 2005.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Editora UFV, 2014. v.2, 668p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. V.1, 514p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburgh : Longman Group Limited, 1996. 464p.

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa: Editora UFV. 2008. 402p.

HAIR, J.F.; BLACK , W.C.; BABIN , B.J.; ANDERSON , R.E.; TATHAM , R.L. **Análise multivariada de dados**. 6.ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688p.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: J. Wiley, 1982. 504p.

NOVO, M.C.S.S.; PRELA-PANTANO, A.; TRANI, P.E.; BLAT, S.F. Desenvolvimento e produção de genótipos de couve manteiga. **Horticultura Brasileira**, v.28, p. 321-325, 2010.

R DEVELOPMENT CORE TEAM (2013). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.

TEIXEIRA, D.H.L.; OLIVEIRA, M.S.D.; GONÇALVES, F.M.A. NUNES, J.A.R. Correlações genéticas e análise de trilha para componentes da produção de frutos de açazeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, p.1135-1142, 2012.

TOEBE, M.; CARGNELUTTI FILHO, A. Não normalidade multivariada e multicolinearidade na análise de trilha em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.48, p.466-477, 2013.

Tabela 1. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre características avaliadas em 24 famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Carac. ¹	NB	NF	MFF	MFF/NF	ALT	CF	LF	CF/LF	CP	CF/CP	LP	EP	DC
NB	1,000	-0,491	-0,671	-0,386	0,103	-0,067	0,140	-0,302	0,506	-0,573	0,111	0,051	-0,395
NF	-0,491	1,000	0,749	-0,067	0,049	-0,315	-0,558	0,386	-0,381	0,184	-0,504	-0,507	0,376
MFF	-0,671	0,749	1,000	0,573	0,205	0,092	-0,074	0,262	-0,159	0,296	-0,185	-0,063	0,705
MFF/NF	-0,386	-0,067	0,573	1,000	0,218	0,498	0,551	-0,081	0,267	0,164	0,291	0,519	0,643
ALT	0,103	0,049	0,205	0,218	1,000	0,467	0,440	0,019	0,284	-0,018	-0,063	0,064	0,117
CF	-0,067	-0,315	0,092	0,498	0,467	1,000	0,713	0,296	0,446	0,270	0,286	0,402	0,271
LF	0,140	-0,558	-0,074	0,551	0,440	0,713	1,000	-0,453	0,602	-0,113	0,530	0,625	0,196
CF/LF	-0,302	0,386	0,262	-0,081	0,019	0,296	-0,453	1,000	-0,248	0,480	-0,370	-0,329	0,086
CP	0,506	-0,381	-0,159	0,267	0,284	0,446	0,602	-0,248	1,000	-0,680	0,384	0,346	0,033
CF/CP	-0,573	0,184	0,296	0,164	-0,018	0,270	-0,113	0,480	-0,680	1,000	-0,190	-0,037	0,232
LP	0,111	-0,504	-0,185	0,291	-0,063	0,286	0,530	-0,370	0,384	-0,190	1,000	0,901	0,271
EP	0,051	-0,507	-0,063	0,519	0,064	0,402	0,625	-0,329	0,346	-0,037	0,901	1,000	0,380
DC	-0,395	0,376	0,705	0,643	0,117	0,271	0,196	0,086	0,033	0,232	0,271	0,380	1,000

Características¹: Número de brotações (NB); Número de folhas (NF); Massa fresca de folhas (MFF); Matéria fresca por folha (MFF/NF); Altura da planta (ALT); Comprimento do Limbo foliar (CF); Largura do limbo foliar (LF); Razão entre o comprimento e largura do limbo foliar (CF/LF); Comprimento do pecíolo(CP); Largura do pecíolo (LP); Espessura do pecíolo (EP) e Diâmetro do caule (DC).

Tabela 2. Estudo da multicolinearidade da matriz de correlação genotípica entre variáveis explicativas (X²X) em função de valores k considerando diferentes características como variável básica no estudo de famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Carac.1	NB		NF		ALT		DC	
	k=0,000	k=0,047	k=0,000	k=0,047	k=0,000	k=0,0449	k=0,000	k=0,0477
Fator de inflação de variância								
NB	-	-	4,723	3,049	4,527	2,961	4,445	2,923
NF	21,035	6,799	-	-	22,911	7,136	19,241	6,168
MFF	27,337	7,574	9,159	4,694	26,301	8,023	27,331	7,712
MFF/NF	14,314	4,817	5,872	3,688	16,452	5,324	14,338	4,706
ALT	2,059	1,631	2,340	1,734	-	-	2,257	1,733
CF	276,692	9,186	276,815	9,178	274,690	9,299	230,780	9,054
LF	292,483	9,967	294,956	9,968	295,535	9,967	256,511	9,976
CF/LF	150,316	5,404	151,449	5,398	151,481	5,634	129,666	5,352
CP	11,076	5,106	14,247	6,024	13,138	6,018	13,382	5,975
CF/CP	11,997	4,699	12,015	4,672	11,239	4,708	11,778	4,647
LP	12,727	4,998	12,977	5,200	14,536	5,321	14,767	5,049
EP	16,597	5,924	17,335	6,014	17,463	6,102	17,386	5,925
DC	4,706	2,913	4,575	2,768	5,255	3,129	-	-
Autovalores da matriz de correlação (X ² X)								
λ_1	4,186	4,233	3,923	3,970	4,222	4,267	4,270	4,318
λ_2	3,000	3,047	3,237	3,284	3,438	3,482	2,934	2,982
λ_3	1,507	1,554	1,568	1,615	1,447	1,492	1,553	1,601
λ_4	1,423	1,470	1,206	1,253	1,228	1,273	1,332	1,380
λ_5	0,784	0,831	0,792	0,839	0,725	0,770	0,770	0,817
λ_6	0,542	0,589	0,528	0,575	0,384	0,429	0,541	0,588
λ_7	0,255	0,302	0,354	0,402	0,307	0,352	0,295	0,343
λ_8	0,182	0,229	0,223	0,270	0,134	0,178	0,197	0,245
λ_9	0,058	0,105	0,089	0,137	0,055	0,100	0,050	0,098
λ_{10}	0,046	0,093	0,041	0,088	0,042	0,087	0,038	0,086
λ_{11}	0,017	0,064	0,036	0,083	0,016	0,061	0,018	0,066
λ_{12}	0,001	0,048	0,001	0,048	0,001	0,046	0,002	0,049
Número de condição	3048,994	87,333	2867,171	81,910	3088,205	92,230	2674,788	87,585

Características: Número de brotações (NB); Número de folhas (NF); Massa fresca de folhas (MFF); Massa fresca por folha (MFF/NF); Altura da planta (ALT); Comprimento do Limbo foliar (CF); Largura do limbo foliar (LF); Razão do comprimento e largura do limbo foliar (CF/LF); Comprimento do pecíolo(CP); Razão do comprimento da folha pelo comprimento do pecíolo (CF/CP); Largura do pecíolo (LP); Espessura do pecíolo (EP) e Diâmetro do caule (DC).

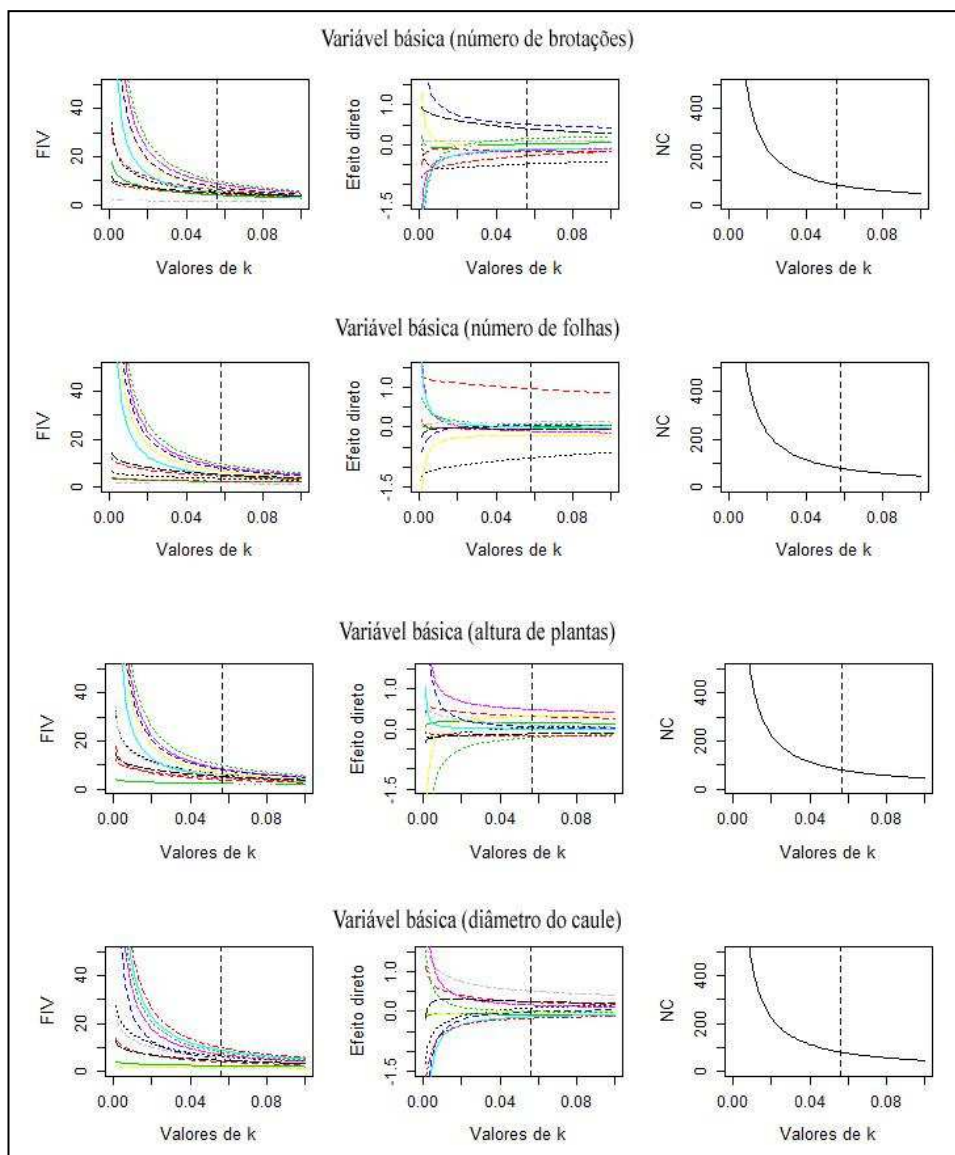


Figura 1. Estimativas dos fatores de inflação da variância (FIV), número de condição e efeitos diretos da análise de trilha em função de valores de K no estudo da multicolinearidade em famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Tabela 3. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos da análise de trilha com regressão em crista no estudo de meios irmãos de couve considerando o número de brotações e o número de folhas como variáveis básicas. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Variável básica: Número de brotações												
EI Via	Variáveis explicativas ¹											
	NF	MFF	MFF/NF	ALT	CF	LF	CF/LF	CP	CF/CP	LP	EP	DC
NF	-	-0,240	0,021	-0,016	0,101	0,179	-0,123	0,122	-0,059	0,161	0,162	-0,120
MFF	-0,293	-	-0,224	-0,080	-0,036	0,029	-0,103	0,062	-0,116	0,072	0,025	-0,276
MFF/NF	0,023	-0,200	-	-0,076	-0,174	-0,193	0,028	-0,093	-0,057	-0,102	-0,182	-0,225
ALT	0,011	0,045	0,048	-	0,102	0,096	0,004	0,062	-0,004	-0,014	0,014	0,025
CF	0,059	-0,017	-0,094	-0,088	-	-0,134	-0,056	-0,084	-0,051	-0,054	-0,076	-0,051
LF	0,109	0,014	-0,107	-0,086	-0,139	-	0,088	-0,117	0,022	-0,103	-0,122	-0,038
CF/LF	-0,029	-0,019	0,006	-0,001	-0,022	0,034	-	0,018	-0,036	0,027	0,024	-0,006
CP	-0,208	-0,087	0,146	0,155	0,244	0,329	-0,135	-	-0,372	0,210	0,189	0,018
CF/CP	-0,004	-0,006	-0,003	0,000	-0,006	0,002	-0,010	0,014	-	0,004	0,001	-0,005
LP	0,164	0,060	-0,094	0,020	-0,093	-0,172	0,120	-0,125	0,062	-	-0,292	-0,088
EP	-0,096	-0,012	0,099	0,012	0,076	0,119	-0,062	0,066	-0,007	0,171	-	0,072
DC	0,107	0,202	0,184	0,033	0,078	0,056	0,025	0,009	0,066	0,077	0,109	-
ED sobre NB	-0,320	-0,391	-0,350	0,218	-0,188	-0,195	-0,074	0,546	-0,021	-0,325	0,190	0,286
Corr. total	-0,491	-0,671	-0,386	0,103	-0,067	0,140	-0,302	0,506	-0,573	0,111	0,051	-0,395
R ²	0,734											
k	0,047											
P _e	0,516											
Variável básica: Número de folhas												
EI Via	Variáveis explicativas ¹											
	NB	MFF	MFF/NF	ALT	CF	LF	CF/LF	CP	CF/CP	LP	EP	DC
NB	-	0,096	0,055	-0,015	0,010	-0,020	0,043	-0,073	0,082	-0,016	-0,007	0,057
MFF	-0,461	-	0,394	0,141	0,064	-0,051	0,180	-0,109	0,203	-0,127	-0,043	0,485
MFF/NF	0,178	-0,265	-	-0,101	-0,230	-0,255	0,037	-0,123	-0,076	-0,134	-0,240	-0,297
ALT	0,009	0,017	0,018	-	0,039	0,037	0,002	0,024	-0,002	-0,005	0,005	0,010
CF	0,009	-0,012	-0,065	-0,061	-	-0,093	-0,039	-0,058	-0,035	-0,037	-0,052	-0,035
LF	-0,018	0,010	-0,072	-0,057	-0,093	-	0,059	-0,078	0,015	-0,069	-0,081	-0,025
CF/LF	-0,017	0,015	-0,005	0,001	0,017	-0,026	-	-0,014	0,028	-0,021	-0,019	0,005
CP	0,036	-0,011	0,019	0,020	0,032	0,043	-0,018	-	-0,048	0,027	0,025	0,002
CF/CP	0,037	-0,019	-0,011	0,001	-0,017	0,007	-0,031	0,044	-	0,012	0,002	-0,015
LP	-0,015	0,025	-0,040	0,009	-0,039	-0,073	0,051	-0,053	0,026	-	-0,124	-0,037
EP	-0,003	0,004	-0,031	-0,004	-0,024	-0,038	0,020	-0,021	0,002	-0,054	-	-0,023
DC	-0,094	0,168	0,154	0,028	0,065	0,047	0,021	0,008	0,055	0,065	0,091	-
ED sobre NF	-0,144	0,688	-0,462	0,084	-0,131	-0,130	0,057	0,071	-0,064	-0,138	-0,060	0,239
Corr. total	-0,491	0,749	-0,067	0,049	-0,315	-0,558	0,386	-0,381	0,184	-0,504	-0,507	0,376
R ²	0,907											
k	0,047											
P _e	0,305											

Variáveis¹: Número de brotações (NB); Número de folhas (NF); Massa fresca de folhas (MFF); Massa fresca por folha (MFF/NF); Altura da planta (ALT); Comprimento do Limbo foliar (CF); Largura do limbo foliar (LF); Razão do comprimento e largura do limbo foliar (CF/LF); Comprimento do pecíolo (CP); Razão do comprimento da folha pelo comprimento do pecíolo (CF/CP); Largura do pecíolo (LP); Espessura do pecíolo (EP) e Diâmetro do caule (DC). Coeficiente de determinação (R²), valor de k utilizado na análise (k) e efeito da variável residual (P_e).

