



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE
SANTANA**



**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS
GENÉTICOS VEGETAIS**

JONATHAN SAID TEJEDA ORELLANA

**USO DE METODOLOGIAS DE MODELOS MISTOS NO
MELHORAMENTO GENÉTICO EM PROGÊNIES DE
PHYSALIS IXOCARPA BROT. VISANDO INCREMENTAR A
PRODUÇÃO DE FRUTOS**

Feira de Santana - BA

2022

JONATHAN SAID TEJEDA ORELLANA

**USO DE METODOLOGIAS DE MODELOS MISTOS NO
MELHORAMENTO GENÉTICO EM PROGÊNIES DE *PHYSALIS*
IXOCARPA BROT. VISANDO INCREMENTAR A PRODUÇÃO DE
FRUTOS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Recursos genéticos Vegetais, da Universidade Estadual de Feira de Santana como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Recursos Genéticos Vegetais.

Orientadora: Prof. Dra. Adriana Rodrigues Passos
Co-orientador: Prof. Dr. Luiz Cláudio Costa Silva

Feira de Santana - BA

2022

BANCA EXAMINADORA



Prof. Dr. Pedro Crescêncio Souza Carneiro
Universidade Federal de Viçosa - UFV



Prof. Dr. Manoel Abílio de Queiroz
Universidade do Estado da Bahia – UNEB



Profa. Dra. Adriana Rodrigues Passos
Universidade Estadual de Feira de Santana – UEFS
Orientadora e Presidente da Banca

Feira de Santana - BA

2022

Ficha Catalográfica - Biblioteca Central Julieta Carteado - UEFS

Orellana, Jonathan Said Tejada

O77u Uso de metodologias de modelos mistos no melhoramento genético em progênies de *Physalis ixocarpa* Brot. visando incrementar a produção de frutos. / Jonathan Said Tejada Orellana. – 2021.
95 f.: il.

Orientadora: Adriana Rodrigues Passos

Co-orientador: Luiz Cláudio Costa Silva

Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual de Feira de Santana, Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Feira de Santana, 2021.

1. Tomate de cáscara. 2. Fitomelhoramento. 3. Variabilidade genética. I. Passos, Adriana Rodrigues, orient. II. Silva, Luiz Cláudio Costa, co-orient. III. Universidade Estadual de Feira de Santana. IV. Título.

CDU: 582.951.4

Maria de Fátima de Jesus Moreira - Bibliotecária - CRB-5/1120

Por todo o apoio incondicional desde o meu primeiro dia na terra, a meus pais dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus pela vida, por me dar a oportunidade de cumprir meus sonhos, e por ter me concedido a fortaleza para dar o melhor de mim, sempre.

A meus pais (Marcio e Daisy), por ter me apoiado durante a vida toda, pelos ensinamentos, carinho, amor e as palavras de motivação de cada dia, especialmente, no decorrer do mestrado.

A meus avós (Francisco, Irma e Clara), por serem uma parte importante da minha formação como pessoa, e pelas lembranças que vivem e viverão para sempre no meu coração, lembranças que me dão muita força.

A meu irmão Marcito, a Pame, à minha família, e aos meus amigos, por sempre acreditar e torcer por mim.

Muito obrigado ao Brasil por ter me acolhido tão bem, por me ensinar sua língua, por me mostrar sua linda cultura, pelo carinho, pela amabilidade, e sobretudo, por ter me apresentado pessoas tão especiais que se tornaram uma família para mim.

A meu amigo e ex professor Alexis Rodriguez, por ter sido um grande apoio desde 2013. A Harol, Luis e Rubens, por terem me acolhido como família, e por serem amigos para a vida.

Aos professores Adriana Passos e Luiz Costa, principalmente pela amizade, também pelo carinho, ensinamentos e pela responsabilidade na minha formação como pessoa e profissional.

Aos amigos que levo para a vida: Williano, Rafael e Edgar, pela ajuda durante meu trabalho experimental no campo e pela enorme amizade.

Aos meus amigos da turma e do Horto Florestal, que foram muito especiais comigo desde o primeiro dia: Áddla, Romeu, Simonica, Andressa, Uasley, Marinho, Rosebrando, Daniela, Josandra, Lua, Aritana, Mauri, Robson, Flávio, Jainara e Jefferson.

Aos professores Cosme Damião Cruz, Marcos Deon Vilela de Resende e Rodrigo Alves, por terem me ajudado bastante (mesmo sem conhecer pessoalmente) na utilização de softwares, importantes para o desenvolvimento da minha pesquisa, muito obrigado.

Aos funcionários do Horto Florestal, pela amizade e pela enorme ajuda.

À Universidade Estadual de Feira de Santana e ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, pela oportunidade e pela excelente formação.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001

RESUMO

A espécie *Physalis ixocarpa* Brot., “tomate de cáscara”, é nativa do México e possui grande potencial na agroindústria, podendo ser até substituta do tomate. Devido à necessidade na geração de híbridos ou cultivares, no presente estudo, foram procuradas progênies que possuam altos rendimentos, buscando estabelecer a cultura na região Nordeste do Brasil. Na primeira parte foram selecionadas progênies de *P. ixocarpa* promissoras dentro de uma população de 15 progênies de meio-irmãos, pertencente ao Horto Florestal da UEFS, visando incrementos na produção de frutos. Para isso, foi utilizada a metodologia “REML-BLUP” dos modelos mistos, com auxílio de diferentes técnicas multivariadas, como o estudo de correlações, técnicas de agrupamento, componentes principais e índices de seleção. Dessa maneira, as progênies 98R, 173V, 92V, 189R e 128R foram selecionadas. Já na segunda parte, foram realizados cruzamentos entre essas progênies selecionadas usando um esquema dialélico parcial 3 x 2; considerando o estudo prévio de divergência genética, visando incrementar a heterose e a fixação de alelos favoráveis. Foram investigadas estratégias de seleção para populações F₁ de *Physalis ixocarpa*, considerando o estudo da capacidade de combinação, heterose, correlações fenotípicas, análise de trilha e índices de seleção. Se destacaram os genitores 92V e 173V, devido aos altos valores de CGC. Apesar de não ter encontrado significância para CEC, foi encontrada heterose para os descritores produção de frutos e número de frutos por planta nos híbridos PI02 e PI05, e, portanto, são recomendados para aumentar a produção de frutos da população. Porém, mediante os índices de seleção, foram selecionadas as progênies: PI02, PI04, PI05, 92V e 173V, como população base para as seguintes fases de melhoramento.

Palavras chave: Tomate de cáscara. Fitomelhoramento. Variabilidade genética. Análise Multivariada.

ABSTRACT

The species *Physalis ixocarpa* Brot., “tomate de cáscara”, is native to Mexico and has great potential in the agroindustry, and can even be a substitute for tomatoes. Due to the need for the generation of hybrids or cultivars, in this study, progenies with high yields were sought, seeking to establish the culture in the Northeast region of Brazil. In the first part, promising *P. ixocarpa* progenies were selected from a population of 15 half-sib progenies, belonging to the UEFS Forest Garden, aiming to increase productivity. For this, the “REML-BLUP” methodology of mixed models was used, with the aid of different multivariate techniques, such as the study of correlations, clustering techniques, principal components and selection indices. Thus, the 98R, 173V, 92V, 189R and 128R progenies were selected. In the second part, crosses were performed between these selected progenies via a 3 x 2 partial diallel scheme; considering the previous study of genetic divergence, aiming to increase heterosis and fixation of favorable alleles. Selection strategies for F1 populations of *P. ixocarpa* were investigated, considering the study of combining ability, heterosis, phenotypic correlations, path analysis and selection indices. Parents 92V and 173V stood out, due to the high values of CGC. Despite not having found significance for SCC, heterosis was found for the descriptors fruit production and number of fruits per plant in hybrids PI02 and PI05, therefore they are recommended to increase population productivity. However, through the selection indexes, the following progenies were selected: PI02, PI04, PI05, 92V and 173V, as base population for the following stages of improvement.

Keywords: Tomate de Cáscara. Phytoimprovement. Genetic variability. Multivariate analysis.

SUMÁRIO

1.0 INTRODUÇÃO GERAL	10
1.1 Gênero <i>Physalis</i>	11
1.2 <i>Physalis ixocarpa</i> Brot.: origem, distribuição, aspectos botânicos e econômicos	12
1.3 Variabilidade genética e melhoramento de <i>P. ixocarpa</i>	14
1.4 Modelos mistos	15
1.5 Estimativas de parâmetros genéticos	16
1.6 Divergência genética	17
1.7 Correlações, rede de correlações e análise de trilha	18
1.8 Capacidade de combinação	19
1.9 Índice de seleção	20
2.0 Referências	20
CAPÍTULO 1: Avaliação e seleção de progênies de meio-irmãos em <i>Physalis ixocarpa</i> Brot. visando melhoramento para a produção de frutos	25
1. Introdução	28
2. Material e métodos	29
3. Resultados	34
4. Discussão	43
5. Conclusões	48
6. Referências	48
CAPÍTULO 2: Dialelo parcial em <i>Physalis ixocarpa</i> Brot. visando melhoraria da produção de frutos	50
1. Introdução	56
2. Material e métodos	58
3. Resultados	66
4. Discussão	75
5. Conclusões	83
6. Referências	83
CONCLUSÃO GERAL	88
ANEXOS	89

1.0 INTRODUÇÃO GERAL

1.1 Gênero *Physalis*

Juntamente com os gêneros *Capsicum* e *Solanum*, o gênero *Physalis* faz parte da família Solanaceae, e pode ser considerada uma hortaliça não convencional. Várias espécies do gênero são fonte de vitamina A e C, carotenoides, ferro, entre outros compostos, e podem ser utilizados *in natura*, em molhos picantes ou até transformados em sucos ou geleias (A LAVOURA, 2016). Esse gênero, apresenta uma ampla distribuição no mundo, abrangendo espécies em todos os continentes (Figura 1).

Um grande destaque do gênero é o fato de várias espécies apresentarem importância farmacêutica, devido à presença de compostos ou substâncias de interesse farmacológico, tais como vitaesteroides, vitafisalinas, flavonoides, acnistinas, ixocarpalactonas, perulactonas e fisalinas (TOMASSINI et al., 2000). A Colômbia é o maior produtor de *Physalis* no mundo, diferente do Brasil, onde não é amplamente cultivada. Tendo em vista a importância do gênero, versatilidade de usos, escassez em pesquisas e potencial de uso e exploração em nossas condições edafoclimáticas, o Brasil necessita viabilizar um maior conhecimento do gênero, promovendo a popularização e, assim, torná-la atrativa no mercado interno de pequenas frutas e verduras.

Montes e Aguirre (1992) referem-se ao fato de que o nome do tomate provém do “*tomatl*”, expressão genérica para plantas com frutos globosos ou bagas, com numerosas sementes, polpa aquosa e, frequentemente, encerradas em uma membrana. O nome *Physalis* vem do grego “*physa*”, tendo como significado bolha ou bexiga, fazendo referência ao cálice que encerra os frutos (TOMASSINI et al., 2000).

No território mexicano, usos gerais são associados a 15 espécies (comestíveis, industriais, medicinais, vegetais, ornamentais, forrageiros), o que representa 24% dos 70% reconhecidos, a partir do qual a raiz, o caule, as folhas, os frutos e o cálice são usados; na medida em que os usos das espécies cultivadas e silvestres de *Physalis* sejam conhecidos e disseminados, o processo de utilização será apropriado, havendo maior aproveitamento dos recursos do táxon, associado às melhores estratégias de conservação (SANTIAGUILLO e YÁÑEZ, 2009).