Tabela 4. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos da análise de trilha com regressão em crista no estudo de meios irmãos de couve considerando a altura da planta e o diâmetro do caule como variáveis básicas. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Variável básica: Altura de plantas												
EI Via	Variáveis explicativas ¹											
	NF	MFF	MFF/NF	ALT	CF	LF	CF/LF	CP	CF/CP	LP	EP	DC
NF	-	-0.194	-0.265	-0.153	-0.026	0.055	-0.120	0.200	-0.227	0.044	0.020	-0.156
MFF	-0.165	-	0.251	-0.022	-0.106	-0.187	0.129	-0.128	0.062	-0.169	-0.170	0.126
MFF/NF	-0.266	0.297	-	0.227	0.037	-0.029	0.104	-0.063	0.117	-0.073	-0.025	0.280
ALT	0.048	0.008	-0.071	-	-0.062	-0.069	0.010	-0.033	-0.020	-0.036	-0.065	-0.080
CF	-0.031	-0.148	0.043	0.234	-	0.335	0.139	0.210	0.127	0.134	0.189	0.128
LF	0.077	-0.307	-0.041	0.303	0.393	-	-0.249	0.332	-0.062	0.292	0.344	0.108
CF/LF	-0.005	0.007	0.005	-0.001	0.005	-0.008	-	-0.004	0.009	-0.007	-0.006	0.002
CP	-0.166	0.125	0.052	-0.088	-0.146	-0.198	0.081	-	0.223	-0.126	-0.114	-0.011
CF/CP	0.132	-0.042	-0.068	-0.038	-0.062	0.026	-0.111	0.157	-	0.044	0.008	-0.054
LP	-0.031	0.141	0.052	-0.082	-0.080	-0.148	0.104	-0.108	0.053	-	-0.252	-0.076
EP	0.011	-0.105	-0.013	0.108	0.083	0.130	-0.068	0.072	-0.008	0.187	-	0.079
DC	0.086	-0.082	-0.154	-0.141	-0.059	-0.043	-0.019	-0.007	-0.051	-0.059	-0.083	-
ED sobre AP	0.396	0.336	0.396	-0.124	0.470	0.551	0.018	-0.328	-0.231	-0.280	0.207	-0.219
Corr. total	0.103	0.049	0.205	0.218	0.467	0.440	0.019	0.284	-0.018	-0.063	0.064	0.117
R ²	0.489											
k	0.045											
Pe	0.715											
Variável básica: Diâmetro do caule												
EI Via	Variáveis explicativas ¹											
	NB	MFF	MFF/NF	ALT	CF	LF	CF/LF	CP	CF/CP	LP	EP	DC
NB	-	-0.141	-0.192	-0.111	0.029	-0.019	0.040	-0.087	0.145	-0.164	0.032	0.015
MFF	-0.262	-	0.400	-0.036	0.026	-0.168	-0.298	0.206	-0.203	0.098	-0.269	-0.271
MFF/NF	-0.202	0.225	-	0.172	0.062	0.028	-0.022	0.079	-0.048	0.089	-0.056	-0.019
ALT	-0.148	-0.026	0.220	-	0.084	0.191	0.211	-0.031	0.102	0.063	0.112	0.199
CF	-0.012	-0.006	-0.025	-0.026	-	-0.056	-0.053	-0.002	-0.034	0.002	0.008	-0.008
LF	-0.014	-0.067	0.020	0.106	0.099	-	0.152	0.063	0.095	0.057	0.061	0.085
CF/LF	-0.004	0.017	0.002	-0.016	-0.013	-0.021	-	0.014	-0.018	0.003	-0.016	-0.019
CP	0.021	-0.027	-0.018	0.006	-0.001	-0.020	0.031	-	0.017	-0.033	0.025	0.023
CF/CP	-0.060	0.045	0.019	-0.032	-0.034	-0.053	-0.072	0.030	-	0.081	-0.046	-0.041
LP	-0.052	0.017	0.027	0.015	-0.002	0.024	-0.010	0.044	-0.062	-	-0.017	-0.003
EP	0.031	-0.142	-0.052	0.082	-0.018	0.081	0.150	-0.105	0.109	-0.054	-	0.255
DC	0.008	-0.079	-0.010	0.081	0.010	0.063	0.098	-0.052	0.054	-0.006	0.141	-
ED sobre DC	0.287	0.534	0.301	0.383	-0.121	0.213	-0.030	-0.069	-0.119	0.091	0.283	0.157
Corr. total	-0.395	0.376	0.705	0.643	0.117	0.271	0.196	0.086	0.033	0.232	0.271	0.380
R ²	0.732											
k	0.048											
Pe	0.518											

Variáveis¹: Número de brotações (NB); Número de folhas (NF); Massa fresca de folhas (MFF); Massa fresca por folha (MFF/NF); Altura da planta (ALT); Comprimento do Limbo foliar (CF); Largura do limbo foliar (LF); Razão do comprimento e largura do limbo foliar (CF/LF); Comprimento do pecíolo(CP); Razão do comprimento da folha pelo comprimento do pecíolo (CF/CP); Largura do pecíolo (LP); Espessura do pecíolo (EP) e Diâmetro do caule (DC). Coeficiente de determinação (R²), valor de k utilizado na análise (k) e efeito da variável residual (P_e).

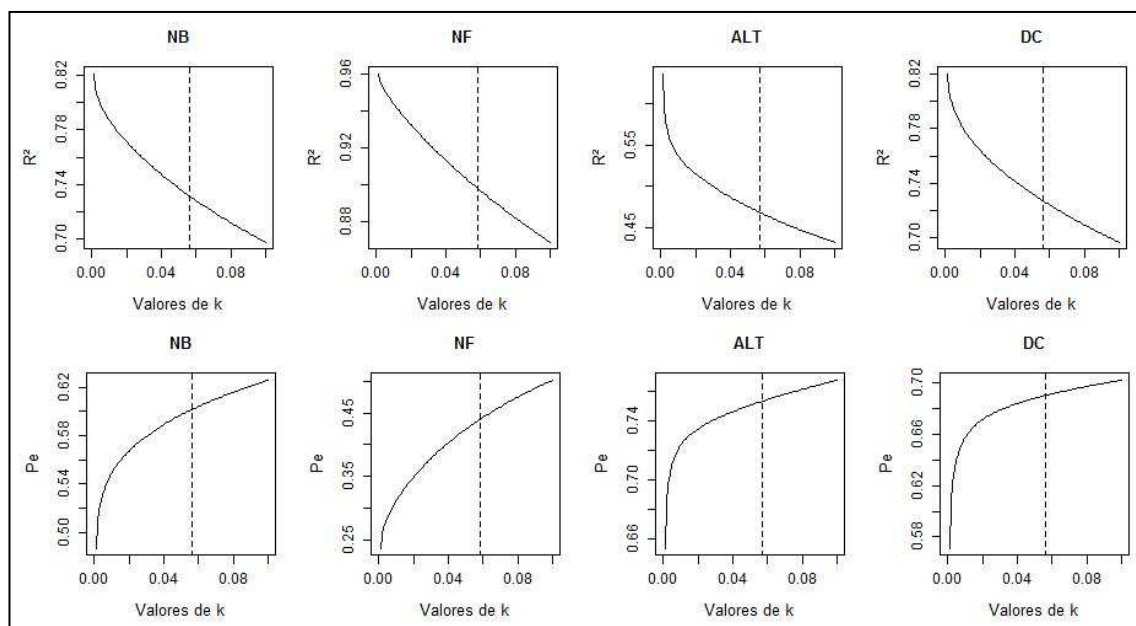


Figura 2. Estimativas do coeficiente de determinação (R^2) e do efeito da variável residual (Pe) para a análise de trilha em função de valores de K considerando como variáveis básicas as características número de brotações (NB), número de folhas (NF), altura de plantas (ALT) e diâmetro do caule (DC) avaliadas em famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

6. CAPÍTULO III: Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção em famílias de meios irmãos de couve via REML/BLUP

Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção em famílias de meios irmãos de couve via REML/BLUP

Resumo – O uso de REML/BLUP permite a predição acurada e não viesada dos valores genéticos mesmo sob desbalanceamento, propiciando estimativas mais precisas dos componentes de variância e dos valores genéticos individuais. Desta forma, objetivou-se obter estimativas de parâmetros genéticos e valores genéticos aditivos individuais em famílias de meios irmãos de couve via REML/BLUP, além de estimar ganhos esperados com a seleção truncada e simultânea. Foram avaliadas nove características em 24 famílias de meios irmãos de couve no delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e cinco plantas por parcela. Não verificou-se significância para o efeito de família para a altura de plantas e diâmetro do caule. Houve maior predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais para as características número de brotações, número de folhas, massa fresca de folhas e comprimento de folhas, o que é desejável. A seleção truncada para menor massa fresca por folha ocasiona ganhos indiretos indesejáveis para o número de brotação, número de folhas e massa fresca de folhas. A seleção truncada para o número de folhas proporciona ganhos de seleção indiretos favoráveis para todas as características. O uso do índice de seleção baseada na média dos ranks indica a viabilidade da seleção simultânea para o melhoramento genético da população estudada.

Palavras chave: *Brassica oleracea L. var. acephala DC.*; melhoramento genético, índice de seleção, valor genético individual, modelos mistos.

Genetic parameters and gains with selection in kale half-sib families through REML/ BLUP

Abstract - The use of REML/BLUP enables accurate and unbiased prediction of genetic values even when they are unbalanced, providing more accurate estimates of variance components and of individual genetic values. Thus, the objectives of this study were to obtain estimates of genetic parameters and individual genetic additive values in kale half-sib through REML/BLUP, and to estimate expected gains from truncated and simultaneous selection. Nine characteristics were evaluated in 24 kale half-sib families in a randomized block design with four replications and five plants per plot. There was no significance of family effect for plant height and stem diameter. Genetic effects were higher than environmental effects for number of shoots, number of leaves, fresh weight of leaves and leaf length, which is desirable. Truncated selection for lower fresh weight

of leaves results in undesirable indirect gains for number of shoots, number of leaves and fresh weight of leaves. Truncated selection for the number of leaves provides favorable indirect selection gains for all characteristics. The use of the selection index based on the mean of ranks indicates the feasibility of simultaneous selection for genetic improvement of the population studied.

Key Words: *Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC., genetic improvement, selection index, individual genetic value, mixed models.

6.1 Introdução

A couve (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC.) é de grande importância nutracêutica para prevenção de aterosclerose, doenças cardiovasculares, degenerativas e alguns tipos de câncer (Vilar et al. 2008; Länneppää, 2014). Suas propriedades nutracêuticas devem-se às propriedades antioxidantes, alto teor de glucosinolatos, flavonóides, vitaminas e nutrientes (Moreno et al., 2006; Vilar et al., 2008). Segundo Azevedo et al. (2012) o melhoramento genético de couve tem procurado selecionar genótipos com menor altura, menor número de brotações, maior diâmetro do caule e maior número de folhas, para facilitar os tratos culturais e aumentar o rendimento por área.

A espécie é alógama devido à auto-incompatibilidade do tipo esporofítica (Azevedo, et al. 2012), apresenta depressão por endogamia (Thompson e Howard, 1958), com redução no tamanho e número de folhas, o que pode ser restaurada com a obtenção de híbridos, possibilitando heterose na produtividade de folhas (Johnston, 1963).

Em programas de melhoramento o sucesso depende da variação genética disponível na população, e, sobretudo, do valor relativo desta perante a variação ambiental. Além disso, deve-se ter médias altas para as características de interesse. Assim, experimentos com testes de progênies são importantes para o trabalho do melhorista, e têm sido utilizados na estimação de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos superiores por modelos lineares mistos (Resende, 2007).

Para a avaliação por modelos mistos, a técnica de máxima verossimilhança restrita (REML) tem sido utilizada com maior frequência, permitindo estimar os componentes de variância. Com a precisão das estimativas e disponibilidade do REML, há a viabilidade do uso do procedimento de melhor predição linear não viesada (BLUP) (Resende, 2007; Atroch et al., 2010). Essa abordagem (REML/BLUP) permite a

predição acurada e não viesada dos valores genéticos mesmo sob desbalanceamento e possibilita o uso simultâneo das informações do indivíduo e da família, o que proporciona estimativas mais precisas dos componentes da variação genética e dos valores genéticos individuais (Henderson, 1984; Resende, 2007; Atroch et al., 2010; Pereira et al., 2013).

Desta forma, objetivou-se obter estimativas de parâmetros genéticos e valores genéticos aditivos individuais em famílias de meios irmãos de couve via REML/BLUP, além de estimar ganhos esperados com a seleção truncada e simultânea.

6.2 Material e Métodos

O experimento foi conduzido no período de 26/01/2013 a 09/11/2013, na horta de pesquisa da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, MG (20°45'14"S; 42°52'53"W; 648,74 m de altitude). Segundo a classificação de Köppen, o clima regional é do tipo Cwa, com umidade relativa média anual do ar de 80%, temperatura média máxima e mínima anual registrada de 26,4 e 14,8°C, respectivamente, e precipitação média anual de 1.221,4 mm.

Foram avaliadas 24 famílias de meios irmãos de couve oriundas de acessos do banco de germoplasma da UFVJM (Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri) utilizando-se o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e cinco plantas por parcela.

A semeadura foi realizada no dia 26/01/2013 em bandejas de poliestireno expandido contendo 128 células, em substrato comercial Plantmax Hortaliças®. As bandejas foram acondicionadas em ambiente protegido, sob sombrite com 50% de sombreamento, realizando-se irrigações diárias. No dia 13/03/2013, as mudas foram transplantadas para canteiros com largura aproximada de 2,50 m e 0,30 m de altura, utilizando-se espaçamento de 1,00 x 0,50 m. As adubações de solo e cobertura foram realizadas de acordo com as recomendações para a cultura (Filgueira, 2008).

Foram avaliadas o número de brotações (quando as mesmas foram removidas), número de folhas comercializáveis, massa fresca de folhas comercializáveis por planta e a massa fresca por folha, obtida pela razão entre a massa fresca de folhas e o número de folhas comercializáveis. Estas avaliações basearam-se em 15 colheitas realizadas de 14 em 14 dias no período de 13/04/2013 até o dia 09/11/2013. Foram consideradas como folha comercial folhas completamente expandidas com comprimento do limbo foliar maior que 15 cm e sem sinais de senescência (Azevedo et al., 2012).

No dia 06/07/2013 foi avaliado a altura das plantas medindo-se a planta do nível do solo até a extremidade da folha mais alta (com o auxílio de uma fita métrica graduada em centímetros) e o diâmetro do caule (medido com paquímetro na metade da altura da planta). Na 5ª folha expandida mais nova de cada planta foi avaliado o comprimento e largura do limbo foliar (medido com régua graduada em centímetros) e o comprimento do pecíolo (medido com régua graduada em centímetros a partir de sua inserção no caule até o início do limbo foliar). A 5ª folha expandida mais nova foi escolhida para fins de padronização na avaliação, pois esta folha sempre apresenta grau de desenvolvimento similar na maioria dos genótipos.

Para as características número de brotações, número de folhas comercializáveis, massa fresca de folhas por planta e massa fresca por folha, as quais foram avaliadas em várias colheitas (medidas repetidas), foi utilizado o modelo estatístico $y = Xm + Za + Wp + Ts + e$, em que: y é o vetor de dados observados, onde $y \sim N(Xm, V)$, $V = ZA\sigma_a^2Z' + WI\sigma_p^2W' + TI\sigma_s^2T' + I\sigma_e^2$, A é a matriz de parentesco entre os indivíduos, σ_a^2 é a variância genética aditiva, I é uma matriz identidade, σ_p^2 é a variância ambiental entre parcelas, σ_s^2 é a variância dos efeitos permanentes e σ_e^2 é a variância residual; m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), onde $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$; p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), sendo que $p \sim N(0, I\sigma_p^2)$; s é vetor dos efeitos permanentes (aleatórios), onde $s \sim N(0, I\sigma_s^2)$; e e é o vetor de erros (aleatórios), sendo $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Já para as demais características, que foram obtidas por uma única avaliação por planta, foi utilizado o modelo $y = Xr + Za + Wp + e$, em que: y é o vetor de dados, onde $y \sim N(Xr, V)$, $V = ZA\sigma_a^2Z' + WI\sigma_c^2W' + I\sigma_e^2$, σ_a^2 é a variância genética aditiva, σ_c^2 é a variância ambiental entre parcelas, e σ_e^2 é a variância residual; r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), sendo $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$; p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), onde $p \sim N(0, I\sigma_p^2)$; e e é o vetor de erros (aleatórios), sendo

$e \sim N(0, I \sigma_e^2)$. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os componentes de variância foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita e as soluções para as equações de modelo misto foram obtidas pelo método iterativo da esperança e maximização com o auxílio do software SELEGEN. As expressões estatísticas para a estimativa de componentes de variância, parâmetros genéticos, valores genéticos aditivos individuais, e ganhos de seleção são apresentadas por Resende (2007).

6.3 Resultados e discussão

Para a altura de plantas e diâmetro do caule não se verificou significância ao nível de 5% pelo teste F para o efeito de família (Tabela 1), indicando dificuldade para o melhoramento genético destas características na população estudada. Consequentemente, estas características tiveram menores estimativas para as herdabilidades, coeficientes de variação genético e coeficiente de variação relativo. Estes resultados se diferem dos obtidos por Azevedo et al (2012) que além de encontrar significância ao nível de 1% pelo teste F para o efeito de genótipos encontraram herdabilidade no sentido amplo superiores a 0,90 e coeficiente de variação relativo superiores a 0,97 para estas características. Estas diferenças podem ser justificadas pelo fato destes autores terem avaliado clones, o que possibilitou maior uniformidade para os tratamentos. Além disso, estes autores avaliaram também cultivares comerciais, as quais possuem características morfológicas bastante distintas dos clones (Azevedo et al., 2014), o que pode ter contribuído para maior variabilidade genética.

A altura média encontrada para as plantas foi de 87,21 cm. Este valor é maior que o desejável pois, de acordo com Novo et al. (2010), a maioria das cultivares comercializadas no Brasil é de porte variando de 40 a 80 cm, as quais são multiplicadas por brotações. Já as cultivares híbridas são ainda mais compactas, com altura de até 50 cm e multiplicadas por sementes. O valor médio encontrado para o diâmetro de caule foi de 31,67 mm, sendo que o desejável são valores entre 40 e 50 mm. A redução da altura de plantas e aumento do diâmetro do caule em couve é desejável, pois pode-se diminuir a perda de plantas por tombamento e a necessidade de tutoramento, facilitando os tratos culturais.

As estimativas encontradas para a média geral para a massa fresca de folhas por colheita (350,35 g) equivalem ao total de 105 t/ha ao longo de oito meses de colheita.

Esta produtividade é 3,14 vezes maior que a produtividade citada por Carvalho et al. (2013) para o estado de São Paulo (33,4 t/ha). Esta alta produtividade indica o potencial desta população para o melhoramento genético.

Para todas as características avaliadas verificou-se coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}) de baixa magnitude, com estimativas inferiores a 0,06. Baixas estimativas para o c^2_{parc} revela que o delineamento experimental empregado foi ótimo, pois indica que a variabilidade entre parcelas dentro de blocos e correlação ambiental entre observações dentro de parcelas foram pequenas (Sturion e Resende, 2004), não permanecendo heterogeneidade ambiental dentro dos blocos (Resende, 2007).

Para as estimativas de acurácia, as características número de brotações, número de folhas, massa fresca de folhas, comprimento das folhas, largura da folha e comprimento do pecíolo tiveram estimativas superiores a 0,70. A acurácia pode ser interpretada como a correlação entre os valores preditos e os verdadeiros, desta forma, altas estimativas de acurácia indicam a adequação do número de repetições, do delineamento experimental e do modelo estatístico utilizado (Resende 2007). Para as características cujas avaliações são obtidas por várias colheitas, a eficiência na discriminação entre os genótipos depende da herdabilidade, da repetibilidade do caráter, da quantidade de avaliações e dos procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos (Della Bruna, et al., 2012). Segundo Ramalho et al. (2012), a acurácia é uma informação mais importante para os melhoristas que o coeficiente de variação experimental, sendo indicativo da qualidade do experimento e da confiabilidade das informações experimentais.

Para as características avaliadas várias vezes durante o ciclo da planta foram obtidos coeficientes de determinação de média magnitude (Atroch et al., 2010). Desta forma, a variação ambiental permanente, de uma colheita para a outra, é existente. Os valores encontrados para o coeficiente de repetibilidade individual foi de magnitude média (Resende, 2002). O conhecimento do coeficiente de repetibilidade das características permite avaliar o dispêndio de tempo necessário para que a seleção de indivíduos geneticamente superiores seja feita com a acurácia desejada (Resende, 2007). As menores estimativas de repetibilidade foram encontrados para a característica massa fresca por folha, indicando a necessidade de um maior número de avaliações quando comparado com o número de folhas comercializáveis, que teve a maior estimativa de repetibilidade.

As maiores estimativas do coeficiente de variação relativa (CV_r) foram encontradas para as características número de brotações, número de folhas comercializáveis, massa fresca de folhas, comprimento de folhas e comprimento do pecíolo, com estimativas variando de 0,64 a 0,85 para o CV_{r1} (entre) e de 1,28 a 1,70 para o CV_{r2} (dentro). Este parâmetro corresponde à predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais, quando são desejadas estimativas superiores a uma unidade, indicando maior possibilidade de se obterem ganhos genéticos com a seleção (Cruz et al., 2014).

Uma vantagem da seleção individual pelo procedimento BLUP é que esta metodologia considera também as informações de parentes (informação da família), fato que propicia uma razoável acurácia seletiva (Oliveira et al., 2004). Os valores genéticos aditivos individuais, ganhos genéticos de seleção predito e tamanho efetivo populacional para as características cujo o efeito de famílias foi significativo são apresentados nas tabelas 2 e 3. Entre todas as características, o número de brotações foi a que possibilitou o maior ganho de seleção, -69,73, -59,68 e -41,72 % para a seleção de 7,5, 15 e 30% dos melhores indivíduos, respectivamente. O número de brotações em couve também esteve entre as características com maior estimativa de ganho de seleção por Azevedo et al. (2012). Segundo estes autores, a seleção de genótipos com menor número de brotações é de interesse das empresas produtoras de sementes, para reduzir o potencial de propagação vegetativa da planta, o que garante a venda contínua de sementes. Outra vantagem do menor número de brotações consiste na redução dos tratos culturais como a desbrota, o que reduz os custos com mão de obra para a produção comercial de folhas.

Embora o uso de uma menor porcentagem de plantas selecionadas proporcione maior ganho com a seleção é necessário se atentar ao tamanho efetivo populacional, a fim de se evitar a redução da endogamia na população em melhoramento (Atroch et al., 2010). Todas as características apresentaram estimativas satisfatórias para o ganho de seleção, apontando possibilidade de sucesso para o melhoramento genético. As características com menor estimativa de ganho de seleção foram o comprimento e largura da folha. A média para o comprimento de folhas encontradas nesta pesquisa foi de 32,78 cm, sendo superior ao comprimento desejado do ponto de vista comercial, que segundo Filgueira (2008) é de 25 a 30 cm.

O efeito da seleção truncada nas demais características é apresentado na Tabela 4 considerando a porcentagem de seleção de 15 e 30%. Verifica-se que a seleção

truncada em qualquer característica avaliada, proporciona a redução do comprimento do limbo foliar, largura do limbo foliar e comprimento do pecíolo, o que é desejável. Quanto à seleção para o maior número de folhas, observaram-se estimativas de ganho indireto em sentido favorável para todas as características. Já a seleção para a menor massa fresca por folha ocasionaria o aumento do número de brotações e redução do número de folhas e massa fresca de folhas, o que é indesejável. A redução da massa fresca por folha é necessária nesta população, já que uma parte plantas avaliadas tem folhas de grande dimensão, as quais são geralmente espessas e duras, sendo de menor interesse comercial.

Embora as estimativas de ganho de seleção truncada indiquem o potencial da população para o melhoramento genético, a seleção de indivíduos é baseada em várias características simultaneamente, sendo importante o uso de índices de seleção (Cruz et al., 2014). Os índices de seleção são geralmente utilizados com o propósito de escolher genótipos superiores, com base em um complexo de variáveis que reúna atributos de interesse do melhorista, de modo a resultar em melhores ganhos simultâneos (Freitas et al., 2013). Assim, foi utilizado índice de seleção com base na média de ranks (Mulamba e Mock, 1978) cujos resultados são apresentados na tabela 4. Para o ganho de seleção baseada na média dos ranks verificam-se estimativas inferiores às encontradas pela seleção truncada, mas com estimativas bastante favoráveis para todas as características, apontando a viabilidade da seleção silmutânea.

6.4 Conclusões

- 1) Há possibilidade de sucesso com o melhoramento genético para todas as características, exceto para a altura de plantas e diâmetro do caule.
- 2) Houve maior predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais para as características número de brotações, número de folhas, massa fresca de folhas e comprimento de folhas, possibilitando maiores estimativas para o ganho com a seleção.
- 3) A seleção truncada para menor massa fresca por folha ocasiona ganhos indiretos indesejáveis para o número de brotação, número de folhas e massa fresca de folhas.
- 4) A seleção truncada para o número de folhas proporciona ganhos de seleção indiretos favoráveis para todas as características.
- 5) O índice de seleção baseada na média dos ranks indica a viabilidade da seleção simultânea.

6.5 Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do estado de Minas Gerais (FAPEMIG), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsas de estudos e recursos financeiros para o desenvolvimento do projeto.

6.6 Referências

ATROCH, A.L.; NASCIMENTO FILHO, F.J.; RESENDE, M.D.V.; LOPES, R.; CLEMENT, C.R. Avaliação e seleção de progênies de meios-irmãos de guaranazeiro. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 2, p. 123-130, 2010.

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; PEDROSA, C.E.; FERNANDES, J.S.C; VALADARES, N.R.; FERREIRA, M.R.A.; MARTINS, R.A.V. Desempenho agrônômico e variabilidade genética em genótipos de couve. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p.1751-1758, 2012.

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; PEDROSA, C.E.; VALADARES, N.R.; FERNANDES, J.S.C; FERREIRA, M.R.A.; MARTINS, R.A.V. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 32, p.51-57, 2014.

CARVALHO, C. et al. **Anuário brasileiro de hortaliças 2013**. Santa Cruz do Sul : Editora Gazeta Santa Cruz, 2013. 88 p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Editora UFV, 2014. v.2, 668p.

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

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa: Editora UFV. 2008. 402p.

FREITAS, I.L.J.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; VIANA, A.P.; PENA, G.F.; CABRAL, P.D.S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T.R.C. Ganho genético avaliado com índices de

seleção e com REML/BLUP em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, p. 1464-1471, 2013.

HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984.

JOHNSTON, T.D. Inbreeding and hybrid production in marrow-stem kale (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* D.C.) 1. The effects of inbreeding and the performance of F₁ hybrids. **Euphytica**, v.14, p.119–123, 1963.

LÄNNENPÄÄ, M. Heterologous expression of *AtMYB12* in kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) leads to high flavonol accumulation. **Plant Cell Reports**, v.33, p.1377-1388, 2014.

MORENO, D.A.; CARVAJAL, M.; LOPEZ-BERENGUER, C.; GARCIA-VIGUERA, C. Chemical and biological characterization of nutraceutical compounds of broccoli. **Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis**, v.41, p.1508-1522, 2006.

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

NOVO, M.C.S.S.; PRELA-PANTANO, A.; TRANI, P.E.; BLAT, S.F. Desenvolvimento e produção de genótipos de couve manteiga. **Horticultura Brasileira**, v.28, p. 321-325, 2010.

OLIVEIRA, V.R.; RESENDE, M.D.V.; NASCIMENTO, C.E.S.; DRUMOND, M.A.; SANTOS, C.A.F. Variabilidade genética de procedências e progênies de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revisão Brasileira Fruticultura**, v. 26, p.53-56, 2004.