Figura 1. Mapa de distribuição do gênero *Physalis* no mundo. Fonte: <http://www.discoverlife.org>

1.2 *Physalis ixocarpa* Brot.: origem, distribuição, aspectos botânicos e econômicos

A classificação taxonômica de *Physalis ixocarpa* Brot. (JONES, 1986) é mostrada a seguir. Reino: Vegetal; Divisão: Magnoliophyta; Classe: Magnoliopsida; Subclasse: Dicotyledoneae; Ordem: Solanales; Família: Solanaceae; Gênero: *Physalis*; Espécie: *Physalis ixocarpa* Brot. A espécie *P. ixocarpa*, também conhecida como “tomate de cáscara” e “tomatillo”, é nativa e amplamente cultivada no México, já que foi domesticada pelos povos mesoamericanos (LIRA et al., 2019). Entretanto, apresenta uma distribuição regular no mundo, concentrando-se nas Américas Central e Norte, e parte da Europa (Figura 2).

A *P. ixocarpa* pode ser cultivada num sistema irrigado ou de sequeiro e, praticamente, o ano todo, nos ciclos primavera-verão e outono-inverno. A planta tem porte ereto, semiereto e prostrado; os frutos variam em tamanho, podendo ser grandes ou pequenos, como também em coloração, podendo ser verdes, amarelos ou roxos (Figura 3), e no sabor, oscilando entre ácido e doce. A polinização é realizada por insetos polinizadores, principalmente pelas abelhas (Figura 4). Em que pese a ampla exploração da espécie em países como México, observa-se a necessidade de realização de maiores estudos visando explorar suas potencialidades e melhorar seus atributos (LOMELÍ et al., 2018). Frente a isso, faz-se necessário a realização de estudos de melhoramento para a espécie, principalmente, para atender às condições regionais brasileiras.

No México, no ano de 2017, foram plantados 43 mil hectares, resultando em um volume de produção de 773 mil toneladas, com um rendimento médio de 18,1 toneladas por hectare, e consumo *per capita* de 5,1 kg por ano. O volume total da produção nacional, para o mesmo ano, proporcionou um benefício econômico de MXN 3,515 bilhões. Esse volume cobre a demanda doméstica, e os excedentes são exportados, representando um benefício econômico

de US \$73,4 milhões. O principal comprador é o mercado dos EUA, embora também seja exportado para Inglaterra, Holanda e Espanha (SIAP, 2017).



Figura 2. Mapa de distribuição da espécie *Physalis ixocarpa* Brot no mundo. fonte: <http://www.discoverlife.org>



Figura 3. Frutos de *Physalis ixocarpa* Brot variedade verde (A) e roxa (B).



Figura 4. Polinização realizada por abelha em flor de uma planta de *Physalis ixocarpa* Brot.

1.3 Variabilidade genética e melhoramento de *P. ixocarpa*

A humanidade tem duas grandes preocupações: alimentação e segurança (SPONCHIADO, 2018). O crescimento demográfico está em ampla ascensão, o que vai demandar grandes incrementos para quantidade e qualidade de alimentos. Para atender a essa crescente exigência, o melhoramento genético de plantas tem sido essencial, e iniciou quando o homem coletou as sementes que plantou em parcelas e em torno do seu habitat; presumivelmente, dentre essas, as sementes dos melhores indivíduos são escolhidas para a próxima sementeira, em relação às suas necessidades (LOMELÍ et al., 2004).

Para que o melhoramento da espécie possa alcançar avanços, é necessário entender seu sistema reprodutivo, e assim, estabelecer as estratégias do programa (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). Nesse sentido, a *P. ixocarpa*, caracteriza-se por apresentar autoincompatibilidade gametofítica, no momento da fecundação, um grão de pólen portador de um alelo, por exemplo, S_1 , não tem a capacidade de se desenvolver no estigma da mesma planta para fecundar uma oosfera portadora do mesmo alelo (Plantas S_1S_2 e S_1S_3 por exemplo), sendo a principal causa a formação de um dímero de glicoproteína. Esse é um mecanismo que as espécies de polinização cruzada ou alógamas utilizam para evitar depressão por endogamia (PEREIRA, 2014), que amplia a variabilidade para a espécie em questão, sendo vantajoso para o programa de melhoramento.

No México, com a ideia de resgatar a variabilidade, existem alguns Bancos de Germoplasma, sendo chamada preservação *ex situ*; ao contrário da conservação *on farm*, que é formada amplamente pelas variedades nativas locais utilizadas ano a ano pelos agricultores. No que tange à concentração da variabilidade genética da espécie, *P. ixocarpa* é encontrada em populações silvestres coletadas, populações silvestres não coletadas, variedades crioulas e populações melhoradas (LOMELÍ, 2007). Na Universidade Estadual de Feira de Santana é mantida uma coleção de progênies de meio-irmãos maternos, variedade verde e roxa, trazida dos Estados Unidos. Devido à alta heterozigose nas populações resultante da alogamia, as chances para aproveitar a variabilidade genética para melhorar os descritores de interesse do programa de melhoramento são significativas (PEREIRA, 2014).

Dentro dos diferentes tipos de espécies que o homem cultiva, existe variabilidade em cada uma delas, podendo ser de natureza genética ou ambiental, sendo a genética de maior importância para o melhorista, já que esta é herdável. Nesse sentido, compete a cada melhorista a determinação da proporção de ação genética e ambiental, quanto à expressão dos descritores de importância, com o objetivo de prever o progresso ou ganho genético esperado (BORÉM e MIRANDA, 2013).

No México, devido à autoincompatibilidade da espécie, os programas mais apropriados para o melhoramento genético em *P. ixocarpa* têm sido focados em seleção massal, familiar e combinada (LOMELÍ et al., 2002). Segundo Falconer (1984), a variância entre médias de famílias de meio-irmãos estima apenas um quarto da variância aditiva total. Nesse esquema, um mesmo número de indivíduos tem que ser selecionados em cada uma das famílias superiores, os quais irão compor os pomares de sementes por mudas ou clones (KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983). Entretanto, o autor diz que essa aplicação gera ganhos adicionais tendo em vista que é explorada a porção da variância que não foi utilizada na seleção.

Trabalhos de melhoramento já vem sendo desenvolvidos pela Universidade Estadual de Feira de Santana-BA, onde estão depositadas progênies de meio-irmãos das espécies *P. philadelphica*, *P. ixocarpa*, variedade verde e roxa, e materiais oriundos de coletas de *P. angulata*. Os acessos armazenados nestes bancos estão sendo utilizados em pesquisas com o objetivo de explorar o seu potencial alimentício, medicinal, germinativo e resistência a condições adversas do clima e solo. Estudos de pré-melhoramento, com o intuito de conhecer o comportamento reprodutivo dessas espécies e o nível de diversidade genética apresentado entre os acessos, visando a utilização destes em futuros trabalhos de melhoramento, têm sido realizados. Aliados a esses trabalhos, o programa de melhoramento genético tem avançado, e encontra-se em fase de desenvolvimento de populações fixas e segregantes com o intuito de obter progênies promissoras, visando incrementos em substâncias de interesse farmacológico, maior produção e qualidade de frutos. Essas etapas permitirão avanços no programa de melhoramento da espécie, viabilizando a obtenção de materiais adaptados, fornecendo uma nova alternativa para os produtores da região Semiárida, utilizando cultivo irrigado e de sequeiro.

1.4 Modelos mistos

No melhoramento genético vegetal, durante muito tempo, a análise de variância (ANOVA) e a análise de regressão foram as principais análises estatísticas utilizadas. Não obstante, estas metodologias têm limitações para trabalhar com dados desbalanceados e com o parentesco entre os tratamentos ou genótipos (RESENDE, 2006). Além disso, para a estimação das médias dos genótipos geralmente tem sido utilizados os modelos fixos, ainda quando estes constituem uma amostra de uma população; sendo que, o mais correto seria considerar o fator genético como aleatório. Em vista disso, o uso dos modelos mistos seria o mais apropriado (DUARTE e VENCOVSKY, 2001).

Os modelos mistos foram empregados pela primeira vez no melhoramento genético animal (HENDERSON, 1945). Os componentes de variância obtidos pelo uso dos modelos fixos podem ser interpretados por meio da soma de quadrados, porém antes de sua utilização é necessário atender vários pressupostos; como por exemplo a distribuição normal dos resíduos e homogeneidade de variâncias. Já os modelos mistos têm uma grande flexibilidade de abordagem, por permitir o uso de modelos baseados em suposições mais realistas, onde se consideram tanto heterogeneidade de variâncias quanto presença de covariâncias e correlações (RESENDE, 2006).

Portanto, Resende (2007) recomenda a utilização da técnica REML-BLUP; estimador restrito de máxima verossimilhança (Restricted maximum likelihood estimation - REML) e o Melhor Preditor Linear não-viesado (Best Linear Unbiased Predictor - BLUP), respectivamente, visando aperfeiçoar a estimação e predição de componentes de variância e valores genéticos, possibilitando, assim, a comparação de indivíduos ou variedades através do tempo e espaço, a correção simultânea de efeitos ambientais, além de permitir o uso de dados desbalanceados. Na análise de modelos mistos com dados desbalanceados, os efeitos do modelo não são testados via teste F tal como se faz no ANOVA. Portanto, para os efeitos aleatórios, o teste cientificamente recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LTR) (RESENDE, 2006).

1.5 Estimativas de parâmetros genéticos

A estimação dos componentes da variância genética pode ser realizada por meio de desenhos genéticos, os quais são planos de cruzamentos entre indivíduos de uma população com o objetivo de estudar teoricamente os efeitos e variações genéticas que aparecem na progênie. Esses estudos permitem relacioná-los aos dados empíricos de tais progênies, além de poder estimar os parâmetros genéticos de interesse (LOMELÍ et al., 2004).

A predição dos valores genéticos, dentro de uma população sob seleção, necessita de componentes de variância estimados com precisão. A estimação dos componentes de variância, por meio do REML, e a predição linear não viciada de valores genéticos, pelo BLUP, têm sido empregadas no melhoramento de espécies perenes e anuais (NASCIMENTO, 2010).

Segundo Robinson e Cockerham (1965), os parâmetros genéticos de importância para os melhoristas, e que são frequentemente visados nos estudos de progênies, se referem às variâncias genéticas aditivas e não aditivas, ao coeficiente de herdabilidade no sentido amplo e restrito, às interações entre os efeitos genéticos e ambientais e, finalmente, às correlações genéticas entre descritores.

A variabilidade fenotípica é o resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e de ambiente, sendo de grande importância para o melhorista na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para condução de testes de avaliação da produção de frutos e do número de repetições, bem como na obtenção dos ganhos de seleção. Muitas vezes, as variações de ambiente ofuscam as de natureza genética. Quanto maior for a proporção da variabilidade decorrente do ambiente, em relação à variabilidade total, mais difícil será selecionar fenótipos de maneira efetiva. Nesse sentido, seria mais útil a utilização do parâmetro herdabilidade no sentido restrito, por quantificar a importância relativa da proporção aditiva que pode ser transmitida para a próxima geração em um descritor determinado (BORÉM e MIRANDA, 2013).

Parâmetros genéticos têm sido muito importantes para *P. ixocarpa*, e Lomelí et al. (2002, 2004, 2008, 2013) relataram que a variância genética aditiva se apresentou como a principal responsável pela variação total em descritores relacionados à produtividade, como a produção de frutos e o número de frutos por planta, tendo, conseqüentemente, altos valores de herdabilidade no sentido restrito. Isto, apontou altas possibilidades de sucesso quanto à seleção artificial nas populações sob estudo.