PEREIRA, T.B.; FELICORI, J.P.C.; BOTELHO, C.E.; RESENDE, M.D.V.; REZENDE, J.C.; MENDES, A.N.G. . Eficiência da seleção de progênies de café F₄ pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Bragantia**, v.72, p.230-236, 2013.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Floresta; Brasília: Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.

STURION, J. A.; RESENDE, M.D.V. Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.50, p.3-10. 2004.

THOMPSON, K.F.; HOWARD, H.W. Self-incompatibility in marrow-stem kale, *Brassica oleracea* var. *acephal*.II Methods for the recognition in inbred lines of plants homozygous for s alleles. **Journal of Genetics**, v.56, pp 325-340, 1958.

VILAR, M.; CARTEA, M.E.; PADILLA, G. The potential of kales as a promising vegetable crop. **Euphytica**, v.159, p.153-165, 2008.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos para nove características avaliadas em famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Parâmetro ¹	NB	NF	MFF	MFF/NF	ALT	CF	LF	CP	DC
h^2_a	0,28	0,27	0,24	0,10	0,07	0,37	0,28	0,52	0,12
r	0,51	0,72	0,59	0,27	-	-	-	-	-
h^2_{aj}	0,36	0,49	0,37	0,12	0,08	0,39	0,30	0,53	0,13
c^2_{parc}	0,00	0,01	0,03	0,03	0,06	0,05	0,08	0,01	0,05
c^2_{perm}	0,23	0,43	0,32	0,14	-	-	-	-	-
h^2_{mp}	0,66	0,71	0,62	0,35	0,23	0,62	0,53	0,74	0,33
Ac_{prog}	0,81	0,84	0,79	0,59	0,48	0,79	0,73	0,86	0,58
h^2_{ad}	0,29	0,42	0,31	0,09	0,06	0,32	0,25	0,45	0,10
CV_{gi} (%)	38,58	18,90	21,93	14,61	6,06	10,26	9,81	21,02	5,46
CV_{gp} (%)	19,29	9,45	10,97	7,30	3,03	5,13	4,90	10,51	2,73
CV_e (%)	27,95	12,07	17,08	19,90	11,07	7,96	9,20	12,35	7,70
CV_{r1} (CV_{gi}/CV_e)	1,38	1,57	1,28	0,73	0,55	1,29	1,07	1,70	0,70
CV_{r2} (CV_{gp}/CV_e)	0,69	0,78	0,64	0,37	0,27	0,65	0,53	0,85	0,35
Média	3,77	4,86	350,35	72,93	87,21	32,78	28,92	15,16	31,67

¹Herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a); Repetibilidade individual (r); Herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela (h^2_{aj}); Coeficiente de determinação dos efeitos das parcelas (c^2_{parc}); Coeficiente de determinação dos efeitos permanentes (c^2_{perm}); herdabilidade da média de famílias (h^2_{mp}); acurácia da seleção de famílias (Ac_{prog}); herdabilidade aditiva dentro de parcela (h^2_{ad}); Coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}); Coeficiente de variação genética entre famílias (CV_{gp}); Coeficiente de variação experimental (CV_e); Coeficiente de variação relativo 1 (CV_{r1}); Coeficiente de variação relativo 2 (CV_{r2}). Características: Número de brotações (NB), Número de folhas comercializáveis (NF); Massa fresca de folhas (MFF); Massa fresca por folha (MFF/NF), Altura de plantas (AP), Comprimento do limbo foliar (CF), Largura do limbo foliar (LF), Comprimento do pecíolo (CP) e Diâmetro do caule (DC).

Tabela 2. Valores genéticos aditivos individuais (u+a) e ganho de seleção (GS%) com a seleção dos melhores indivíduos para quatro caracteres avaliados em famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

IS(%) ¹	Número de brotações				Número de folhas				Massa fresca de folhas				Massa fresca por folha			
	Ordem	Indiv	u+a	GS (%)	Ordem	Indiv	u+a	GS (%)	Ordem	Indiv	u+a	GS (%)	Ordem	Indiv	u+a	GS (%)
0,2	1	F12B1P5	0,61	-83,82	1	F18B3P3	7,73	58,81	1	F22B1P5	609,07	73,09	1	F23B1P2	54,68	-25,18
0,5	2	F22B1P1	0,71	-82,56	2	F8B4P2	6,87	49,97	2	F18B1P1	520,95	60,56	2	F11B3P5	54,69	-25,17
0,7	3	F8B1P2	0,75	-81,71	3	F18B1P1	6,77	46,32	3	F8B2P1	509,45	55,30	3	F6B2P3	55,37	-24,86
1,0	4	F22B1P5	0,76	-81,27	4	F24B1P5	6,65	43,91	4	F18B3P3	508,35	52,59	4	F11B1P1	55,78	-24,56
1,2	5	F8B3P2	0,77	-80,92	5	F12B3P2	6,65	42,44	5	F14B1P5	500,93	50,54	5	F13B1P1	56,23	-24,26
1,5	6	F14B1P1	0,93	-80,01	6	F11B3P4	6,62	41,37	6	F22B1P1	495,92	48,94	6	F23B3P1	56,67	-23,96
1,7	7	F19B1P1	0,96	-79,22	7	F19B4P5	6,56	40,42	7	F18B2P4	488,04	47,48	7	F11B1P4	56,81	-23,72
1,9	8	F12B1P1	1,01	-78,47	8	F14B1P5	6,53	39,64	8	F22B3P1	482,01	46,16	8	F11B1P2	58,41	-23,27
2,2	9	F24B4P1	1,04	-77,79	9	F18B3P1	6,45	38,85	9	F8B2P2	481,75	45,14	9	F11B4P1	58,88	-22,84
2,4	10	F12B3P1	1,08	-77,16	10	F13B1P4	6,4	38,11	10	F14B1P3	477,02	44,18	10	F11B4P3	59,77	-22,38
2,7	11	F8B4P5	1,11	-76,56	11	F12B2P2	6,4	37,51	11	F14B3P2	461,90	43,00	11	F15B3P1	59,84	-21,99
2,9	12	F8B4P1	1,11	-76,05	12	F9B4P4	6,4	37,00	12	F7B4P5	458,30	41,94	12	F3B1P3	60,33	-21,61
3,2	13	F19B4P1	1,13	-75,58	13	F14B4P1	6,37	36,53	13	F11B3P4	457,34	41,02	13	F6B1P4	60,52	-21,27
3,4	14	F15B3P5	1,16	-75,13	14	F13B1P2	6,37	36,13	14	F22B4P4	455,00	40,18	14	F10B3P1	60,57	-20,98
3,6	15	F8B4P2	1,16	-74,73	15	F14B3P2	6,28	35,65	15	F4B3P4	453,91	39,44	15	F3B1P2	60,80	-20,70
3,9	16	F12B4P2	1,17	-74,37	16	F7B3P4	6,21	35,15	16	F15B3P5	453,79	38,78	16	F11B1P5	60,80	-20,46
4,1	17	F22B3P4	1,19	-74,02	17	F4B1P1	6,2	34,70	17	F14B4P3	452,62	38,18	17	F3B3P2	61,00	-20,22
4,4	18	F22B1P2	1,21	-73,69	18	F12B4P3	6,19	34,29	18	F20B3P4	450,29	37,62	18	F9B2P2	61,05	-20,02
4,6	19	F4B2P2	1,21	-73,38	19	F5B2P2	6,19	33,91	19	F14B1P1	449,16	37,09	19	F12B3P2	61,12	-19,82
4,9	20	F19B3P1	1,23	-73,09	20	F9B2P4	6,17	33,56	20	F22B1P2	447,77	36,60	20	F11B3P2	61,19	-19,65
5,1	21	F9B2P4	1,25	-72,79	21	F13B3P3	6,14	33,20	21	F14B2P2	447,20	36,15	21	F15B2P1	61,44	-19,47
5,3	22	F9B4P4	1,28	-72,48	22	F22B1P2	6,13	32,87	22	F4B2P3	446,69	35,73	22	F6B3P1	61,73	-19,29
5,6	23	F22B2P2	1,3	-72,18	23	F18B2P4	6,12	32,56	23	F22B4P3	446,04	35,34	23	F2B3P3	61,82	-19,12
5,8	24	F9B2P2	1,3	-71,90	24	F22B1P5	6,11	32,27	24	F18B3P2	445,37	34,97	24	F23B2P4	61,83	-18,97
6,1	25	F4B3P5	1,31	-71,64	25	F12B4P4	6,11	31,99	25	F18B3P1	444,62	34,63	25	F10B4P5	62,01	-18,82
6,3	26	F13B4P2	1,37	-71,33	26	F23B3P2	6,1	31,74	26	F12B2P2	444,61	34,31	26	F11B4P2	62,01	-18,67
6,6	27	F17B1P4	1,38	-71,04	27	F6B2P3	6,1	31,50	27	F19B4P5	442,03	33,99	27	F3B1P4	62,23	-18,53
6,8	28	F22B4P2	1,4	-70,74	28	F13B2P1	6,06	31,25	28	F19B4P1	441,48	33,68	28	F21B2P5	62,48	-18,39
7,0	29	F15B4P4	1,49	-70,39	29	F24B4P1	6,04	31,00	29	F13B1P4	440,91	33,39	29	F2B1P2	62,68	-18,25
7,3	30	F9B1P3	1,5	-70,05	30	F14B1P3	6,03	30,76	30	F18B4P2	440,24	33,12	30	F24B1P4	62,72	-18,11
7,5	31	F14B2P4	1,5	-69,73	31	F22B4P4	5,98	30,51	31	F8B4P2	440,13	32,86	31	F9B1P1	62,87	-17,98
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
15,0	62	F12B2P3	2,27	-59,68	63	F18B1P3	5,64	24,56	33	F12B4P4	438,72	32,37	33	F2B1P1	62,88	-17,73
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
30,0	124	F21B3P5	3,33	-41,72	125	F14B3P3	5,08	17,29	124	F14B3P5	377,85	19,38	62	F21B3P2	65,43	-14,99
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
100,1	414	F20B4P1	7,08	0,00	418	F21B2P5	3,47	0,00	414	F23B1P2	224,77	0,00	412	F4B2P3	104,76	0,00

¹Porcentagem de indivíduos selecionados (%)

Tabela 3. Valores genéticos aditivos individuais (u+a) e ganho de seleção (GS%) com a seleção dos melhores indivíduos para três caracteres avaliados em famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

IS(%) ¹	Comprimento da folha				Largura da folha				Comprimento do pecíolo			
	Ordem	Indiv	u+a	GS (%)	Ordem	Indiv	u+a	GS (%)	Ordem	Indiv	u+a	GS (%)
0,2	1	F13B2P3	25,34	-22,79	1	F13B2P3	22,53	-22,24	1	F20B2P1	9,66	-36,53
0,5	2	F13B1P1	26,67	-20,76	2	F13B1P1	24,23	-19,31	2	F22B3P1	10,02	-35,33
0,7	3	F2B4P3	27,53	-19,21	3	F13B3P3	24,38	-18,16	3	F14B4P2	10,21	-34,52
1,0	4	F13B1P5	27,64	-18,35	4	F13B1P2	24,97	-17,07	4	F13B2P3	10,34	-33,89
1,2	5	F15B4P1	27,76	-17,76	5	F13B1P4	24,97	-16,42	5	F3B3P2	10,54	-33,26
1,5	6	F2B1P1	28,16	-17,17	6	F13B2P4	25,00	-15,97	6	F20B4P2	10,75	-32,60
1,7	7	F13B3P2	28,29	-16,68	7	F12B3P2	25,10	-15,6	7	F22B4P1	10,77	-32,11
1,9	8	F24B4P1	28,43	-16,27	8	F13B3P5	25,12	-15,31	8	F16B4P1	10,81	-31,72
2,2	9	F13B2P4	28,57	-15,90	9	F13B4P2	25,34	-15	9	F9B2P2	10,92	-31,33
2,4	10	F13B1P4	28,61	-15,59	10	F13B3P2	25,37	-14,74	10	F22B3P3	10,93	-31,01
2,7	11	F18B3P1	28,61	-15,34	11	F7B4P5	25,39	-14,53	11	F8B1P2	11,04	-30,69
2,9	12	F7B4P5	28,65	-15,12	12	F22B4P1	25,82	-14,22	12	F13B1P1	11,07	-30,40
3,2	13	F24B4P4	28,75	-14,91	13	F16B4P1	25,89	-13,95	13	F24B4P1	11,19	-30,09
3,4	14	F13B3P3	28,94	-14,69	14	F22B3P1	25,94	-13,7	14	F24B4P3	11,19	-29,83
3,6	15	F24B3P3	28,94	-14,50	15	F12B2P2	26,07	-13,45	15	F15B4P4	11,21	-29,59
3,9	16	F13B4P2	29,01	-14,31	16	F15B1P1	26,10	-13,23	16	F22B1P3	11,27	-29,36
4,1	17	F24B4P2	29,08	-14,14	17	F11B1P4	26,18	-13,02	17	F3B1P3	11,33	-29,13
4,4	18	F7B3P3	29,13	-13,98	18	F7B1P5	26,29	-12,81	18	F2B1P4	11,33	-28,93
4,6	19	F2B2P3	29,20	-13,82	19	F12B2P4	26,32	-12,62	19	F7B4P5	11,41	-28,73
4,9	20	F13B2P1	29,21	-13,68	20	F12B2P5	26,32	-12,44	20	F22B2P4	11,43	-28,53
5,1	21	F19B4P1	29,22	-13,55	21	F13B3P4	26,36	-12,28	21	F10B4P5	11,49	-28,34
5,3	22	F15B1P1	29,28	-13,43	22	F7B3P2	26,43	-12,12	22	F8B4P1	11,53	-28,15
5,6	23	F11B1P4	29,31	-13,31	23	F7B3P3	26,43	-11,98	23	F8B4P3	11,53	-27,98
5,8	24	F18B1P4	29,51	-13,17	24	F13B1P5	26,45	-11,84	24	F7B3P3	11,54	-27,82
6,1	25	F2B2P5	29,52	-13,05	25	F12B4P4	26,49	-11,71	25	F24B4P2	11,65	-27,64
6,3	26	F19B4P4	29,54	-12,93	26	F24B4P2	26,50	-11,59	26	F8B2P4	11,70	-27,47
6,6	27	F9B2P2	29,54	-12,82	27	F9B2P2	26,50	-11,47	27	F8B2P5	11,70	-27,30
6,8	28	F13B1P2	29,58	-12,72	28	F10B2P2	26,50	-11,37	28	F24B2P2	11,81	-27,13
7,0	29	F13B3P4	29,58	-12,62	29	F15B2P1	26,54	-11,27	29	F9B2P4	11,83	-26,96
7,3	30	F3B3P2	29,63	-12,52	30	F13B4P5	26,58	-11,17	30	F19B4P4	11,86	-26,79
7,5	31	F15B2P5	29,73	-12,42	31	F3B1P2	26,59	-11,07	31	F19B4P5	11,86	-26,64
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
15,0	33	F7B3P4	29,78	-12,23	33	F11B1P2	26,67	-10,89	33	F8B3P3	12,02	-26,31
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
30,0	60	F18B3P3	30,55	-10,32	60	F10B1P2	27,28	-9,06	60	F9B2P3	12,74	-22,61
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
100,0	401	F20B2P5	40,23	0,00	401	F1B2P2	34,92	0,00	401	F5B1P3	22,09	0,00

¹Porcentagem de indivíduos selecionados (%)

Tabela 4. Ganhos de seleção diretos (valores em negrito), indiretos e simultâneos (considerando a média dos ranks) para a porcentagem de seleção de 15 e 30% para quatro caracteres avaliados em famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa-MG, 2013.

Seleção das melhores plantas (15%) para a característica ¹ :	Ganho de seleção (%)						
	NB	NF	MF	MF/NF	CF	LF	CP
NB	-59,68	15,4	17,04	1,31	-1,81	-2,94	-11,00
NF	-35,02	24,56	22,37	-1,46	-3,83	-4,70	-8,92
MF	-37,37	20,68	32,37	5,02	-1,13	-2,03	-4,38
MF/NF	12,38	-1,00	-18,71	-17,73	-5,42	-5,05	-5,90
CF	-2,59	3,99	-3,53	-6,60	-12,23	-6,84	-9,85
LF	-7,91	10,08	0,12	-7,39	-7,33	-10,89	-10,92
CP	-19,99	4,95	-0,46	-4,83	-3,75	-4,24	-26,31
Seleção das melhores plantas (30%) para a característica ¹ :	Ganho de seleção (%)						
NB	NF	MF	MF/NF	CF	LF	CP	
NB	-41,72	9,66	10,63	1,27	-1,6	-1,95	-6,28
NF	-22,09	17,29	16,65	-0,09	-2,48	-2,99	-6,04
MF	-24,05	13,72	19,38	5,04	-0,09	-0,61	-1,71
MF/NF	7,83	0,33	-12,66	-14,99	-4,00	-3,58	-5,48
CF	-2,16	3,52	-2,90	-5,33	-10,32	-4,27	-7,06
LF	-5,17	6,62	-0,34	-5,71	-5,19	-9,06	-7,52
CP	-15,07	5,01	0,65	-3,14	-3,25	-3,38	-22,61
Seleção considerando a média dos ranks das características com intensidade de:	Ganho de seleção (%)						
NB	NF	MF	MF/NF	CF	LF	CP	
15%	-41,40	20,19	15,24	-3,02	-5,35	-6,25	-16,74
30%	-25,44	13,35	9,85	-2,71	-4,55	-4,63	-11,88

¹Características: Número de brotações (NB), Número de folhas comercializáveis (NF); Massa fresca de folhas (MF); Massa fresca por folha (MF/NF), Comprimento do limbo foliar (CF), Largura do limbo foliar (LF) e Comprimento do pecíolo (CP).

7. CAPÍTULO IV: Número ótimo de colheitas para a avaliação de famílias de meios irmãos de couve de folhas

Número ótimo de colheitas para a avaliação de famílias de meios irmãos de couve de folhas

Resumo - A couve possui ciclo vegetativo longo, requerendo muita mão-de-obra, pela necessidade de tutoramento, desbrotas e colheitas múltiplas, trazendo dificuldades na manutenção e avaliação de experimentos. Assim, objetivou-se estimar o número mínimo de medições para a seleção de famílias de meios irmãos de couve com maior eficiência e confiabilidade por meio do estudo de repetibilidade. Foram avaliadas 24 famílias de meios irmãos de couve no delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e cinco plantas por parcela. Foram mensuradas em 15 colheitas as características número de brotações, número de folhas comercializáveis, massa fresca de folhas comercializáveis e massa fresca por folha. Todas as características tiveram altas estimativas do coeficiente de repetibilidade, indicando elevada regularidade na expressão das características avaliadas ao longo do período de colheitas. São necessárias 8 colheitas para a avaliação da massa fresca de folha, 4 colheitas para o número de folhas comercializáveis, 7 colheitas para o número de brotações e 13 colheitas para o peso de massa fresca por folha para obter o coeficiente de determinação de 90% na avaliação de famílias de meios irmãos de couve. Com 8 colheitas é possível avaliar todas as características com um coeficiente de determinação superior a 85%.

Palavras-chave: *Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC., repetibilidade, melhoramento genético, produção de folhas.

Optimal number of harvests for kale half-sib families evaluation

Abstract - Kale has long growing cycle, requiring intensive labor due to the need for staking, prunings and multiple harvests, which makes it difficult to maintain and evaluate the experiments. Thus, the objectives of this study were to estimate the minimum number of measurements to select kale half-sib families with greater efficiency and reliability through repeatability study. It was evaluated 24 kale half-sib families in a randomized block design with four replications and five plants per plot. Number of shoots, number of marketable leaves, fresh weight of marketable leaves, and fresh weight per leaf were measured in 15 harvests. All characteristics presented high estimates of repeatability coefficient, indicating high regularity in the expression of the characteristics evaluated throughout the harvest period. It is necessary 8 harvests for the evaluation of fresh weight of leaves; 4 harvests for the number of marketable leaves; 7 harvests for the number of shoots; and 13 harvests for the fresh weight per leaf, in order to obtain a coefficient of determination of 90% in the evaluation of kale half-sib

families. With 8 harvests it is possible to evaluate all the characteristics with a coefficient of determination superior to 85%.

Key words: *Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC., repeatability, genetic improvement, leaf yield.

7.1. Introdução

A couve (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC.) é consumida em todo o mundo, e sua alta ingestão reduz o risco de doenças crônicas relacionadas com a idade, tais como problema cardiovascular e outras doenças degenerativas e reduz o risco de vários tipos de câncer. Suas qualidades nutracêuticas devem-se à diferentes compostos como glucosinolatos, flavonóides, vitaminas e nutrientes minerais (Moreno et al., 2006; Vilar et al., 2008; Soengas et al., 2011). Consequentemente, seu consumo tem aumentado gradativamente no Brasil (Novo et al., 2010).

A cultura é considerada arbustiva anual ou bienal (Emongor et al., 2004) e as colheitas de suas folhas são feitas periodicamente durante todo o seu ciclo vegetativo. A couve demanda muita mão-de-obra, pela necessidade de tutoramento, desbrotas e colheitas múltiplas, trazendo dificuldades na manutenção e avaliação de experimentos. Além disso, no melhoramento genético, geralmente, o número de tratamentos é muito grande, assim como o número de colheitas necessárias para se comparar os tratamentos eficientemente.

Segundo Cardoso (2006) a falta de informações sobre o número mínimo de colheitas para avaliar um experimento pode levar o pesquisador a realizar mais colheitas que o necessário para se diferenciar os tratamentos, o que pode acarretar um desperdício na utilização de mão-de-obra e de recursos financeiros. De acordo com Neves et al. (2010), a veracidade do bom desempenho de um genótipo ao longo de sucessivas avaliações pode ser comprovada pelo coeficiente de repetibilidade.

O coeficiente de repetibilidade varia com as propriedades genéticas da população (clones, famílias de meios irmãos, famílias de irmãos completos, etc.) e com a natureza do caráter avaliado. Suas estimativas variam de 0,00 a 1,00, sendo 1,00 a repetibilidade máxima, verificada quando uma das características manifesta-se com muita constância (Cruz et al., 2012). Outra importante informação no estudo de repetibilidade é a predição do número mínimo de medições necessárias para obter eficiência na comparação entre genótipos.

Como não se encontra na literatura trabalhos avaliando o número ideal de colheitas no estudo de família de meios irmãos de couve, objetivou-se estimar o número mínimo de medições para a seleção de famílias de meios irmãos de couve com maior eficiência e confiabilidade por meio do estudo de repetibilidade.

7.2. Material e Métodos

O experimento foi conduzido em campo, no período de 26/01/2013 a 09/11/2013, na horta de pesquisa da Universidade Federal de Viçosa (UFV) – Horta Velha –, em Viçosa, MG (20°45'14"S; 42°52'53"W; 648,74 m de altitude). Segundo a classificação de Köppen, o clima regional é do tipo Cwa, com umidade relativa média anual do ar de 80%, temperatura média máxima e mínima anual registrada de 26,4 e 14,8°C, respectivamente, e precipitação média anual de 1.221,4 mm.

Foram avaliadas 24 famílias de meios irmãos de couve oriundas de genitores do banco de germoplasma da UFVJM (Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri) utilizando-se o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e cinco plantas por parcela.

A semeadura foi realizada no dia 26/01/2013 em bandejas de isopor contendo 128 células, em substrato comercial Plantmax Hortaliças[®], acondicionadas em ambiente protegido, sob sombrite com 50% de insolação, realizando-se irrigações diárias. Foi plantada uma única semente por célula.

No dia 26/03/2013, as mudas foram transplantadas para canteiros com largura aproximada de 2,50 m e 0,30 m de altura, utilizando-se espaçamento de 1,00 x 0,50 m. As adubações de solo e cobertura foram realizadas de acordo com as recomendações para a cultura (Filgueira, 2008). A partir do dia 13/04/2013 até o dia 09/11/2013, realizou-se colheitas de 14 em 14 dias, constituindo-se em 15 avaliações, foi avaliado em 5 plantas por parcela o número de brotações (quando as mesmas foram removidas), número de folhas comercializáveis, massa fresca de folhas comercializáveis e massa fresca por folha. Foram consideradas como folha comercializável aquelas completamente expandidas com comprimento do limbo foliar maior que 15 cm e sem sinais de senescência (Azevedo et al., 2012).

Utilizou-se o modelo estatístico com dois fatores de variação (genótipo e colheita):

$$Y_{ij} = m + g_i + a_j + e_{ij},$$

sendo: Y_{ij} : observação referente ao i -ésimo genótipo na j -ésima colheita (avaliação); m : média geral; g_i : efeito aleatório da i -ésima família sob a influência do ambiente permanente ($i = 1, 2, \dots, 24$ famílias); a_j : efeito da j -ésima colheita ($j = 1, 2, \dots, 15$) e, e_{ij} : erro experimental associado à observação Y_{ij} .

Para a estimação dos coeficientes de repetibilidade, utilizaram-se os métodos: análise de variância (ANOVA); componentes principais com base na matriz de correlações e de covariâncias; e análise estrutural com base na matriz de correlações. Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando o software genético-estatístico GENES (Cruz, 2013) e todas as expressões estatísticas utilizadas são detalhadas por Cruz et al. (2012).

7.3. Resultados e Discussão

Verificou-se diferença significativa para todas as características ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F entre as famílias de meios irmãos de couve (Tabela 1). Os coeficientes de variação obtidos para esses caracteres foram inferiores a 19.48%, evidenciando considerável precisão experimental. Na característica número de brotações foi obtido o maior valor para o coeficiente de variação, sendo o mais influenciado pelo ambiente.

As estimativas dos coeficientes de repetibilidade foram próximas entre os métodos estatísticos utilizados (Tabela 2). Observa-se que as estimativas do coeficiente de repetibilidade obtidas pelo método da análise de variância (ANOVA) são sempre próximas ou inferiores às estimativas obtidas pelos métodos multivariados (análise estrutural e componentes principais). Resultados similares foram obtidos por Feijó et al. (2005), Chia et al. (2009), Lopes et al. (2001), Neto et al. (2002), Neves et al. (2010), Manfioi et al. (2011) e Martuscello et al. (2007). Justifica-se o menor valor do método da ANOVA pelo fato deste não isolar o fator periodicidade, que, quando ocorre, fica incluído no erro experimental, elevando seu valor, e então, a repetibilidade é subestimada (Vasconcellos et al., 1985). No entanto, as diferenças observadas entre as estimativas obtidas pelos diferentes métodos são pequenas, aumentando a confiabilidade das estimativas.

Na característica número de folhas comercializáveis foram observados os maiores valores do coeficiente de repetibilidade. Maiores valores do coeficiente de repetibilidade indicam menor acréscimo na precisão experimental em função do aumento do número de avaliações (Rezende, 2007; Della Bruna et al., 2012) (Tabela 2).

Em relação à característica massa fresca por folha foram obtidos menores valores de repetibilidade, indicando a necessidade de um maior número de colheitas para a seleção com maior eficiência e confiabilidade. Todas as estimativas dos coeficientes de determinação, obtidas para as características pelos quatro métodos foram superiores a 90%, demonstrando que a avaliação das características pode ser realizada com alta confiabilidade. De acordo com Padilha et al. (2003), valor acima de 50% para o coeficiente de repetibilidade indica que existe confiabilidade para os números de medições necessárias para os diferentes coeficientes de determinação.

As estimativas dos coeficientes de repetibilidade, expressam o valor máximo que a herdabilidade no sentido amplo pode atingir (Cruz et al., 2012), sendo importantes para programas de melhoramento. Segundo Costa (2003), a repetibilidade aproxima-se da herdabilidade à medida que a variância proporcionada pelos efeitos permanentes do ambiente é minimizada. Se a variância genotípica estimada fosse puramente de natureza genética, os coeficientes de repetibilidade estimados corresponderiam a herdabilidade das características.

Com base nos métodos multivariados, considerando-se o coeficiente de determinação de 90%, verificou-se que 8 colheitas são necessárias para a avaliação da massa fresca de folha (Tabela 3), 4 colheitas para o número de folhas comercializáveis, 7 colheitas para o número de brotações e 13 colheitas para o peso de massa fresca por folha. Estas informações também podem ser verificadas na Figura 1. Após a estabilização do coeficiente de determinação em função do número de colheitas, verificou-se valor superior a 85% para todas as variáveis avaliadas. Segundo Cardoso (2006), estimativas do coeficiente de determinação acima de 80% podem ser consideradas razoáveis no processo de seleção.

Para 8 colheitas é possível obter um coeficiente de determinação de 85% para a característica massa fresca por folha, e superior à 90% para as outras características, sendo o melhor número de colheitas a serem realizadas em famílias de meios irmãos de couve.

Em programas de melhoramento, estas informações são importantes, pois permitem saber o número mínimo de avaliações para a comparação de genótipos. Isto permite evitar a perda de tempo com avaliações além do necessário, evitando também a avaliação por um período muito pequeno, o que pode levar a erros na identificação dos genótipos superiores (Neves et al., 2010).

O maior número de medições necessárias para a massa fresca por folha pode ser devido à maior interação entre os genótipos e o ambiente temporário nestas características. Outra justificativa para a necessidade de maior número de medições segundo Cruz et al. (2012) é a possibilidade do caráter ser regulado por conjuntos gênicos diferentes, podendo eles estarem mais ou menos ativos em função do estado de desenvolvimento do indivíduo.