1.6 Divergência genética

Os métodos aglomerativos são métodos multivariados que foram desenvolvidos para o estudo de divergência genética, tendo como característica principal a utilização de medidas de dissimilaridade ou distâncias entre genótipos, destacando a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis (BARROSO, 2010; PEREIRA, 2014).

A utilização das metodologias de agrupamento tem como objetivo reunir unidades amostrais ou indivíduos em grupos, visando colocar unidades similares no mesmo grupo e unidades dissimilares em grupos diferentes; essas técnicas proporcionam critérios objetivos para que o agrupamento garanta homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre eles (DUARTE, 1997). São duas as etapas que esse procedimento implica: a estimação das medidas de dissimilaridade entre os indivíduos e o emprego de técnicas de agrupamento para formar os grupos (PEREIRA, 2014).

Os agrupamentos hierárquicos e de otimização são as metodologias de agrupamento mais utilizadas no melhoramento genético de plantas (SILVA, 2011). Para corroborar o ajuste, entre a matriz de dissimilaridade genética e a matriz resultante do método de agrupamento, é utilizado o coeficiente de correlação cofenética, tendo esse valor a função de definir em que grau um método de agrupamento utilizado foi adequado (SOUSA, 2018). Em *P. ixocarpa*, não

foram desenvolvidos muitos estudos de agrupamento, porém, Khan et al. (2019), em um trabalho realizado com descritores morfoagronômicos, relataram que o uso da técnica foi eficiente para a formação de grupos, sendo uma estratégia útil para as fases seguintes de melhoramento.

Para conhecer a contribuição de cada descritor utilizado no experimento sobre a variação total disponível, foi elaborada a técnica dos componentes principais, que foi inicialmente descrita por Pearson (1901), e posteriormente aplicada por Hotelling (1933, 1936) em múltiplas áreas da ciência. A análise consiste na transformação de um conjunto original de descritores em outro conjunto de dimensão equivalente, sendo que cada componente principal é uma combinação linear do conjunto de descritores originais. Um fator muito importante nas pesquisas agrícolas é que essa análise possibilita a redução do tempo, mão de obra e custo, já que se podem descartar descritores que não tiveram uma contribuição significativa quanto à variação total do experimento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Santana et al. (2019), trabalhando com componentes principais de *Physalis* spp., identificaram acessos e descritores com grande potencial de discriminação, sendo de muita importância para as estratégias seguintes de melhoramento a serem usadas.

1.7 Correlações, rede de correlações e análise de trilha

A utilidade das correlações reside na possibilidade de estimar o efeito que a seleção baseada em um descritor teria em outros descritores, além de permitir a seleção indireta (FALCONER, 1984). A influência de fatores ambientais afeta negativamente a expressão do nível de correlação entre descritores (CAMACHO; CABRERA; GARCÍA, 2005). As correlações entre os descritores geralmente dependem do grau de herdabilidade; se for baixa, a correlação fenotípica será determinada principalmente pela correlação ambiental, mas se a herdabilidade for alta, a correlação genética é a mais importante.

No melhoramento genético, estimativas de correlação são comumente utilizadas para a tomada de decisões quanto à seleção de genótipos, porém quando se têm uma grande quantidade de descritores, dificulta-se a realização de uma análise mais robusta. Nesse sentido, uma técnica para facilitar esse trabalho são as redes de correlações, onde as correlações podem ser vistas de um modo gráfico e menos complexo (EPSKAMP et al., 2012). Em *P. ixocarpa*, estudos de correlação têm sido feitos por Lomelí et al. (2004), e tais autores relataram alta correlação positiva entre descritores relacionados com o aumento da produção de frutos, podendo direcionar o programa de melhoramento para incrementar o rendimento da população sem

dificuldades. Lomelí et al. (2013), na mesma espécie, se baseando em descritores correlacionados, demonstraram a eficiência da seleção indireta.

Apesar dos coeficientes de correlação serem de grande importância para a quantificação das medidas de associação e direção entre descritores, não contemplam as relações dos efeitos diretos e indiretos (causa e efeito) (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Com o fim de realizar desdobramentos do coeficiente de correlação, foi elaborada a análise de trilha, desenvolvida por Wright (1921 e 1923) e pormenorizada por Li (1975). Este tipo de análise se baseia na realização de um estudo dos efeitos diretos e indiretos sobre um descritor básico, onde são obtidas estimativas através de equações de regressão, em que existe uma padronização dos descritores sob estudo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

No entanto, para evitar problemas de interpretação biológica na análise de trilha, é aconselhável realizar o diagnóstico de multicolinearidade na matriz de correlação dos descritores explicativos, de modo que quando são encontrados problemas por multicolinearidade é recomendado a exclusão de descritores. Porém, como alternativa à exclusão de descritores podem-se adicionar valores de k somados à diagonal da matriz de correlação, buscando selecionar o menor valor de k para estabilizar as estimativas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

1.8 Capacidade de combinação

A análise dialélica é uma ferramenta valiosa para os melhoristas, pois fornece estimativas úteis para a seleção de genótipos promissores na criação de híbridos, bem como para a compreensão da magnitude dos efeitos que determinam características genéticas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Os cruzamentos dialélicos têm distinção pela grande quantidade de pesquisas e adaptações das metodologias para situações particulares, como por exemplo a utilização de dialelos estatisticamente desbalanceados, dos quais podem ser citados os dialelos circulantes (KEMPTHORNE e CURNOW, 1961), dialelos parciais (MIRANDA FILHO e GERALDI, 1984) e cruzamentos fatoriais (COMSTOCK e ROBINSON, 1948).

Devido à dificuldade de avaliar um grande número de progênies, dialélicos parciais são bastante utilizados porque seu esquema baseia-se em cruzamentos entre genitores de grupos diferentes, tendo como resultado uma menor quantidade de populações híbridas. Os conceitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), definidos por Sprague e Tatum (1942), têm sido amplamente utilizados no melhoramento genético de várias espécies de importância agrônômica. Nass et al. (2000) afirmam que quando o melhorista tem como objetivo do programa o desenvolvimento de variedades, a CGC tem

mais importância do que CEC, sendo que este último se torna mais relevante quando o objetivo do experimento é o desenvolvimento de híbridos.

Em *P. ixocarpa*, visando incrementar a produção de frutos da cultura, estudos de capacidade de combinação têm sido de muita utilidade. Lomelí et al. (1998), Sahagún-Castellanos et al. (1999), e Camposeco-Montejo et al. (2015), obtiveram resultados interessantes após terem realizado estudos dialélicos, podendo definir as estratégias de melhoramento mais adequadas para as fases seguintes, com o intuito de aproveitar o potencial genético das populações sob estudo. Consequentemente, os autores relataram incrementos marcados quanto às estimações de rendimento para a produção de frutos.

1.9 Índice de seleção

A seleção de progênies superiores é uma tarefa muito rigorosa, pois descritores importantes, principalmente quantitativos, possuem uma herança complexa, além de serem altamente influenciados pelo ambiente. Em geral, esses caracteres estão inter-relacionados, em magnitude e direção variáveis, de modo que a seleção em um, causa mudanças em outro. Assim sendo, para novos ciclos de seleção no melhoramento genético, a quantificação de ganhos diretos e indiretos e a identificação de genótipos superiores são de fundamental importância (CRUZ, 2006).

Quando a seleção é realizada com base em um índice, combinando uma série de informações sobre os indivíduos candidatos à seleção, são esperadas respostas máximas nos valores genéticos desses indivíduos e, consequentemente, maior precisão na seleção (SAMPAIO; RESENDE; ARAÚJO, 2000; PAULA et al., 2002).

Algumas comparações sobre índices de seleção com relação à seleção direta permitem concluir que o uso de índices como critério de seleção fornece resultados relativamente superiores. Geralmente, o ganho direto sobre determinado descritor será reduzido, no entanto, essa redução será retribuída a uma melhor distribuição de ganhos favoráveis nos outros descritores. Os diferentes índices representam alternativas diferentes para seleção e, consequentemente, nos ganhos, fazendo a identificação dos genótipos mais adequados de forma rápida e eficiente para os fins do programa de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

2.0 REFERÊNCIAS

A LAVOURA. **Physalis: alto valor agregado e nutracêutico**. Disponível em:

https://www.embrapa.br/documents/1355126/10765216/2016_11_01+Revista+A+Lavoura+-+Physalis+%28NCO+via+AE%29.pdf/510d8e58-2d03-4cea-a99c-b41885218083.

Acesso em: 02 de abr. 2020.

BARROSO, N. C. **Categorização de dados quantitativos para estudos de divergência genética**. 2010. 99 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) - UFV, Viçosa, Minas Gerais.

BERMEJO, H.; LEÓN, J. **Tomate de cáscara (*Physalis philadelphica*)**. In: Montes, H. S.; Aguirre, J. R. FAO. Cultivos marginados, otra perspectiva de 1942. Roma, Italia: Producción y protección vegetal, 1992. p. 115-120.

BORÉM, Aluizio; MIRANDA, Glauco. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 530 p.

BORÉM, Aluizio; MIRANDA, Glauco; FRITSCHÉ-NETO, Roberto. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa: Editora UFV, 2017. 543 p.

CAMACHO, M. E.; CABRERA, F. A. V.; GARCÍA, D. B. Correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales en *Cucurbita moschata* Duch. Ex Poir. **Acta Agronómica**, Palmira, Colômbia, v. 54, n. 1, 2005.

CAMPOSECO-MONTEJO, N. C.; TORRES, V. R.; AGUILAR, L. A. V.; GODINA, F. R.; VILLAREAL, R. M.; MENDOZA, A. B. Estimation of the combining ability of husk tomato populations. **Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas**, v. 6, 2015.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**, v. 4, n. 4, p. 254-266, 1948.

CRUZ, Cosme. **Programa GENES: Biometria**. 1ed. Viçosa: Editora UFV, 2006. 382 p.

CRUZ, Cosme; REGAZZI, Adair; CARNEIRO, Pedro. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.

DUARTE, J. B. **Princípios e utilização de técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1997. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - USP, Piracicaba, São Paulo.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimación e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 1, p. 109-117, 2001.

EPSKAMP, S.; CRAMER, A. O. J.; WALDORP, L. J.; SCHMITTMANN, V. D.; BORSBOOM, D. qgraph: network visualizations of relationships in psychometric data. **Journal of Statistical Software**, v.48, p.1-18, 2012.

FALCONER, Douglas. **Introduction to the quantitative genetics**. 3. ed. New York: Longman Scientific & Technical, 1984.

HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, p.423-447, 1975.

HOTELLING, H. Analysis of a complex of statistical variables into principal components. **J. Educ. Psychol.**, Washington, D.C., v. 24, p. 417-441, 1933.

HOTELLING, H. Simplified calculation of principal components. **Psichometrika**, Baltimore, v. 1, p. 27-35, 1936.

JONES, Samuel. **Plant systematics**: 2. Ed. Mc. Graw-Hill, Inc., 1986.

KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progenies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **Scientia Forestalis**, Piracicaba - SP, n. 24, p. 9-26, 1983.