7.4. Conclusões

1) Todas as características possuem altos valores para a estimativa do coeficiente de repetibilidade, indicando elevada regularidade na expressão das características avaliadas ao longo do período de colheitas.

2) São necessárias 8 colheitas para a avaliação da massa fresca de folha, 4 colheitas para o número de folhas comercializáveis, 7 colheitas para o número de brotações e 13 colheitas para o peso de massa fresca por folha para avaliar as famílias de meios irmãos com o coeficiente de determinação de 90%.

3) Com 8 colheitas é possível avaliar todas as características com um coeficiente de determinação superior 85%.

7.5. Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do estado de Minas Gerais (FAPEMIG), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsas de estudos e recursos financeiros para o desenvolvimento do projeto.

7.6. Referências bibliográficas

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; PEDROSA, C.E.; FERNANDES, J.S.C; VALADARES, N.R.; FERREIRA, M.R.A.; MARTINS, R.A.V. Desempenho agrônomo e variabilidade genética em genótipos de couve. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p.1751-1758, 2012.

CARDOSO, A.I.I. Número mínimo de colheitas em pepino híbrido estimado por meio do coeficiente de repetibilidade. **Bragantia**, v.65, p.591-595, 2006.

CHIA, G.S.; LOPES, R.; CUNHA, R.N.V.; ROCHA, R.N.C.; LOPES, M.T.G. Repetibilidade da produção de cachos de híbridos interespecíficos entre o caiaué e o dendezeiro. **Acta Amazônica**, v.39, p.249-254, 2009.

COSTA, J.G. Estimativas de repetibilidade de alguns caracteres de produção em mangueira. **Ciência Rural**, v.33, p.263-266, 2003.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.35, p.271-276, 2013.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

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

EMONGOR, V.; MEULENBERG, F.P.; PHOLE, O. Effect of promalin on growth and development of kale (*Brassica oleracea* var. *acephala* DC.). **Jornaul of Agronomy**, v.3, p.208-214, 2004.

FEIJÓ, S.; OLIVEIRA, S. J. R. de; STORCK, L.; LÚCIO, A. D.; DAMO, H. P.; MARTINI, L. F. D. Repetibilidade da produção de frutos de abobrinha italiana. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.11, p.39-43, 2005.

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa: Editora UFV. 2008. 402p.

LOPES,R.; BRUCKNER, C.H.; CRUZ, C.D.; LOPES, M.T.G.; FREITAS, G.B. Repetibilidade de características do fruto de aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, p.507-513, 2001.

MANFIOI, C.E.; MOTOIKE, S.Y.; SANTOS, C.E.M.; PIMENTEL, L.D.; QUEIROZ, V.; SATO, A. Y. Repetibilidade em características biométricas do fruto de macaúba. **Ciência Rural**, v.41, p.70-76, 2011.

MARTUSCELLO, J.A.; JANK, L.; FONSECA, D.M.; CRUZ, C.D.; CUNHA, D.N.F.V.; Repetibilidade de caracteres agronômicos em *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.1975-1981, 2007.

MORENO D.A; CARVAJAL M.; LOPEZ-BERENGUER C.; GARCIA-VIGUERA C. Chemical and biological characterization of nutraceutical compounds of broccoli. **Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis**, v.41, p.1508-1522, 2006.

NEVES, L.G.; BRUCKNER, C.H.; CRUZ, C.D.; BARELLI, M.A.A. Avaliação da repetibilidade no melhoramento de famílias de maracujazeiro. **Revista Ceres**, v.57, p.480-485, 2010.

NETO, J.T.F.; YOKOMIZO, G.; BIANCHETTI, A. Coeficientes de repetibilidade genética de caracteres em Pupunheira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.24, p.731-733, 2002.

NOVO, M.C.S.S.; PRELA-PANTANO, A.; TRANI, P.E.; BLAT, S.F. Desenvolvimento e produção de genótipos de couve manteiga. **Horticultura Brasileira**, v.28, p.321-325, 2010.

PADILHA N.C.C., OLIVEIRA M.S.P.; MOTA, M.G.C. Estimativa da repetibilidade em caracteres morfológicos e de produção de palmito em pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth). **Revista Árvore**, v.27, p.435-442, 2003.

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.

SOENGAS, P.; SOTELO, T.; VELASCO, P.; CARTEA M.E. Antioxidant properties of Brassica vegetables. **Functional Plant Science and Biotechnology**. v.5, p.43-55, 2011.

VASCONCELLOS, M.E.C.; GONÇALVES, P.S.; PAIVA, J.R.; VALOIS, A.C.C. Métodos de estimação do coeficiente de repetibilidade no melhoramento da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.20, p.433-437, 1985.

VILAR, M.; CARTEA, M.E.; PADILLA, G. The potential of kales as a promising vegetable crop. **Euphytica**, v.159, p.153-165, 2008.

Tabela 1- Resumo dos quadrados médios dos caracteres massa fresca de folhas, número de folhas comercializáveis, número de brotações e massa fresca por folhas em 15 medições, em 24 famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

FV	GL	MF Folhas	Nº flhs Com.	Nº Brotações	Peso/Folha
Medições	14	371652,13	25,99	14,82	8875,71
Genótipos	23	27233,25**	4,38**	10,25**	608,47**
Resíduo	322	1930,09	0,16	0,55	56,8
CV(%)		12,58	8,20	19,48	10,50

** significativo pelo teste F ao nível de 1% de significância.

Tabela 2. Estimativas da repetibilidade dos caracteres massa fresca de folhas, número de folhas comercializáveis, número de brotações e massa fresca por folha em 15 medições de 24 famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Caráter		ANOVA	Componentes Principais		Análise estrutural
			(Co-variância)	(Correlação)	(Co-variância)
MF Folhas	Coef.	0,47	0,58	0,56	0,52
	R ² (%)	92,91	95,43	95,03	94,15
Nº flhs Com.	Coef.	0,64	0,71	0,69	0,68
	R ² (%)	96,42	97,35	97,15	97,00
Nº Brotações	Coef.	0,54	0,63	0,58	0,58
	R ² (%)	94,67	96,17	95,41	95,32
MF/Folha	Coef.	0,39	0,46	0,48	0,41
	R ² (%)	90,67	92,65	93,25	91,31

Tabela 3. Número de medições estimado por diferentes métodos para os caracteres massa fresca de folhas, número de folhas comercializáveis, número de brotações e massa fresca por folha em 15 medições, em 24 famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

Caráter	R ²	ANOVA	Componentes Principais		Análise estrutural
			(Co-variância)	(Correlação)	
MF. Folha	0,80	4,58	2,88	3,14	3,73
	0,85	6,48	4,08	4,44	5,28
	0,90	10,30	6,47	7,06	8,39
	0,95	21,74	13,66	14,89	17,72
	0,99	113,27	71,19	77,6	92,32
N° flhs Comer.	0,80	2,23	1,64	1,76	1,85
	0,85	3,16	2,32	2,49	2,63
	0,90	5,01	3,68	3,96	4,17
	0,95	10,58	7,77	8,36	8,80
	0,99	55,13	40,5	43,55	45,85
N° Brotações	0,80	3,38	2,39	2,89	2,95
	0,85	4,79	3,39	4,09	4,17
	0,90	7,60	5,38	6,49	6,63
	0,95	16,05	11,36	13,70	13,99
	0,99	83,64	59,16	71,39	72,90
MF/Folha	0,80	6,18	4,76	4,34	5,71
	0,85	8,75	6,74	6,15	8,09
	0,90	13,90	10,71	9,77	12,84
	0,95	29,34	22,60	20,63	27,11
	0,99	152,88	117,77	107,47	141,25

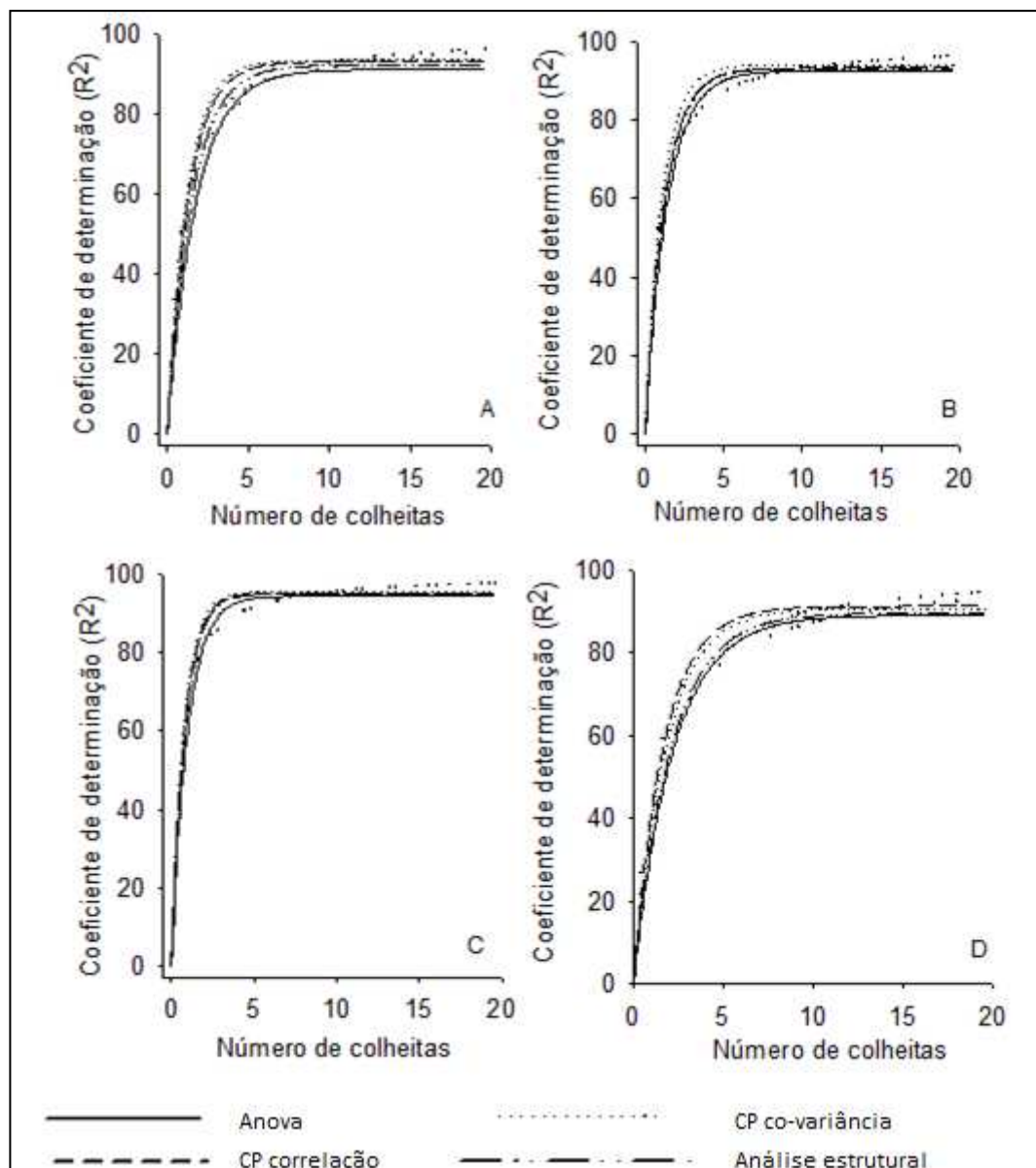


Figura 1. Estimativas do coeficiente de determinação calculado por diferentes métodos em função do número colheitas para o número de brotações (A), número de folhas comercializáveis (B), massa fresca de folhas comercializáveis (C) e massa fresca por folha (D) em 24 famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa - MG, 2013.

8. CAPÍTULO V: Metodologias multivariadas para avaliação de dados quantitativos e qualitativos em famílias de meios irmãos de couve

Metodologias multivariadas para avaliação de dados quantitativos e qualitativos em famílias de meios irmãos de couve

Resumo- O estudo da dissimilaridade genética é importante para a organização dos bancos de germoplasmas e para a indicação das combinações híbridas de maior efeito heterótico. Porém, são raros os estudos de divergência genética entre famílias de meios irmãos comparando metodologias na avaliação de dados quantitativos e qualitativos coletados em nível de plantas. Objetivou-se comparar metodologias para o estudo da dissimilaridade genética entre famílias de meios irmãos considerando dados quantitativos e qualitativos coletados em nível de planta e conhecer as famílias mais divergentes. Foram avaliadas onze características quantitativas e doze multicategóricas em três cultivares comerciais e 24 famílias de meios irmãos. O experimento foi conduzido no delineamento em blocos casualizados com 4 repetições e 5 plantas por parcela. Foram obtidas sete matrizes de dissimilaridade entre as famílias de meios irmãos envolvendo dados quantitativos, dados qualitativos multicategóricos e ambos simultaneamente. Verificou-se que a transformação dos dados quantitativos em qualitativos multicategóricos não provocou grande perda de informação. As matrizes de dissimilaridade estimadas pelas três metodologias de análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos são altamente correlacionadas entre si. A conversão das matrizes obtidas em nível de planta para o nível de família apresenta grande potencial para estudos de dissimilaridade com dados multicategóricos obtidos em nível de planta. As cultivares comerciais e as famílias F13 são dissimilares em relação às demais famílias de meios irmãos, já as famílias F8, F12, F14 e F22 apresentam pequena dissimilaridade entre si.

Palavras-chave: *Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC., análise multivariada, dados multicategóricos, distância de Gower, distância de Mahalanobis.

Multivariate methods to evaluate quantitative and qualitative data on half-sib families of kale

Abstract- The study of genetic dissimilarity is important for the organization of germplasm banks and for the indication of hybrid combinations of higher heterotic effect. However, there are few studies on genetic divergence among half-sib families comparing methodologies in the evaluation of quantitative and qualitative data collected at plant level. The objectives of this work were to compare methodologies for the study of genetic dissimilarity among half-sib families considering quantitative and qualitative

data collected at plant level, and to know the most divergent families. Eleven quantitative characteristics and twelve multicategoric characteristics were evaluated in three commercial cultivars and in 24 half-sib families. The experiment was carried out in a randomized block design with four replications and 5 plants per plot. Seven dissimilarity matrices were obtained among half-sib families involving quantitative data, multicategoric qualitative, and both data simultaneously. It was found that transformation of the quantitative data in qualitative multicategoric data does not cause great information loss. The dissimilarity matrices estimated by the three methods of joint analysis of the quantitative and qualitative data are highly correlated. The conversion of the obtained matrices from plant level to family level presents great potential for dissimilarity studies with multicategoric data at plant level. The commercial cultivars and the F13 families are dissimilar in relation to the other half-sib families. On the other hand, the F8, F12, F14 and F22 families have little dissimilarity among them.

Key words: *Brassica oleracea* L. var. *acephala* DC., multivariate analysis, multicategoric data, Gower distance, Mahalanobis distance.

8.1. Introdução

O estudo da dissimilaridade genética é importante para a organização dos bancos de germoplasmas e para a indicação das possíveis combinações híbridas de maior efeito heterótico, aumentando a chance de se obter indivíduos superiores em um programa de melhoramento (Gonçalves et al., 2008). A determinação da dissimilaridade genética pode ser obtida por informações de variáveis quantitativas, qualitativas binárias ou muticatóricas. Cruz (2006) apresenta procedimentos para estimar essas medidas com base em variáveis quantitativas (distância euclidiana, distância de Gower, índice de Cole-Rodgers e distância generalizada de Mahalanobis, etc), variáveis qualitativas binárias (índices de Jaccard, Nei e Li, Sorensen-Dice, etc.) e variáveis qualitativas muticatóricas (Coincidência simples).

Diante das metodologias de análise multivariadas estabelecidas na literatura há a possibilidade de estudar a dissimilaridade genética considerando os dados quantitativos e qualitativos separadamente ou simultaneamente (Vieira et al., 2007). Embora a análise conjunta das variáveis quantitativas e qualitativas seja potencialmente um indicador mais completo da variabilidade existente nos bancos de germoplasma (Moura et al., 2010) esta estratégia é pouco explorada. Isto pode ser justificado pela falta de conhecimento das técnicas estatísticas que permitam essa abordagem por parte dos

pesquisadores ou à carência de softwares que analisem esses dados simultaneamente (Vieira et al., 2007; Gonçalves et al., 2008; Moura et al., 2010).

Muitos trabalhos são encontrados na literatura contemplando o estudo da dissimilaridade genética em famílias de meios irmãos considerando a média da parcela ou da família (Martins et al., 2002; Oliveira et al., 2007; Ivoglo et al., 2008; Negreiros et al., 2013). Porém, são raros os estudos de divergência genética entre famílias comparando metodologias na avaliação de dados quantitativos e qualitativos coletados em nível de planta, em especial na cultura da couve de folhas.

Objetivou-se comparar metodologias para o estudo da dissimilaridade genética entre famílias de meios irmãos de couve considerando dados quantitativos e qualitativos coletados em nível de planta e determinar as famílias mais divergentes.

8.2. Material e métodos

O experimento foi conduzido no período de 26/01/2013 a 09/11/2013, na horta de pesquisa da Universidade Federal de Viçosa (UFV) – Horta Velha, em Viçosa, MG (20°45'14"S; 42°52'53"W; 648,74 m de altitude). Segundo a classificação de Köppen, o clima regional é do tipo Cwa, com umidade relativa média anual do ar de 80%, temperatura média máxima e mínima anual registrada de 26,4 e 14,8°C, respectivamente, e precipitação média anual de 1.221,4 mm.

Foram avaliadas 24 famílias de meios irmãos de couve oriundas de genitores do banco de germoplasma da UFVJM (Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri) e duas testemunhas comerciais. As testemunhas comerciais utilizadas foram a couve-manteiga 900 legítima pé alto (Feltrin Sementes, Farroupilha-RS) e couve-manteiga Baby (Vidasul Sementes Ltda., Xanxerê-SC), as quais foram denominadas de C25 e C26, respectivamente. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e cinco plantas por parcela.

A semeadura foi realizada no dia 26/01/2013 em bandejas de isopor contendo 128 células, em substrato comercial Plantmax Hortaliças[®], acondicionadas em ambiente protegido, sob sombrite com 50% de insolação, realizando-se irrigações diárias. Foi plantada uma única semente por célula.

No dia 26/03/2013, as mudas foram transplantadas para canteiros com largura aproximada de 2,50 m e 0,30 m de altura, utilizando-se espaçamento de 1,00 x 0,50 m. As adubações de solo e cobertura foram realizadas de acordo com as recomendações para a cultura (Filgueira, 2008). A partir do dia 13/04/2013 até o dia 09/11/2013,

realizou-se colheitas de 14 em 14 dias, constituindo-se em 15 avaliações, foram avaliados em 5 plantas por parcela: o número de brotações (quando as mesmas foram removidas), número de folhas comercializáveis e matéria fresca de folhas comercializáveis. Foram consideradas como folha comercializável folhas completamente expandidas com comprimento do limbo foliar maior que 15 cm e sem sinais de senescência (Azevedo et al., 2014). Para o número de folhas, número de brotações e matéria fresca de folhas considerou-se o valor total por planta obtido em todas as colheitas para a análise estatística. No dia 06/07/2013 foi avaliado a altura das plantas medindo-se a planta do nível do solo até a extremidade da folha mais alta com o auxílio de uma fita métrica graduada em centímetros e o diâmetro do caule (medido com paquímetro na metade da altura da planta) (Azevedo et al., 2014).

Na 5ª folha expandida mais nova de cada planta foi avaliado o comprimento e largura do limbo foliar (medido com régua graduada em centímetros), a razão do comprimento com a largura do limbo foliar, o diâmetro do centro do pecíolo, a espessura da base do pecíolo em mm (medido com paquímetro) e o comprimento do pecíolo (medido com régua graduada em centímetros a partir de sua inserção no caule até o início do limbo foliar). A 5ª folha expandida mais nova foi escolhida para fins de padronização na avaliação, pois esta folha sempre apresenta grau de desenvolvimento similar na maioria dos genótipos.

Também foram avaliadas por escala de notas proposta pelo International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR, 1990) as características: Ângulo da folha, incisão foliar, formato do ápice, bolhas no limbo foliar, alargamento do pecíolo, secção do pecíolo e tamanho das brotações. Além destas características, foram avaliadas as características: Formato do ápice foliar, formato do limbo foliar, margem foliar, coloração do pecíolo, coloração da nervura principal e coloração da haste seguindo a escalas de notas sugeridas por Azevedo et al. (2014).

Para a obtenção da medida de dissimilaridade para os dados quantitativos utilizou-se:

a) O índice de Gower (Matriz 1): $d_{ij} = \left(\sum_{k=1}^p w_{ijk} d_{ijk} \right) / \sum_{k=1}^p w_{ijk}$ em que k é o número de variáveis ($k = 1, 2, \dots, p =$ número total de características avaliadas); i e j dois indivíduos (plantas) quaisquer; W_{ijk} é um peso dado a comparação ijk , atribuindo valor 1 para comparações válidas e valor 0 para comparações inválidas (quando o valor da variável está ausente em um ou ambos indivíduos); d_{ijk} é a contribuição da variável k na

similaridade entre os indivíduos i e j , apresentando valores entre 0 e 1. Para uma variável contínua $d_{ijk} = |x_{ik} - x_{jk}| / R_k$ onde x_{ik} e x_{jk} são os valores da variável k para os indivíduos i e j , respectivamente, e R_k é a amplitude de variação da variável k na amostra. A divisão por R_k elimina as diferenças entre escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo [0, 1] e pesos iguais.

b) A distância de Mahalanobis (Matriz 2): calculada considerando a média de parcela com o auxílio do software Genes (Cruz, 2013).

c) O complemento do índice de coincidência (Matriz 3): obtido por $d_{ij} = D / (C + D)$ sendo D o total de discordância de categoria de todas as variáveis consideradas, e C o total de concordâncias de categoria de todas as variáveis consideradas. Para isso, os dados quantitativos em nível de planta foram transformados em dados multicategóricos. Para a determinação do número de classes, selecionou-se o número que possibilitou maior correlação cofenética com a matriz obtida pelo método de Gower (Matriz 1). Assim, utilizou-se quatro classes divididos em intervalos equidistantes.

Para as características qualitativas (obtidas por escala de notas) foi obtida a dissimilaridade entre cada planta avaliada a partir do complemento da matriz de coincidência simples (Matriz 4) conforme a expressão citada anteriormente.

Para as matrizes de dissimilaridade obtidas em nível de planta (Matriz 1, Matriz 3 e Matriz 4) calculou-se a matriz de dissimilaridade em nível de família a partir dos seguintes passos:

a) Cálculo da diagonal principal da matriz de dissimilaridade em nível de família a

partir da expressão $M_i = \frac{\sum_{k=1}^{N_i} \sum_{l=1}^{N_i} d_{kili}}{N_i^2 - N_i}$ onde M_i é a média das dissimilaridades existente

entre os indivíduos K e L pertencentes à família i e N_i é o número de indivíduos pertencentes à família i .

b) Cálculo das medidas de dissimilaridade entre as famílias pela expressão

$D_{ij} = \frac{\sum_{K=1}^{N_i} \sum_{L=1}^{N_j} d_{Kilj}}{N_i N_j} - \frac{M_i + M_j}{2}$ onde D_{ij} é a dissimilaridade entre a família i e j , d_{Kilj} é a

dissimilaridade entre a planta K da família i e a planta L da família j , M_i é a média das dissimilaridades existente entre os indivíduos da família i , M_j é a média das dissimilaridades existente entre os indivíduos da família j e n é o número de medidas de dissimilaridade somadas.

c) Os valores de D_{ij} negativos foram substituídos por 0,01 para evitar problemas com a indeterminação nos estudos de divergência genética.

d) Os valores da diagonal principal da matriz de dissimilaridade entre as famílias foram preenchidas com o valor zero.

Para o cálculo da matriz de dissimilaridade reunindo as informações dos dados quantitativos e qualitativos simultaneamente, cada uma das quatro matrizes de dissimilaridade foram normalizadas de forma que os valores de dissimilaridade de cada matriz variassem entre zero e um. Para a normalização foi utilizada a expressão:

$$V_n = \frac{1 + (V_{obs} - V_{max})}{V_{max} - V_{min}}$$
 em que: V_n é o valor normalizado; V_{obs} , o valor observado; V_{min} , é o

valor mínimo da matriz e V_{max} o valor máximo da matriz. Posteriormente foi feita a média ponderada (em função do número de características utilizadas para estimar cada matriz: 11 quantitativas e 12 qualitativas) da matriz de dissimilaridade normalizada obtida com dados quantitativos com a matriz de dissimilaridade obtida com dados qualitativos. Desta forma foram obtidos três métodos: Método I (média ponderada da matriz 1 e Matriz 4), método II (média ponderada da matriz 2 e matriz 4) e método III (média ponderada da matriz 3 e matriz 4).

Para o estudo da dissimilaridade genética foi feito o agrupamento de Tocher e obtido sua matriz cofenética de acordo com a metodologia citada por (Silva e Dias, 2013) com o auxílio do pacote *biotools* no *software R* (<http://www.r-project.org/>). Os métodos hierárquicos e suas respectivas matrizes cofenéticas foram obtidas com as funções *hclust* e *cophenetic* do pacote *stats*. Para o estudo da correlação entre matrizes foi utilizado a função *mantel.rtest* do pacote *ade4*.

8.3. Resultados e discussão

Verificou-se na tabela 1 alta correlação (0,974) entre a matriz de dissimilaridade obtida pelo complemento do índice de coincidência (Matriz 3) e a matriz obtida pelo índice Gower (Matriz 1). Isto indica que a transformação dos dados quantitativos em qualitativos multicategóricos com 4 classes para obtenção da matriz 3 não provocou grande perda de informação. Esta estimativa (0,974) é superior a encontrada por Martins et al., (2011) ao avaliar a dissimilaridade genética em acessos de tomate, os quais encontraram correlação de 0,780 entre a matriz de dissimilaridade obtidas a partir de dados originais e convertidos para qualitativos multicategóricos com três classes.

Altas estimativas de correlação também foram encontradas entre a matriz obtida em nível de família (distância de Mahalanobis - Matriz 2) e as matrizes obtidas em nível de planta e convertidas para nível de família (Matriz 1 e 3), com estimativas de 0,931 e 0,911, entre a matriz 2 com as matrizes 1 e 3, respectivamente. Estas altas estimativas indicam que o processo de conversão das matrizes obtidas em nível de planta para a matriz de dissimilaridade em nível de família é eficiente. Esta estratégia é muito útil para dados qualitativos coletados em nível de planta, quando não é possível obter a média da família para os dados originais e posteriormente a dissimilaridade em nível de família, o que geralmente é feito para dados quantitativos.

Entre as matrizes obtidas por dados quantitativos (Matriz 1, 2 e 3) e qualitativos (Matriz 4) encontraram-se as menores estimativas de correlação (0,474 a 0,501). Ao avaliar a correlação entre medidas de dissimilaridade utilizadas na determinação da divergência genética para caracteres qualitativos e quantitativos, Gomes (2007) encontrou estimativa de 0,09 avaliando mandioca, já Bramardi et al. (2005) encontraram estimativa de -0,602 avaliando acessos de abóbora. Segundo estes autores, estas estimativas de correlação pode ser explicada pela diferença do controle genético nos diferentes tipos de caracteres analisados.

Após a obtenção das médias ponderadas das matrizes de dados quantitativos e da matriz de dados qualitativos foram obtidos os métodos I, II e III. Verificaram-se altas correlações entre estas matrizes, com estimativas variando entre 0,967 a 0,990, indicando que a dissimilaridade estimada por estas três metodologias na análise conjunta de dados quantitativos e qualitativos são concordantes entre si. Segundo Moura et al. (2010), com a análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos é possível alocar os acessos em um único dendrograma permitindo a melhor análise e uso dos dados qualitativos que, em geral, são analisados apenas por estatística descritiva. Altas estimativas de correlação também foram encontradas entre as matrizes 1, 2, 3 e 4 com as matrizes dos métodos I, II, e III, com estimativas variando entre 0,817 a 0,885. Altos valores para estas estimativas são esperadas, pois os métodos I, II e III foram obtidas pelas médias das matrizes 1, 2, 3 e 4.

Para o agrupamento de Tocher (Tabela 2) verificou-se que os resultados referentes às matrizes obtidas pelos valores quantitativos foram similares. A partir da matriz 1 e matriz 2 obtiveram-se 3 grupos, e com a matriz 3 obtiveram-se 2 grupos. O menor número de agrupamentos formados a partir da matriz 3 pode ser justificado pela transformação de dados quantitativos em multicategóricos, o que pode ter ocasionado a

redução da variabilidade dos dados. Em todos os agrupamentos obtidos por estas 3 matrizes, verificou-se que as cultivares comerciais (C25 e C26) fizeram parte de grupos distintos das famílias estudadas. Azevedo et al. (2014), avaliando clones de couve, também verificaram divergência das cultivares comerciais em relação aos demais acessos, segundo estes autores isto pode ser justificado pelo fato das cultivares comerciais terem geralmente menor altura e maior número de folhas quando comparados aos acessos. Além destas características, estas cultivares comerciais tendem a apresentar maior diâmetro do caule e menor comprimento do pecíolo em relação aos demais genótipos.