KHAN, W.; BAKHT, J.; KHAN, B. M.; NAEEM, I.; UDDIN, M. N.; PADDER, B. A. Morphometric and genetic characterization of medicinally important accessions of *Physalis ixocarpa* Brot. **Bangladesh Journal of Botany**. v.48, p.105-111, 2019. 10.3329/bjb.v48i1.47421

KEMPTHORNE, O; CURNOW, R. N. The partial diallel cross. **Biometrics**, v. 17, n. 2, p. 229-250, 1961.

LI, C, C. **Path analysis – a primer**. Boxwood: Pacific Grove, 1975. 346 p.

LIRA, N. M.; LOMELÍ, A. P.; SORIA, F. U.; HERNANDEZ, R. A. Weed control in husk tomato (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**, México, v. 25, n. 2, 2019.

LOMELÍ, A. P.; MOLINA, G. J. D.; CERVANTES, S. T.; MÁRQUEZ, S. F.; SAHAGÚN C. J.; ORTIZ, C. J. 1998. Heterosis intervarietal en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**, v.4, p.31-37, 1998.

LOMELÍ, A. P.; GALÁN, J. D. M.; SÁNCHEZ, F. M.; CASTELLANOS, J. S.; CERECERES, J. O.; SANTANA, T. C. Respuestas estimadas y observadas de tres métodos de selección en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Fitotecnia Mexicana**, México, v. 25, n. 2, p. 171-178, 2002.

LOMELÍ, A. P.; CONTRERAS, A. M.; PÉREZ, M. E. R.; CARBALLO, A. C.; PÉREZ, J. E. R.; MALDONADO, M. M. Parámetros genéticos de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) Variedad Verde Puebla. **Revista Fitotecnia Mexicana**, México, v. 27, n. 1, p. 1-7, 2004.

LOMELÍ, A. P.; GALÁN, J. D. M.; CASTELLANOS, J. S.; CERECERES, J.O.; SÁNCHEZ, F. M.; SANTANA, T. C.; HERNÁNDEZ, J. F. S. Parámetros genéticos en la variedad CHF1 Chapingo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**, v. 14, p. 5-11, 2008.

LOMELÍ, A.P.; RAMOS, H. G.; PÉREZ, J. E. R.; CASTELLANOS, J. S.; LIRA, N. M. Selección temprana en familias de medios hermanos maternos de tomate de cáscara de la raza puebla. **Revista Chapingo Serie Horticultura**, 19: 5-13, 2013.

LOMELÍ, A. P.; LIRA, N. M.; TORRES, A. G.; CELINO, F. Á. M.; GRAJALES, M. P. Polinización manual en dos variedades de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.) en invernadero. **Revista Chapingo Serie Horticultura**, México, v. 24, n. 1, p. 41-52, 2018.

LOMELÍ, A. P. **Recursos y mejoramiento genético de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.)**. 2007. 30 f. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético de Plantas) - UACH, Chapingo, México.

MIRANDA FILHO, J. B.; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, v. 7, n. 4, p. 677-688, 1984.

NASCIMENTO, A. G., **Parâmetros genéticos obtidos por modelos mistos em progênies e procedências da *Mimosa scabrella* Bentham (bracatinga)**. 2010. 108 f. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético de Plantas) - USP, Piracicaba, São Paulo.

NASS, L. L; Lima, M.; Vencovsky, R.; Gallo, P. B. Combining ability of maize inbred lines evaluated in three environments in Brazil, **Scientia Agricola**, Piracicaba - SP, v. 57 n. 1, 2000.

PAULA, R. C.; PIRES, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, 2002.

PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. **Philos. Mag.**, Seção A, London, v.2, p. 559-572, 1901.

PEREIRA, S. A. **Variabilidade genética em famílias de meio irmãos de Cafeeiro Robusta**. 2014. 100 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - UFES, Alegre, Espírito Santo.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V. **O Software Selegen-Reml/Blup**. Campo Grande: Embrapa, 2006. 305 p.

ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C. C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. **Fitotecnia latinoamericana**, Costa Rica, v. 2, p. 23-28, 1965.

SAHAGÚN-CASTELLANOS. J.; GÓMEZ, R. F.; PEÑA, L. A. Efectos de aptitud combinatoria en poblaciones de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**. v.5, p.23-27, 1999. <http://dx.doi.org/10.5154/r.rchsh.1998.07.050>

SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var.

Hondurensis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, 2000.

SANTANA, A.S.; GIACOBBO, C. L.; PRADO, J.; UBERTI, A.; LOUIS, B.; ALBERTO, C.M. Fenologia e qualidade de frutos de acessos de *Physalis* spp. **Ver Agrarian**, v. 13, p. 1-8, 2019.

SANTIAGUILLO, F. J.; YÁÑEZ, B. S. Aprovechamiento tradicional de las especies de *Physalis* en México. **Revista de Geografía Agrícola**, México, n. 43, p. 81-86, 2009.

SILVA, G. C.; OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; SIMÕES NETO, D. E.; MELO, L. J. O. T. Divergência genética entre genótipos de cana de açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife - PE, v. 6, n. 1, p. 52-58, 2011.

SIAP. **Atlas agroalimentario**. Disponível em: <http://online.pubhtml5.com/clsi/ibhs/>. Acesso em: 21 de maio, 2020.

SOUSA, L. B. **Análise de cluster para avaliação da divergência genética em variedades de mangaba**. 2018. 22 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Estatística) - UFU, Uberlândia, Minas Gerais, 2018.

SPONCHIADO, S. **Uso de REML/BLUP na seleção de genitores para a obtenção de híbridos produtivos e precoces de sorgo granífero**. 2018. 80 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – UNEMAT, Cáceres, Mato Grosso.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General and specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Estados Unidos, v. 34, p. 923-932, 1942.

TOMASSINI, T. C. B.; BARBI, N. S.; RIBEIRO, I. M.; Xavier, D. C. D. Gênero *physalis* - uma revisão sobre vitaesteróides. **Química Nova**, São Paulo, v. 23, n. 1, p. 47-57, 2000.

WRIGHT, S. Correlation and causation. **J. Agric Res.**, Washington, v. 20, p. 557-585, 1921.

WRIGHT, S. The theory of path coefficients – a replay to Niles' criticism. **Genetics**, Austin, v. 8, p. 239-255, 1923.

Capítulo 1¹

Avaliação e seleção de progênies de meio-irmãos em *Physalis ixocarpa* Brot. visando melhoramento para a produção de frutos

¹ Capítulo 1 foi publicado pela **Revista Scientia Horticulturae**, na data 31 de agosto de 2021. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2021.110531>

RESUMO

Este trabalho teve como objetivo selecionar progênies promissoras de *Physalis ixocarpa* Brot. para incluir no programa de melhoramento genético da espécie e aumentar a produção de frutos. A população estudada esteve composta por 15 progênies de meio-irmãos obtidas em coleta de polinização livre pertencentes ao Horto Florestal da UEFS. O experimento foi instalado em delineamento inteiramente casualizado, com seis repetições e uma planta por parcela. Embora tenham sido utilizados 20 descritores, apenas 11 apresentaram alguma variabilidade e foram submetidos à análise estatística, a qual foi realizada utilizando a metodologia REML / BLUP, com auxílio do software Selegen. Os descritores produção de frutos, número de frutos por planta, hábito de crescimento e início da floração apresentaram variabilidade genética. As técnicas multivariadas UPGMA e Tocher mostraram-se eficientes na identificação das progênies mais divergentes. Foram observadas correlações genéticas (16,36%) e fenotípicas (21,82%) significativas. A análise de componentes principais evidenciou quais foram os principais descritores e progênies responsáveis pela variação total do experimento. Cinco progênies foram selecionadas com base nos índices de seleção Aditivo, Multiplicativo e Mulamba Rank.

Palavras-chave: Tomate de cáscara. Variabilidade genética. REML / BLUP. Análise multivariada.

ABSTRACT

This work aimed to select promissory progenies of *Physalis ixocarpa* Brot. to be included in the genetic improvement program of the species to increase its productivity. The population studied was composed of 15 half-sib progenies obtained from a free pollination-collection at UEFS Forest Garden. The experiment was installed in a completely randomized design, with six replications and one plant per plot. Although 20 descriptors were used, only 11 presented some variability and were submitted to statistical analysis, which was performed following the REML/BLUP methodology using the Selegen software. The descriptors fruit production, number of fruits per plant, growth habit and beginning of flowering showed genetic variability. The multivariate techniques UPGMA and Tocher proved to be efficient at identifying the most divergent progenies. Significant genetic (16,36%) and phenotypic (21,82%) correlations were observed. The principal component analysis evidenced which were the main descriptors and progenies responsible for the total variation of the experiment. Five progenies were selected based on the Additive, Multiplicative and Mulamba Rank selection indices.

Keywords: Tomate de cáscara. Genetic variability. REML/BLUP. Multivariate analysis.

1. INTRODUÇÃO

O “tomate de cáscara” ou “tomatillo” (*Physalis ixocarpa* Brot.), é uma espécie botânica nativa do México, pertencente à família Solanaceae que ocupa o quinto lugar das hortaliças mais produzidas no país (CHAVIRA et al., 2019), sendo conhecida desde os tempos pré-colombianos, já que foi cultivada pelos astecas e maias (SANTIAGUILLO e YÁÑEZ, 2009; LOMELÍ et al., 2018). *P. ixocarpa* é uma espécie diploide ($2n=24$), que apesar de apresentar flores hermafroditas, é alógama obrigatória; apresenta autoincompatibilidade gametofítica produzida por duas séries alélicas, sendo a esterilidade observada quando um ou mais alelos estão em estado homocigoto (PANDEY, 1957). Apesar da ampla exploração da espécie em países como o México, há necessidade de mais estudos para explorar seu potencial e melhorar seus atributos (LOMELÍ et al., 2018). Diante disso, é necessária a realização de estudos de melhoramento da espécie, principalmente para atender às condições regionais brasileiras.

Numa população é de grande importância a determinação da variabilidade, a herança da produção de frutos e caracteres que proporcionem ao melhorista a escolha dos métodos mais apropriados na seleção de plantas (COSTA et al., 2000). Assim sendo, maior variabilidade genética possibilita maiores ganhos por seleção nos descritores que se deseja melhorar (ARANTES et al., 2010).



Figura 1. Planta (A) e frutos (B) de *Physalis ixocarpa* em Feira de Santana, Bahia, Brasil.

Os testes de progênes tem sido uma técnica muito importante para os melhoristas, empregando a estimação de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos entre e dentro das progênes, e na avaliação da variância genética são dimensionados os ganhos de seleção; para determinar indivíduos sobressalentes e constituir um novo ciclo de melhoramento (COSTA et al., 2000; CRUZ e REGAZZI, 2004). Em programas de melhoramento genético de plantas, o estudo da diversidade genética é essencial para estimar o progresso genético para os descritores específicos da população (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Deste modo, técnicas

multivariadas são utilizadas para determinar os descritores mais discriminantes (AMARAL et al., 1996; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Outro parâmetro importante utilizado no melhoramento genético das espécies é o coeficiente de correlação (r), que realiza a estimação sobre o grau e a natureza de associações entre descritores, que podem ser positivas ou negativas. São avaliadas mediante correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais (CAMACHO; CABRERA; GARCÍA, 2005). A seleção com base em um ou alguns caracteres pode causar alterações desfavoráveis em outros, devido à presença de correlações negativas entre eles. Para amenizar esse problema, uma estratégia utilizada pelos melhoristas é o uso de índices de seleção, que permitem adicionar múltiplas informações contidas na unidade experimental, para selecionar com base em um conjunto de descritores que atendam a vários atributos de interesse econômico (CRUZ e REGAZZI, 2004; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Trabalhos de melhoramento já vem sendo desenvolvidos pela Universidade Estadual de Feira de Santana-BA, onde estão depositadas progênes de meio-irmãos das espécies *P. philadelphica*, *P. ixocarpa*, variedade verde e roxa, e materiais oriundos de coletas de *P. angulata*. Os acessos armazenados nestes bancos estão sendo utilizados em pesquisas com o objetivo de explorar o seu potencial alimentício, medicinal, germinativo e resistência a condições adversas do clima e solo. Estudos de pré-melhoramento, com o intuito de conhecer o comportamento reprodutivo dessas espécies e o nível de diversidade genética apresentado entre os acessos, visando a utilização destes em futuros trabalhos de melhoramento, têm sido realizados. Aliados a esses trabalhos, o programa de melhoramento genético tem avançado, e encontra-se em fase de desenvolvimento de populações fixas e segregantes com o intuito de obter progênes promissoras, visando incrementos em substâncias de interesse farmacológico, maior produção e qualidade de frutos.

O objetivo deste trabalho foi selecionar progênes de *P. ixocarpa* promissoras para inserir no programa de melhoramento genético da espécie, visando incrementos na produção de frutos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Manejo experimental

O experimento foi realizado no Horto Florestal, pertencente à Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), localizada no município de Feira de Santana, no Estado da Bahia (12° 16' 00" 'S, 38° 58' 00" 'W, 234 m de altitude e clima Aw de acordo com a classificação de Köppen). A população estudada foi composta por progênes de meio-irmãos, obtidas sob

polinização livre e compondo uma coleção pertencente ao Horto florestal da UEFS, estabelecidas com sementes provenientes de Jhonny's Seeds (Winslow, ME, USA) em 2012. As progênies foram estabelecidas no período de abril a julho de 2019. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado, com 15 tratamentos e seis repetições. O experimento teve uma dimensão de 48 m², com uma unidade experimental de uma planta por parcela, constituída por 1,0 m entre fileira e 0,50 m entre planta.

A semeadura das progênies foi realizada em sacos de polietileno em 28 de março de 2019, onde foram colocadas de 3 a 5 sementes por saco. Após a germinação e emergência, cerca de 21 dias, foram transplantadas para a área experimental, deixando apenas uma planta por cova. No momento da semeadura, foi realizada a adubação nitrogenada, fosfatada e potássica, com base em recomendação estabelecida para *Physalis peruviana* (ANGULO, 2000). A instalação de um sistema de irrigação por gotejamento foi realizada para que o nível de umidade no solo se mantivesse na capacidade de campo. A manutenção da área consistiu de revisões periódicas para o controle efetivo de ervas daninhas, pragas e doenças.

2.1.1 Descrição dos tratamentos

A população estudada foi composta por 15 progênies de meio-irmãos, sendo sete com fruto de cor roxa (98R, 188R, 189R, 128R, 11R, 123R, 97R) e oito com fruto de cor verde (173V, 92V, 185V, 93V, 182V, 91V, 214V, 19V).

2.2 Descritores morfoagronômicos avaliados

Foram avaliados 12 descritores quantitativos: altura da planta (AP), medido em cm usando fita métrica, desde a superfície do solo até o topo do ramo principal; diâmetro do caule (DC), em cm usando paquímetro digital, medindo cinco cm acima da superfície do solo; peso do fruto (PF), medido em g com auxílio de uma balança analítica, pesando a quantidade total de frutos sem cálice por planta; número de frutos por planta (NFP), fazendo uma contagem da quantidade total de frutos por planta; comprimento da lâmina foliar (CLF), em cm usando paquímetro digital, medindo o eixo longitudinal de cinco folhas ao acaso por planta; largura da lâmina foliar (LLF), em cm usando paquímetro digital, medindo o eixo transversal de cinco folhas ao acaso por planta; longitude do entrenó (LE), em cm usando fita métrica, medindo a longitude de três entrenós e dividida por três; eixo longitudinal do fruto (ELF), em mm usando paquímetro digital, medindo a parte central do fruto; eixo transversal do fruto (ETF), em mm usando paquímetro digital, medindo da base ao ápice do fruto; sólidos solúveis (SS), com o

auxílio do refratômetro digital, os resultados foram expressos em unidades °Brix; início da floração (IF), contando a quantidade de dias da semeadura à emissão da primeira flor; número de ramos secundários (NRS), contando a quantidade de ramos secundários por planta.

Foram avaliados oito descritores qualitativos entre binomiais e multicategóricos: hábito de crescimento (HC), associando as notas de 1 a 3, sendo: 1 = ereto; 2 = semi-ereto; 3 = prostrado; cor do caule (CC), associando notas de 1 e 2, sendo: 1 = verde; 2 = roxo; forma de a margem foliar (FMF), associando as notas de 1 a 3, sendo: 1 = serrada; 2 = ondulada; 3 = sinuada; forma de o ápice foliar (FAF), associando as notas de 1 a 3, sendo: 1 = agudo; 2 = apiculado; 3 = acuminado; cor das manchas da corola (CMC), associando notas de 1 e 2, sendo: 1 = café; 2 = marrom; cor de cálice imaturo (CCI), associando as notas de 1 a 3, sendo: 1 = verde sem antocianina; 2 = verde com antocianina leve; 3 = verde com antocianina forte; forma do fruto (FF), associando as notas de 1 a 4, sendo: 1 = redondo; 2 = ligeiramente achatado; 3 = achatado; 4 = em forma de coração; forma do cálice (FC), associando as notas de 1 a 3, sendo: 1 = alongado; 2 = levemente achatado; 3 = achatado.

2.3 Análise REML/BLUP

As análises estatísticas foram realizadas por meio do software Selegen- REML/BLUP (RESENDE, 2016), onde os componentes de variância foram determinados via REML. A inferência sobre a significância dos efeitos genotípicos foi realizada estimando o intervalo de herdabilidade e, conseqüentemente, estimando a presença de variabilidade genotípica significativa (RESENDE, 2016). Para avaliação de progênies, o modelo estatístico 82 foi usado: “Inteiramente ao acaso, progênies de meio-irmãos, uma planta por parcela”:

Modelo linear misto (modelo aditivo univariado)

$$y = Xu + Za + e \quad (1)$$

em que y é o vetor de dados, u é o escalar referente à média geral (efeito fixo), a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). X e Z representam as matrizes de incidência para u e a , respectivamente.

2.4 Divergência genética

Para a avaliação da divergência genética total entre os genótipos, foi utilizada a análise multivariada, com base na distância euclidiana média em nível genotípico. Essas distâncias foram obtidas no software Selegen (RESENDE, 2016), modelo 104: “Análise de agrupamentos genéticos: divergência genética”.

Distância euclidiana média ($\Delta_{i i'}$):

$$\Delta_{i i'} = \left\{ (1/p) \sum_j (X_{ij} - X_{i'j})^2 \right\}^{1/2} = d_{i i'} / p^{1/2} \quad (2)$$

Onde: x_{ij} e $x_{i'j}$ são as médias dos indivíduos i e i' para o descritor j ($j=1,2, \dots, p$); e x_i e $x_{i'}$ são os vetores de médias ($p \times 1$) para os indivíduos i e i' , respectivamente.

No estudo de divergência genética, após obter a matriz de distância euclidiana média em nível genotípico por meio do software Selegen, foi utilizado o método aglomerativo de agrupamento de ligação média entre grupo “UPGMA” de Sokal e Michener (1958) na construção do dendrograma e a determinação do ponto do corte foi estabelecido através do método de Mojena (1977). O coeficiente de correlação cofenética (r) foi calculado pelo teste de Mantel (1967); utilizando os recursos computacionais do software Genes (CRUZ, 2016). Utilizou-se também o método de otimização de Tocher, segundo Rao (1952), utilizando o modelo 104 do software Selegen (RESENDE, 2016).

Para identificar os descritores que mais contribuíram para a variação total do experimento, foi realizada uma análise de componentes principais usando o software R, versão 1.2.1335 (R CORE TEAM, 2019).

2.5 Correlações genotípicas e fenotípicas

A estimação dos coeficientes de correlação genética e fenotípica foram realizadas utilizando o modelo de Correlação simples de Spearman, com o auxílio do software GENES (CRUZ, 2016). Para as correlações genéticas, foram utilizados os valores genéticos obtidos no software Selegen.

O cálculo de correlações foi obtido pelas fórmulas:

1. Correlação genética:

$$r_{G_{x,y}} = \frac{cov G(x,y)}{SG(x).SG(y)} \quad (3)$$

2. Correlação fenotípica:

$$r_{F_{x,y}} = \frac{cov F(x,y)}{SF(x).SF(y)} \quad (4)$$

Uma vez que os coeficientes de correlação foram estimados, a significância estatística de cada "r" foi confirmada, propondo a hipótese nula: $H_0: r = 0$, versus a hipótese alternativa: $H_a: r \neq 0$, usando um teste T, dado pela seguinte fórmula:

$$Tc = [r \sqrt{(n - 2)} / \sqrt{(1 - r^2)}] \quad (5)$$

O "T" calculado (Tc) foi comparado com uma tabela T (Tt), nos níveis de significância selecionados de 0,05 e 0,01 e com (n - 2) graus de liberdade. A regra de decisão foi sim $Tc \geq Tt$, portanto o valor de "r" é estatisticamente diferente de zero.

2.6 Índices de seleção utilizados

As famílias de meio-irmãos foram selecionadas usando como critério principal a seleção para os descritores PF, NFP, HC e IF, mediante os índices de seleção Aditivo (SMITH, 1936; HAZEL, 1943), Multiplicativo (SUBANDI et al., 1973), e Mulamba e Mock (MULAMBA e MOCK, 1978).

Os modelos dos índices de seleção Aditivo, Multiplicativo e Mulamba Rank construídos a partir da metodologia REML/ BLUP são apresentados a seguir:

(a) Índice Aditivo

$$(p.PF) \times (vg.PF) + (p.NFP) \times (vg.NFP) + (p.HC) \times (vg.HC) + (p.IF) \times (vg.IF) \quad (6)$$

(b) Índice Multiplicativo

$$(vg.PF) \times (vg.NFP) \times (vg.HC) \times (vg.IF) \quad (7)$$

(c) Índice Mulamba Rank

$$(r.vg.PF) + (r.vg.NFP) + (r.vg.HC) + (r.vg.IF) \quad (8)$$

Em que, p: peso econômico estabelecido para o descritor; vg: valor genotípico predito; r: posto da progênie; PF: produção de frutos; NFP: número de frutos por planta; HC: hábito de crescimento; IF: início da floração.

Também foram selecionados os três melhores indivíduos das progênes selecionadas para os descritores em conjunto (PF, NFP, HC, IF).

2.6.1 Índice de coincidência

Para fazer uma comparação sobre o desempenho dos genótipos selecionados mediante os diferentes índices de seleção, realizou-se um índice de coincidência utilizando o software Genes (CRUZ, 2016).

$$IC\% = \frac{A-C}{M-C} \times 100 \quad (10)$$

C = número de progênes selecionadas em duas estratégias de seleção, devido ao acaso. Assume-se que, deste número, uma proporção igual à intensidade de seleção coincida por acaso;

A = número de progênes selecionadas, comuns às duas estratégias de seleção;

M = número de progênes selecionadas em uma das estratégias.