Para todas as matrizes de dissimilaridade obtidas, verificou-se pelo método Tocher, que as cultivares comerciais se divergiram das famílias de meios irmãos, com exceção dos resultados obtidos para a matriz 4 (matriz estimada apenas com dados qualitativos), mostrando que as características avaliadas por escala de notas pode não ter sido eficientes para discriminar estes genótipos dos demais. Diferenças de agrupamento para matrizes obtidas por diferentes métodos também foram encontrados por Bramardi et al. (2005) estudando cucurbitáceas, Bertan et al. (2009), avaliando híbridos de trigo e Gonçalves et al. (2008) avaliando acessos de tomate. Embora se tenha encontrado altas estimativas de correlação entre as matrizes dos Métodos I, II e III verificou-se que o número de grupos formados por estas três matrizes pelo teste Tocher foram diferentes, sendo observado 10, 11 e 7 grupos respectivamente. A consistência dos agrupamentos Tocher foram verificada pelas correlações cofenéticas, quando foram encontradas altas estimativas, com valores variando de 0,885 à 0,922. Estas estimativas foram próximas às encontradas por Silva e Dias (2013) no método Tocher utilizando a distância euclidiana (0,85) e distância de Mahalanobis (0,90) avaliando cultivares de alho.

Os resultados dos dendogramas obtidos a partir das matrizes de dissimilaridade pelo método UPGMA (Figura 1) apresentaram resultados similares aos verificados pelo método Tocher (Tabela 2). De forma geral, verificou-se a dissimilaridade das cultivares comerciais em relação às famílias. A família 13 (F13) também apresentou considerável divergência em relação às demais, de acordo com os resultados dos dendogramas (Figura 1) para as matrizes 1, 2, 3 e para os métodos I e II. A similaridade entre as famílias F8, F12, F14 e F22 foi observado pelos dendogramas obtidos pela matriz 1, matriz 4, método 2 e método 3. Esta similaridade também foi observada pelo agrupamento Tocher para as matrizes 1, 2, 3 e pelos métodos I, II e III. Desta forma,

considerando a concordância entre as informações obtidas a partir das várias matrizes estimadas, verifica-se consistência nas metodologias empregadas.

8.4. Conclusão

1. A transformação dos dados quantitativos em qualitativos multicategóricos não provocou grande perda de informação.

2. As matrizes de dissimilaridade estimadas pelas três metodologias empregadas para a análise conjunta de dados quantitativos e qualitativos são altamente correlacionadas entre si.

3. A conversão das matrizes obtidas em nível de planta para o nível de família tem grande potencial para estudos de dissimilaridade com dados multicategóricos obtidos em nível de planta.

4. As cultivares comerciais e as família F13 são dissimilares em relação às demais famílias de meios irmãos, já as famílias F8, F12, F14 e F22 apresentam pequena dissimilaridade entre si.

8.5. Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do estado de Minas Gerais (FAPEMIG), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsas de estudos e recursos financeiros para o desenvolvimento do projeto.

8.6. Referências bibliográficas

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; FERNANDES, J.S.C.; PEDROSA, C.E.; VALADARES, N.R.; FERREIRA, M.A.M.; MARTINS, R.A.V. Divergência genética e importância de caracteres morfológicos em genótipos de couve. **Horticultura Brasileira**, v.32, p.48-54, 2014.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A.; VALÉRIO, I.P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.155-163, 2009.

BRAMARDI, S.J.; BERNET, G.P.; ASÍNS, M.J.; CARBONELL, E.A. Simultaneous Agronomic and Molecular Characterization of Genotypes via the Generalised Procrustes Analysis: An Application to Cucumber. **Crop Science**, v.45, 2005.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulação**. Viçosa: Ed. UFV, 2006. 175p.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.35, p.271-276, 2013.

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa: UFV, 2008. 402p.

GOMES, C.N. Caracterização morfo- agrônômica e diversidade genética em mandioca *Manihot esculenta* Crantz. 72p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras. 2007.

GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; KARASAWA, M. C.P.; SUDRÉ, C.P. Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. **Genetics and Molecular Research** v.7, p.1289-1297, 2008.

IBPGR. **Descriptors for Brassica and aphanus**. Rome: International Board for Plant Genetic Resources, 1990. 58p.

IVOGLIO, M.G.; FAZUOLI, L.C.; OLIVEIRA, A.C.B. de; GALLO, P.B.; MISTRO, J.C.; SILVAROLLA, M.B.; TOMA-BRAGHINI M. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, v.67, p.823-83, 2008.

MARTINS, F.A. ; CARNEIRO, P.C.S. ; SILVA, D.J.H. ; CRUZ, C.D. ; CARNEIRO, J.E.S. . Integração de dados em estudos de diversidade genética de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.1496-1502, 2011.

MARTINS, I.S.; PIRES, I.E.; OLIVEIRA, M.C. Divergência genética em progênies de uma população de *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH. **Floresta e Ambiente**. v.9, p.81-89, 2002.

MOURA, M.C.C.L.; GONÇALVES, L.S.A.; SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, T.N.S. Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimenta. **Horticultura Brasileira**, v.28, p.155-161, 2010.

NEGREIROS, J.R.S.; BERGO, C.L.; MIQUELONI, D.P.; LUNZ, A.M.P. Divergência genética entre progênies de pupunheira quanto a caracteres de palmito. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v.48, p.496-503, 2013.

OLIVEIRA, M.S.P; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. Divergência genética entre acessos de açaizeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v.42, n.4, p.501-506, 2007.

SILVA, A.R.; DIAS, C.T.S. A cophenetic correlation coefficient for Tocher's method. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v.48, p.589-596, 2013.

VIEIRA, E.A.; CARVALHO, F.I.F.; BERTAN, I.; KOPP, M.M.; ZIMMER, P.D.; BENIN, G.; SILVA, J.A.G.; HARTWIG, I.; MALONE, G.; OLIVEIRA, A.C. Association between genetic distances in wheat (*Triticuma estivum* L.) as estimated by AFLP and morphological markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.30, p.392-399, 2007.

Tabela 1. Correlação entre matrizes de dissimilaridade (a cima da diagonal) e suas significâncias estimadas pelo teste Mantel (a baixo da diagonal) com 1000 simulações no estudo da divergência genética entre 24 famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa-MG, 2013.

	Matriz 1	Matriz 2	Matriz 3	Matriz 4	Método I	Método II	Método III
Matriz 1	-	0,931	0,974	0,498	0,871	0,843	0,867
Matriz 2	<0,001	-	0,911	0,474	0,817	0,872	0,816
Matriz 3	<0,001	<0,001	-	0,501	0,857	0,833	0,885
Matriz 4	<0,001	<0,001	<0,001	-	0,860	0,844	0,846
Método I	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	-	0,975	0,990
Método II	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	-	0,967
Método III	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	-

Matriz 1 (obtida pelo algoritmo de Gower com os dados quantitativos), Matriz 2 (distância de Mahalanobis obtidas com os dados quantitativos), Matriz 3 (complemento da coincidência simples obtidos a partir da transformação dos dados quantitativos em multicategóricos), Matriz 4 (complemento da coincidência simples obtida com os dados das características multicategóricas), Método I (média ponderada entre a matriz 1 e matriz 4), Método II (média ponderada entre a matriz 2 e a matriz 4), Método III (média ponderada entre a matriz 3 e a matriz 4).

Tabela 2. Agrupamento de Tocher obtidos por diferentes matrizes de dissimilaridade no estudo da divergência genética entre 24 famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa-MG, 2013.

	Matriz 1	Matriz 2	Matriz 3	Matriz 4	Método I	Método II	Método III
Grupo 1	F1, F5, F20, F6, F23, F16, F17, F15, F10, F21, F4, F7, F2, F19, F24, F8, F3, F9, F11, F14, F18, F12, F22	F15, F19, F24, F8, F2, F4, F9, F16, F21, F17, F7, F20, F10, F3, F23, F1, F14, F12, F5, F22	F1, F5, F15, F20, F23, F2, F16, F10, F17, F4, F7, F8, F18, F9, F21, F22, F3, F24, F11, F6, F13, F19, F14, F12	F1, F2, F7, F20, F21	F2, F21, F16, F7, F9, F24, F19, F4	F7, F20, F21, F2, F16, F4, F1, F23, F17	F2, F7, F21, F16, F9, F24, F4, F19
Grupo 2	C25, C26	F6, F18, F13, F11	C25, C26	F3, F4, F23	F8, F14, F12, F22	F9, F24, F19, F12	F10, F17, F5, F1, F23
Grupo 3	F13	C25, C26		F8, F14, C25	F6, F15	F8, F14, F22	F12, F14, F22, F8
Grupo 4				F10, F17	F1, F20, F17	F15, F18	F6, F15, F18
Grupo 5				F12, F22	F3, F23, F11	C25, C26	F3, F11, F13
Grupo 6				F15, F18	C25, C26	F3	C25, C26
Grupo 7				F9, F24	F5	F5	F20
Grupo 8				F13, F19	F10	F6	
Grupo 9				F5	F13	F10	
Grupo 10				F6	F18	F11	
Grupo 11				F11		F13	
Grupo 12				F16			
Grupo 13				C26			
Correlação cofenética (CC)							
	0,909	0,885	0,910	0,897	0,922	0,886	0,910
P valor para a significância da estimativa de CC (teste de mantel com 1000 simulações)							
	<0,001	<0,001	<0,001	0,003	<0,001	<0,001	<0,001

Matriz 1 (obtida pelo algoritmo de Gower com os dados quantitativos), Matriz 2 (distância de Mahalanobis obtidas com os dados quantitativos), Matriz 3 (complemento da coincidência simples obtidos a partir da transformação dos dados quantitativos em multicategóricos), Matriz 4 (complemento da coincidência simples obtida com os dados das características multicategóricas), Método I (média ponderada entre a matriz 1 e a matriz 4), Método II (média ponderada entre a matriz 2 e a matriz 4), Método III (média ponderada entre a matriz 3 e a matriz 4).

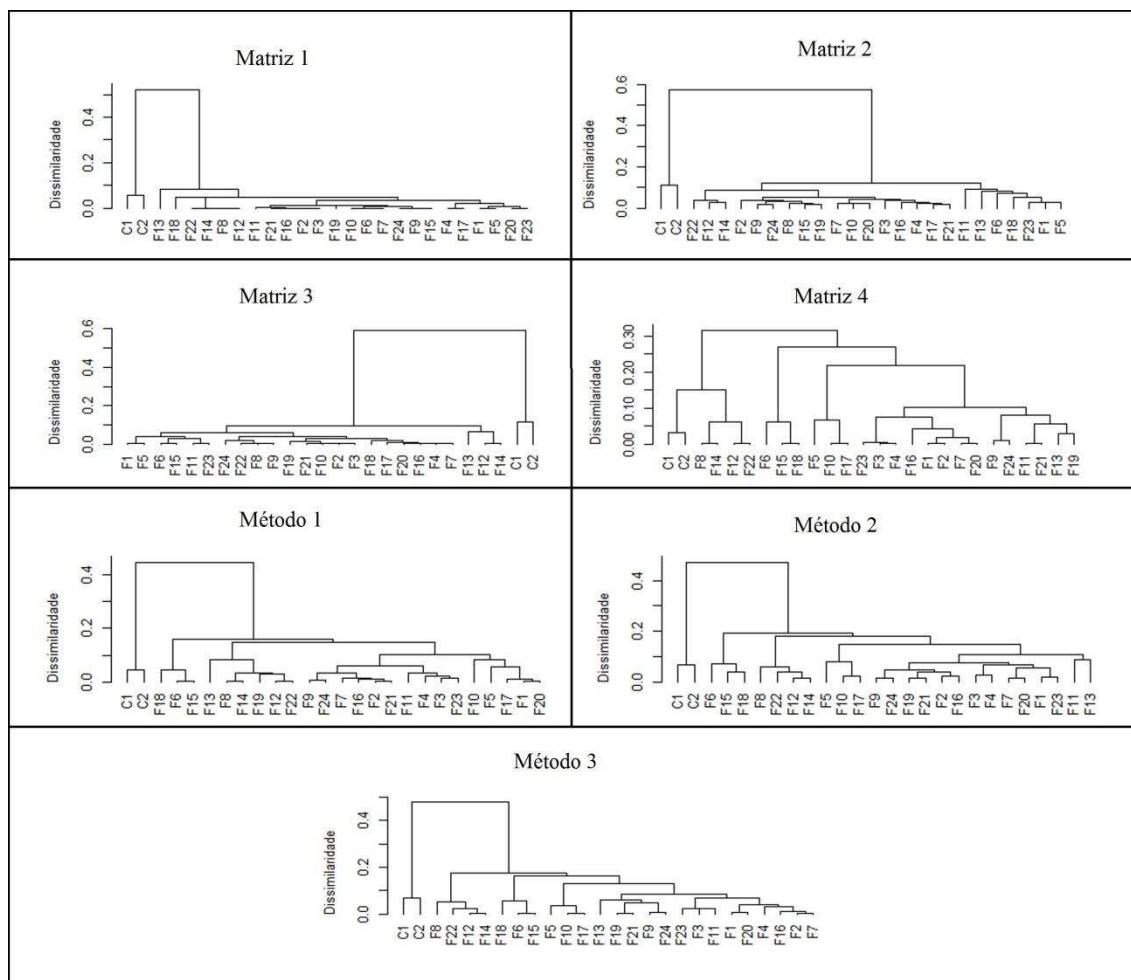


Figura 1. Dendrogramas obtidos por diferentes matrizes de dissimilaridade utilizando o método UPGMA no estudo da divergência genética entre 24 famílias de meios irmãos de couve. UFV, Viçosa-MG, 2013.

9. CONCLUSÕES GERAIS

- O uso da transformação Box-Cox não influencia na seleção dos melhores genótipos, na estimativa de parâmetros genéticos e nem sempre garante o atendimento das pressuposições de normalidade e homocedasticidade;
- A seleção truncada para o número de folhas pode proporcionar ganhos de seleção indiretos favoráveis para todas as demais características avaliadas;
- O uso do índice de seleção baseada na média dos ranks indica a viabilidade da seleção simultânea para o melhoramento genético da população estudada;
- Com 8 colheitas é possível avaliar todas as características com um coeficiente de determinação superior a 85%;
- A conversão de matrizes de dissimilaridade do nível de planta para o nível de família apresenta grande potencial para estudos de dissimilaridade com dados multicategóricos obtidos em nível de planta;
- As cultivares comerciais e as família F13 são dissimilares em relação às demais famílias de meios irmãos, já as famílias F8, F12, F14 e F22 apresentam pequena dissimilaridade entre si.