3. RESULTADOS

Parâmetros genéticos

Dos 20 descritores utilizados, 11 (55%) apresentaram variação entre progênes, destacando produção de frutos (PF), número de frutos por planta (NFP), hábito de crescimento (HC) e início da floração (IF). Altos valores dos coeficientes de variação genética entre progênes (CVgp%) foram obtidos para os descritores PF e NFP, de 31,51 e 50,79%, respectivamente (Tabela 1). Os coeficientes de variação genética aditiva individual (CVgi%) foram elevados para PF e NFP, sendo 63,02 e 101,57%, respectivamente (Tabela 1), o que implica em maior potencial para a exploração desses descritores nas próximas seleções do programa de melhoramento genético da cultura, tendo em vista a presença significativa de variabilidade de origem genética. Os valores de CVgp e CVgi para HC foram 19,15% e 38,31%, respectivamente, o que significa que há potencial de seleção na população estudada.

Tabela 1. Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos (REML Individual) para os descritores altura da planta (AP), diâmetro de caule (DC), produção de frutos (PF), número de frutos por planta (NFP), comprimento de lâmina foliar (CLF), largura de lâmina foliar (LLF), longitude do entrenó (LE), sólidos solúveis (SS), hábito de crescimento (HC), cor de caule (CC) e início da floração (IF).

Estimativas	AP	DC	PF	NFP	CLF	LLF	LE	SS	HC	CC	IF
	(cm)	(mm)	(g)	(und)	(mm)	(mm)	(cm)	(°Brix)	(Multic.)	(Multic.)	(Dias)
Va	12,202	0,145	126820,360	1133,524	9,308	10,409	0,840	0,028	0,576	0,010	57,838
Ve	23,602	24,180	99700,594	528,578	76,128	32,869	3,514	0,647	0,443	0,664	33,017
Vf	35,804	24,325	226520,954	1662,102	85,437	43,279	4,354	0,675	1,019	0,674	90,855
h ² a	0,341+	0,006+	0,560+	0,682+	0,109+	0,241+	0,193+	0,041+	0,565+	0,015+	0,637+
	-0,419	-0,056	-0,538	-0,593	-0,237	-0,352	-0,316	-0,191	-0,540	-0,088	-0,573
h ² ad	0,279	0,004	0,488	0,617	0,084	0,192	0,152	0,031	0,494	0,011	0,568
CVgi%	16,879	3,026	63,024	101,573	5,975	11,724	14,419	3,260	38,307	7,108	18,724
CVgp%	8,439	1,513	31,512	50,787	2,988	5,862	7,209	1,630	19,153	3,554	9,362
CVe%	27,654	39,169	78,113	112,021	17,855	23,176	32,024	16,023	47,210	57,725	21,519
CVr	0,304	0,039	0,403	0,453	0,167	0,253	0,225	0,102	0,406	0,062	0,435
Média geral	20,695	12,582	565,056	33,146	51,059	27,519	6,356	5,100	1,982	1,420	40,617

Va: variância genética aditiva; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual; h²a: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos; h²ad: herdabilidade aditiva dentro de progênie; CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual; CVgp%: coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVe%: coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa.

Valores favoráveis foram obtidos para herdabilidade aditiva (h²a), dentro da progênie, de 0,49 e 0,62 para PF e NFP, respectivamente. Esses resultados indicam que esses descritores têm maior probabilidade de contribuir com a seleção, a fim de aumentar a produção de frutos da população base. Ao estimar a herdabilidade no sentido estrito (h²ad), foram encontrados valores de 0,56 +/- 0,54 e 0,68 +/- 0,59 para PF e NFP, respectivamente. Pode-se prever potencial para melhorar a população, por expressar valores elevados da variação genética aditiva (Tabela 1). Portanto, para os descritores com potencial para serem melhorados é interessante notar que progênies como 98R, 173V, 92V, 189R e 128R apresentaram superioridade agrônômica (Tabela 2).

Tabela 2. Ganho por seleção para os descritores produção de frutos (PF), número de frutos por planta (NFP), hábito de crescimento (HC) e início da floração (IF) em progênie de *P. ixocarpa*.

Progênie	PF	NFP	HC	IF
98R	909,62	98,17	1,67	39,33
173V	1052,01	40,40	2,60	33,40
92V	831,42	44,50	2,50	38,25
189R	791,63	46,50	2,00	38,25
128R	759,17	37,20	1,80	38,40
185V	611,65	25,75	2,50	40,00
188R	472,79	38,25	2,00	35,25
11R	461,41	12,50	2,00	37,00
91V	464,27	23,20	2,20	39,40
182V	375,71	22,00	2,00	50,00
97R	187,44	15,00	1,67	35,00
93V	453,56	24,33	1,00	50,00
214V	315,44	11,67	3,00	38,67
19V	333,02	20,00	1,40	46,60
123R	192,02	14,00	1,00	53,75
Méd. Or	547,41	31,56	1,96	40,89
Méd. Sel	868,77	53,35	2,11	37,53
DF	321,36	21,79	0,16	-3,36
h ²	0,49	0,62	0,49	0,57
GS	156,82	13,44	0,08	-1,91
GS (33%)	28,65%	42,59%	3,99%	-4,67%

Méd. Or: média geral do experimento; Méd. Sel: média das progênie selecionadas; DS: diferencial de seleção; h²: herdabilidade aditiva dentro da progênie; GS: ganho por seleção; GS (33%): percentual de ganho por selecionar 33% das melhores progênie.

Divergência genética

As medidas de dissimilaridade das distâncias Euclidianas médias apresentaram magnitudes de 0,58 a 2,26 (Tabela 3), mostrando a presença de variabilidade genética. A combinação entre os genitores 98R x 123R foi a mais divergente (2,26), seguido das combinações 98R x 19V (2,12), 98R x 128R e 123R x 173V (2,09). A menor divergência ocorreu entre os genitores 93V x 19V (0,58), demonstrando maior similaridade genética.

Tabela 3. Dissimilaridade entre 15 progênie de *Physalis ixocarpa* em relação a 11 descritores morfoagronômicos, com base na distância Euclidiana genética média.

Progênie	185V	92V	173V	182V	93V	19V	189R	98R	128R	188R	97R	123R	11R	91V
214V	1,31	1,04	1,53	1,34	1,84	1,82	1,18	2,05	1,82	1,20	1,09	2,07	1,09	1,28
185V		1,02	1,27	0,81	1,30	1,32	1,14	2,00	1,41	1,50	1,30	1,43	1,17	0,94
92V			0,98	1,07	1,27	1,36	0,60	1,35	1,29	0,99	0,95	1,69	0,96	0,94
173V				1,52	1,71	1,92	0,89	1,72	1,63	1,25	1,70	2,09	1,52	1,35
182V					1,12	1,21	1,14	1,68	1,42	1,49	1,21	1,12	1,11	0,66
93V						0,58	1,31	1,94	1,22	1,56	1,25	0,64	1,40	1,19
19V							1,50	2,12	1,46	1,78	1,25	0,73	1,56	1,15
189R								1,39	1,32	1,06	1,13	1,69	0,88	1,14

98R	2,09	1,59	1,75	2,26	1,70	1,68
128R		1,78	1,47	1,61	1,45	1,40
188R			1,02	1,98	1,13	1,44
97R				1,59	0,75	1,18
123R					1,66	1,33
11R						1,33

Pelo método de Tocher, cinco grupos de progênies foram formados (Tabela 4). Grupo I: 185V, 92V, 182V, 93V, 19V, 189R, 97R, 123R, 11R e 91V; grupo II: 214V e 188R; grupo III: 173V; grupo IV: 128R e grupo V: 98R. O Grupo I encerrou a maioria das progênies (66,7%), indicando maior similaridade dentro do grupo, o que implica que cruzamentos entre indivíduos do mesmo grupo reduzem a possibilidade de obtenção de genótipos superiores e, portanto, cruzamentos entre progênies de diferentes grupos incrementam a variabilidade genética e favorecem a seleção.

Tabela 4. Grupos de similaridade genética em 15 progênies de *P. ixocarpa*, estabelecidas pelo método de Tocher, utilizando as distâncias euclidianas genéticas médias como medida de dissimilaridade e considerando 11 descritores morfoagronômicos.

Grupo	Progênie
I	185V, 92V, 182V, 93V, 19V, 189R, 97R, 123R, 11R, 91V
II	214V, 188R
III	173V
IV	128R
V	98R

As 15 progênies de meio-irmãos também foram agrupadas pelo método hierárquico UPGMA (Figura 2). Observou-se a formação de três grupos, Grupo I: 93V, 19V, 123R e 128R; grupo II: 97R, 11R, 188R, 214V, 182V, 91V, 185V, 92V, 189R e 173V; e grupo III: 98R. A correlação cofenética (0,79) evidenciou a consistência da análise de cluster em relação à matriz de dissimilaridade, bem como o valor de distorção (2,45).

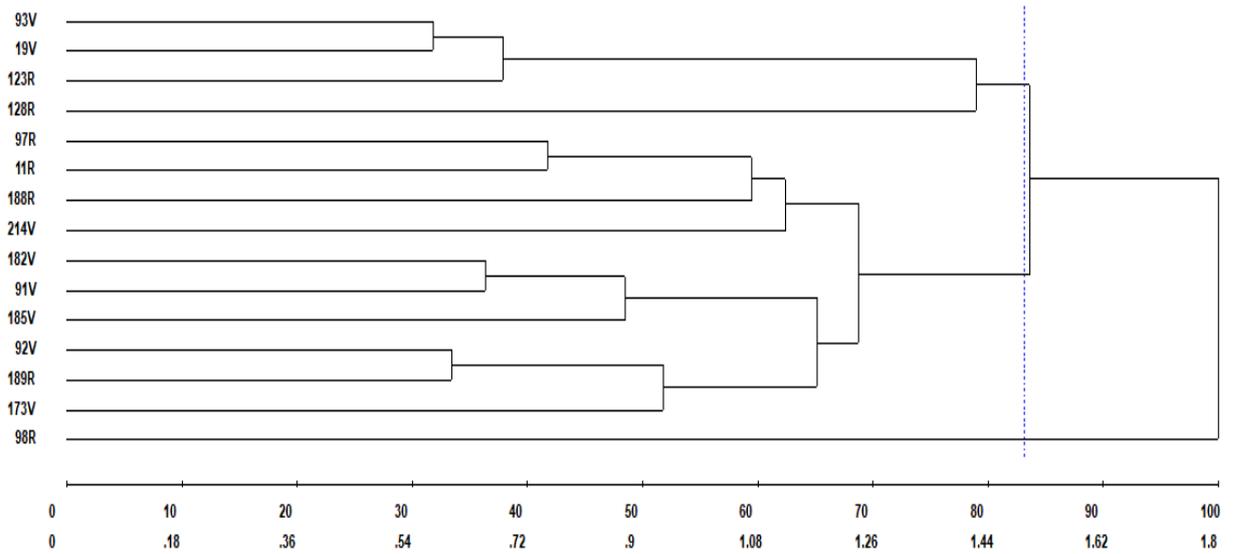


Figura 2. Dendrograma representativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método hierárquico das ligações médias (UPGMA), baseado na distância euclidiana média genética para 15 progênies de *Physalis ixocarpa* e considerando 11 descritores morfoagronômicos.

Componentes principais

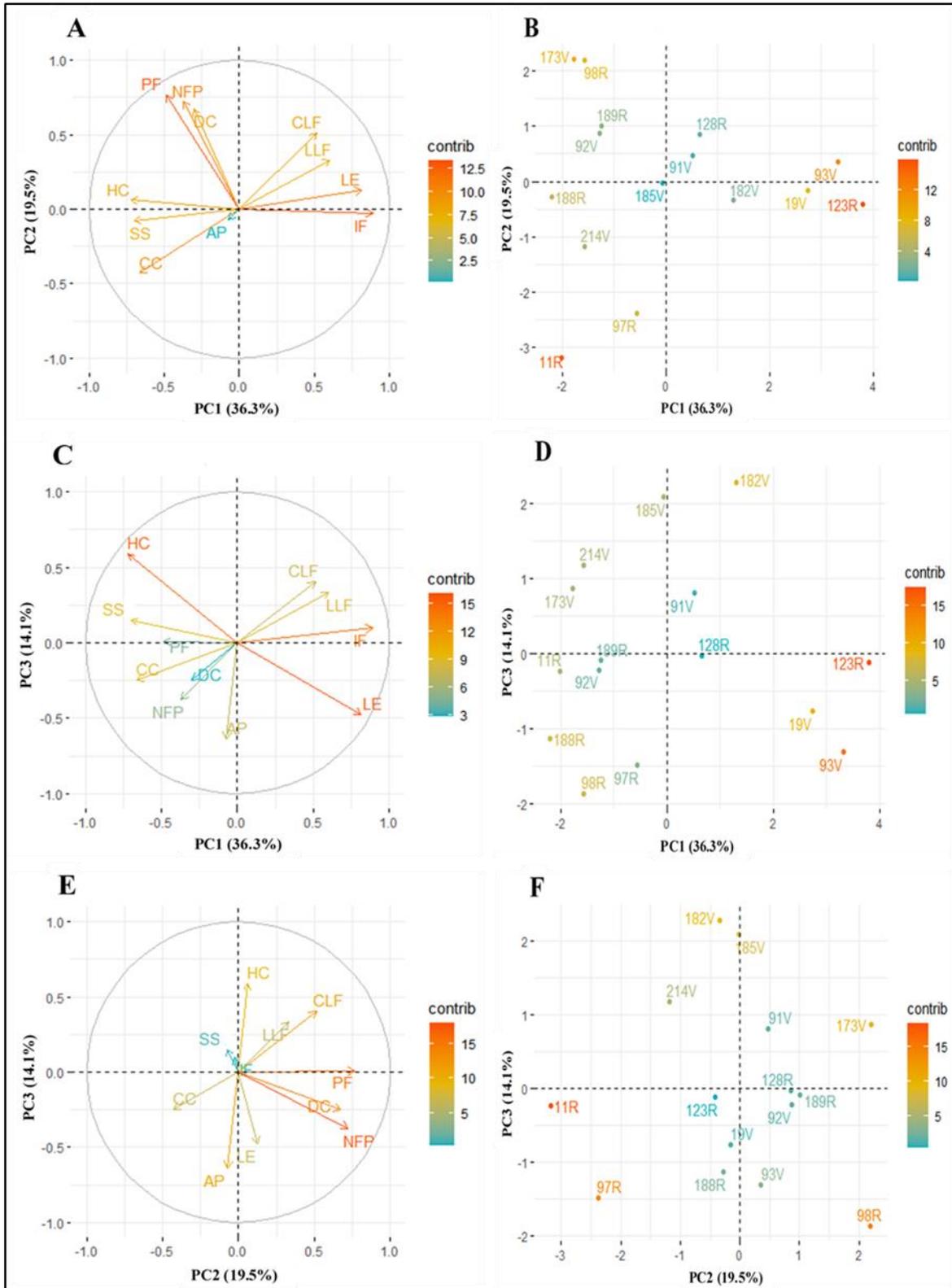


Figura 3. Análise de componentes principais para os descritores altura da planta (AP), diâmetro de caule (DC), produção de frutos (PF), número de frutos por planta (NFP), comprimento de lâmina foliar (CLF), largura de lâmina foliar (LLF), longitude do entrenó (LE), sólidos solúveis (SS), hábito de crescimento (HC), cor de caule (CC) e início da floração (IF), em 15 progênies de *P. ixocarpa*. Contribuição dos descritores e dispersão das progênies de acordo com os componentes um e dois (a, b). Contribuição dos descritores e dispersão das progênies de acordo com os componentes um e três (c, d). Contribuição dos

descritores e dispersão das progênes de acordo com os componentes dois e três (e, f). Cada descritor é reprimido pela direção de uma seta. A contribuição dos descritores e / ou progênes é definida por uma escala de cores, considerada baixa (cor azul) e alta (cor vermelha).

A representação gráfica via biplot dos descritores utilizados em relação aos três primeiros componentes principais (PC1, PC2 e PC3) explicam 70% da variação total nas 15 progênes de meio-irmãos. Os descritores LLF, LE e IF apresentaram forte contribuição para explicar o PC1 (Figura 3a, c), sendo 19V, 93V e 123R as progênes marcantes (Figura 3b, d). Para o PC2, os descritores que apresentaram maior contribuição foram DC, PF, NFP e CLF (Figura 3a, e), tendo sobressaído as progênes 92V, 189R, 128R, 98R e 173V (Figura 3b, f). Enquanto que o descritor HC apresentou maior contribuição para explicar o PC3 (Figura 3c, e), sendo acentuadas as progênes 214V, 185V e 182V (Figura 3d, f). Os descritores que menos contribuíram na divergência genética total do experimento foram AP, SS e CC.

Correlações

Correlações genéticas positivas e significativas foram encontradas para PF x NFP (0,88), CLF x LLF (0,64) e LE x IF (0,68). Correlações genéticas negativas e significativas foram encontradas para LE x SS (-0,62), LE x HC (-0,85), CLF x CC (-0,53), BW x CC (-0,64), HC x IF (-0,53) e CC x IF (-0,57). Correlações fenotípicas positivas e significativas foram encontradas para PF x NFP (0,88), NFP x DC (0,60), LLF x CLF (0,53), CC x LE (0,55), IF x CLF (0,51) e IF x LE (0,51). Correlações fenotípicas e significativas foram encontradas para SS x LE (-0,71), HC x LE (-0,78), CC x CLF (-0,61), CC x LLF (-0,58), CC x LE (-0,55) e IF x CC (-0,67) (Tabela 5).

Tabela 5. Correlações genéticas (encima do diagonal) e fenotípicas (embaixo do diagonal) entre onze descritores de *Physalis ixocarpa*.

	AP	DC	PF	NFP	CLF	LLF	LE	SS	HC	CC	IF
AP		-0,025	0,046	0,039	-0,036	0,011	-0,129	-0,186	-0,179	0,114	-0,446
DC	0,096		0,354	0,464	-0,229	-0,314	-0,143	0,304	0,264	0,186	-0,336
PF	-0,018	0,486		**0,882	0,157	-0,054	-0,361	0,457	0,361	0,332	-0,386
NFP	0,125	*0,604	**0,882		0,121	-0,168	-0,243	0,418	0,207	0,261	-0,307
CLF	-0,207	-0,129	0,164	0,171		**0,643	0,253	-0,193	-0,139	*-0,525	0,260
LLF	0,054	-0,243	-0,061	-0,057	*0,525		0,225	-0,250	-0,057	*-0,639	0,450
LE	0,025	-0,071	-0,250	-0,079	0,304	0,229		*-0,621	**0,854	-0,489	**0,682
SS	-0,200	0,193	0,404	0,246	-0,321	-0,375	**0,714		0,446	0,429	-0,318
HC	-0,300	0,204	0,407	0,164	-0,068	-0,064	**0,779	0,464		0,243	*-0,525
CC	0,104	0,146	0,257	0,150	*-0,614	*-0,582	*-0,554	0,550*	0,264		*-0,568
IF	-0,418	-0,332	-0,382	-0,271	*0,511	0,439	*0,514	-0,471	-0,328	**0,671	

*, **: Significância ao 5% e 1% de probabilidade respectivamente.

AP: altura da planta; DC: diâmetro de caule; PF: produção de frutos; NFP: número de frutos por planta; CLF: comprimento de lâmina foliar; LLF: largura do entrenó; SS: sólidos solúveis, HC: hábito de crescimento; CC: cor de caule e IF: início da floração.

Índice de seleção

As progênies 98R, 173V, 92V, 189R e 128R foram identificadas como as melhores progênies pelos métodos Aditivo e Multiplicativo (Tabela 6). Para o método Mulamba e Mock, as cinco melhores progênies foram: 173V, 92V, 189R, 188R e 98R. Houve 100% de coincidência para as progênies selecionadas entre os índices de seleção Aditivo e Multiplicativo (Tabela 7). O índice de Mulamba e Mock teve uma coincidência de 80% quando comparado aos outros dois métodos. Dentro de cada progênie houve uma seleção do 50%, escolhendo três indivíduos para cada progênie selecionada, sendo 128R-1, 128R-3, 128R-6, 173V-1, 173V-5, 173V-6, 189R-1, 189R-2, 189R-3, 92V-1, 92V-3, 92V-5, 98R-3, 98R-4 e 98R-6 (Tabela 8).

Tabela 6. Ordem de seleção por índice para 15 progênies de meio-irmãos de *Physalis ixocarpa*, considerando os descritores produção de frutos (PF), número de frutos por planta (NFP), hábito de crescimento (HC) e início da floração (IF).

Ordem	Método Aditivo	Método Multiplicativo	Método Mulamba Rank
1	98R	98R	173V

2	173V	173V	92V
3	92V	92V	189R
4	189R	189R	188R
5	128R	128R	98R
6	185V	185V	128R
7	188R	188R	185V
8	11R	182V	214V
9	91V	91V	11R
10	182V	11R	91V
11	97R	93V	182V
12	93V	19V	97R
13	214V	97R	93V
14	19V	214V	19V
15	123R	123R	123R

Tabela 7. Índice de coincidência (%) entre índices.

	AD	MLT	MR
AD	-	100	80
MLT		-	80
MR			-

AD: índice de seleção Aditivo de Smith & Hazel (1936,1943); MLT: índice de seleção Multiplicativo de Subandi (1973); MR: índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978).

Tabela 8. Indivíduos selecionados dentro das cinco melhores famílias considerando quatro descritores para 15 progênies de meio-irmãos de *Physalis ixocarpa*.

Planta	PF			NFP			HC			IF		
	F	Ganho	N.Média	f	Ganho	N.Média	f	Ganho	N.Média	f	Ganho	N.Média
128R-1	882,24	434,21	999,26	36	25,71	58,85	1	0,26	2,24	43	5,22	45,84
128R-3	1782,49	721,11	1286,17	84	74,27	107,42	3	0,61	2,59	31	0,94	41,56
128R-6	427,98	249,62	814,68	28	17,61	50,75	1	0,28	2,26	31	1,07	41,69
173V-1	1081,09	548,20	1113,25	52	54,54	87,69	3	0,73	2,71	31	-0,05	40,56
173V-5	1731,97	762,19	1327,25	43	39,71	72,86	3	0,74	2,72	31	-0,17	40,45
173V-6	918,72	495,72	1060,77	40	34,89	68,04	3	0,72	2,70	43	4,92	45,53
189R-1	628,42	314,11	879,17	43	42,64	75,79	3	0,64	2,62	31	2,34	42,96
189R-2	443,93	260,08	825,14	26	19,08	52,23	1	0,38	2,36	48	7,23	47,85
189R-3	1712,71	692,35	1257,40	88	84,81	117,95	3	0,65	2,63	31	2,16	42,77
92V-1	812,70	400,93	965,99	38	31,18	64,32	3	0,69	2,67	31	1,98	42,60
92V-3	1366,77	642,91	1207,97	82	67,24	100,39	3	0,70	2,68	43	5,52	46,14
92V-5	629,19	325,98	891,04	25	16,92	50,06	1	0,50	2,48	31	2,53	43,15
98R-3	1132,38	574,55	1139,60	149	126,21	159,35	1	0,16	2,14	31	3,16	43,78
98R-4	2112,96	842,85	1407,91	282	167,21	200,36	3	0,60	2,58	31	2,94	43,56
98R-6	974,71	519,19	1084,25	93	101,03	134,18	3	0,59	2,57	31	3,39	44,01

PF: produção de frutos; NFP: número de frutos por planta; HC: hábito de crescimento; IF: início da floração; f: valor fenotípico; Ganho: ganho por seleção; N. Média: nova média predita.

4. DISCUSSÃO

Grande parte da variação apresentada pelos descritores PF, NFP, HC e IF é decorrente de fatores genéticos, o que pode ser demonstrado mediante os altos valores dos coeficientes de variação genética (CVgp% e CVgi%). Portanto, as possibilidades de obter progênies promissoras para compor as próximas fases do programa de melhoramento são altas. Lomelí et al. (2004, 2008, 2013), relataram variação genética aditiva significativa para os descritores PF e NFP trabalhando com famílias de meio-irmãos *P. ixocarpa*. Na mesma espécie Lomelí et al. (2004, 2008), relataram valores inferiores aos do presente estudo no CVgi de 29,6 e 28,7%, e 10,4 e 14,9%, para PF e PFN respectivamente, sugerindo uma seleção baseada em famílias de meio-irmãos, devido ao fato de que grande parte da variação em ambos experimentos foi devido a genes aditivos, permitindo uma maior chance de sucesso para o melhoramento genético desses descritores. Grajales et al. (2000), em um material melhorado de *P. ixocarpa*, relataram valores de 17,42 e 16,43%, e entre 37,07 e 42,66% para um material original para PF e NFP, respectivamente. Este último sendo mais semelhante aos valores obtidos no presente trabalho, provavelmente por terem sido materiais genéticos nas fases iniciais de melhoramento genético. Da mesma forma, Maldonado et al. (2002) em um programa de melhoramento para famílias de meio-irmãos em *P. ixocarpa*, obtiveram altos coeficientes de variação genética aditiva para as variáveis PF e NFP; 26,7 e 32,7%, respectivamente, o que permitiu uma melhor exploração da variância aditiva.

Quanto ao descritor HC, resultados diferentes foram encontrados por González et al. (2008) para CVgp e CVgi num estudo realizado na Colômbia para 46 acessos de *P. peruviana*, não encontrando diferença significativa, dificultando a chance de sucesso por seleção. Por outro lado, para o descritor IF, foram encontrados valores de 9,36% e 18,72% para o CVgp e o CVgi respectivamente, revelando altas possibilidades de obtenção de ganhos por seleção, sendo esses valores semelhantes aos encontrados no presente trabalho, indicando que ganhos por seleção podem ser significativos. Como as variâncias aditivas nos quatro descritores de interesse mostraram-se vantajosas, ficou evidente a possibilidade de selecionar pais com alta frequência de alelos favoráveis e, conseqüentemente, obter genótipos com maior produção de frutos, mais precoces e de menor porte.

As estimativas para as herdabilidades (h^2_a e h^2_{ad}), nos quatro descritores com significância, indicam que grande porção de variância genética é atribuída aos efeitos genéticos aditivos, refletindo em progressos nas próximas gerações de meio-irmãos. Valores semelhantes aos do presente estudo foram encontrados em progênies de *P. ixocarpa* para os descritores PF

e NFP por Lomelí et al. (2002) para h^2_a e h^2_{ad} (50,90 e 46,20, respectivamente); por Lomelí et al. (2004) (57,20 e 53,6, respectivamente); por Lomelí et al. (2008) (37,50 e 46,60, respectivamente), demonstrando que a seleção pode ser praticada de forma eficiente em ambos os descritores, devido à existência de variabilidade genética do tipo aditivo. Grajales et al. (2000), em um material melhorado de *P. ixocarpa*, encontraram valores de herdabilidade inferiores quando comparados à nossa pesquisa, variando de 0,26 a 0,23 para PF e NFP, respectivamente, e valores semelhantes quando comparados ao material original de 0,51 e 0,65 para PF e NFP, respectivamente; já que ambos materiais não tinham um processo de melhoramento avançado. O que pode ser explicado como um efeito causado pela seleção, pois quando há um aumento na frequência de genes favoráveis, também há uma mudança nas variâncias, do mesmo modo nas herdabilidades. Na mesma espécie, Lomelí et al. (2004) obtiveram resultados semelhantes, relatando valores de herdabilidade entre 0,31 e 0,69 para sete descritores, indicando que esses resultados promoveriam avanços significativos para o melhoramento por seleção.

Quando materiais promissores são identificados nas progênes de irmãos maternos de *P. ixocarpa*, devido à variação genética aditiva significativa para PF e NFP, a recombinação pode ser feita no primeiro ciclo de seleção para aumentar a média futura desses descritores, complementando os alelos na seleção entre e dentro das famílias (MAIA et al., 2011). Entretanto, Grajales et al. (2000) afirmam que embora as estimativas de herdabilidade sejam relativamente altas, isso não é uma garantia de que a resposta à seleção será grande. Para que isso aconteça, é necessário que a variabilidade genética existente na população original permita a formação de uma proporção de indivíduos ou grupos de indivíduos cuja média seja superior à média da população para que quando multiplicada pela herdabilidade o resultado seja ótimo. Deste modo, o vigor híbrido devido à heterose deve ser buscado e mantido em uma população para melhoramento genético, pelo que uma condição desejável para culturas que apresentam autoincompatibilidade gametofítica seria a seleção de pais localizados em grupos geneticamente divergentes, para possibilitar uma complementação gênica apreciável (MAIA et al., 2011).

Empregando as medidas de dissimilaridade das distâncias Euclidianas médias foi possível encontrar materiais genéticos divergentes para os descritores sob estudo. Um aspecto importante no melhoramento genético, é a observação de genitores com médias elevadas e uma grande divergência genética quanto aos descritores a melhorar. Entretanto, se for necessário escolher entre genótipos com produção média e grande divergência ou outros com alta produção e divergência média, prevalecerá a última opção (HALLAUER; CARENA; FILHO, 2010).

Portanto, podem ser interessantes cruzamentos entre materiais promissores, com divergência genética considerável, por exemplo; 92V x 173V (0,98), 92V x 189R (0,60), 92V x 98R (1,35), 92V x 128R (1,29), 189R x 173V (0,89), 173V x 98R (1,72), 173V x 128R (1,63), 189R x 98R (1,39) e 189R x 128R (1,32).

O método de otimização de Tocher permitiu uma maior discriminação em comparação com o método hierárquico UPGMA entre os genótipos avaliados, pois gerou um maior número de grupos contendo progênies geneticamente similares. Resultados similares foram obtidos por Faria et al. (2012), Vasconcelos et al. (2014) e Oliveira et al. (2019) trabalhando com *Piper nigrum*, obtendo como resultado maior discriminação entre os genótipos utilizando o método de Tocher quando comparado ao método UPGMA. Isso se deve a que o método de Tocher é influenciado pela distância entre os genótipos utilizados, uma vez que é considerada a maior entre as menores distâncias da matriz de dissimilaridade (VASCONCELOS et al., 2007). Resultados diferentes foram obtidos por Luz et al. (2016) trabalhando com genótipos de *S. lycopersicum*, obtendo uma maior quantidade de grupos utilizando o agrupamento UPGMA quando comparado com Tocher.

Partindo dos agrupamentos definidos pelos métodos de Tocher e UPGMA nas 15 progênies estudadas, pode-se dizer que há coerência parcial entre os métodos aplicados para indicar combinações promissoras para obtenção de híbridos. É importante observar que a progênie 98R apresentou alta divergência genética quando analisada pelos dois métodos. É possível inferir sobre quais cruzamentos promissores poderiam ser gerados e quais poderiam resultar em divergência restrita em gerações segregantes, destacando as progênies 98R, 128R e 173V que foram divergentes, sendo colocadas em grupos diferentes pelo método de Tocher, assim como as progênies 92V e 189R que foram colocadas no mesmo grupo.

Khan et al. (2019) realizaram uma análise de cluster utilizando acessos de *P. ixocarpa* onde foram utilizados descritores morfoagronômicos, obtendo a formação de três grupos, resultado semelhante em comparação ao número de grupos formados com o método UPGMA aplicado no presente trabalho. Além disso, também foi realizado um dendrograma utilizando DNA genômico, utilizando *Primers Randomly Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), resultando na formação do mesmo número de grupos, porém, diferentes acessos foram obtidos em cada grupo e o processo de agrupamento sendo conduzido de acordo com a origem geográfica dos acessos. Diante disso, o uso de marcadores moleculares é uma alternativa eficiente para o agrupamento de genótipos devido ao fato de os fenótipos serem altamente influenciados por fatores ambientais.

Zamora-Tavares et al. (2015) também trabalharam com marcadores moleculares em um estudo realizado com nove populações de *P. philadelphica* (silvestre, erva daninha e domesticada) após o uso da técnica ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*), a matriz de distância genética de Nei (1972) e finalmente, a análise de cluster usando a técnica UPGMA. Como resultado, obteve-se a formação de dois grandes grupos; o primeiro mostrando afinidade genética para populações domesticadas e o segundo para similaridade genética de populações silvestres, indicando que a população das ervas daninhas pode ser uma mistura ou fase intermediária entre as outras duas populações.

Conforme Artes (1998) o número de componentes principais a considerar tem que acumular pelo menos o 70% da variação total. No presente estudo, é importante ressaltar que as principais progênes responsáveis pela variabilidade da população, foram também as que apresentaram superioridade agrônômica de acordo com os índices de seleção, do mesmo modo, foram as que apresentaram os maiores valores para os descritores que marcaram a variabilidade para o PCI, PC2 e PC3.

Resultados semelhantes foram obtidos por Santana et al. (2019) em *Physalis* spp. e por Herrera et al. (2011) em *P. peruviana*, permitindo identificar acessos e descritores com grande potencial de discriminação para futuros trabalhos de melhoramento genético, embora a maior parte da variação estava concentrada em dois componentes. Os descritores com menor contribuição na variação total do experimento, podem não ser utilizados nas seguintes fases do melhoramento da população atual, otimizando a logística experimental como redução de custos, tempo e mão de obra.

Pode-se observar que descritores como PF, NFP, HC e IF foram marcantes para os componentes principais e também apresentaram diferenças significativas entre as progênes nas análises anteriores, o que significa que são descritores importantes a serem utilizados no melhoramento genético da espécie. No entanto, outros descritores se destacaram nos componentes principais, mas sofreram influência do ambiente, uma vez que a análise dos componentes principais utiliza dados fenotípicos, o que significa que estão vinculados ao ambiente onde foi realizado o estudo.

Camacho et al. (2005) encontraram resultados diferentes em *Cucurbita moschata* do que no presente estudo, em que as correlações genéticas em magnitude e significância foram maiores que as fenotípicas, permitindo detectar associações significativas em alguns casos, o que não é possível através de correlações fenotípicas por incluírem as associações entre descritores genéticos e ambientais. A presença de correlação indica uma possível existência de genes pleiotrópicos na população em estudo. A correlação entre PF e NFP significa que um maior

número de frutos por planta resultará em um aumento na produção de frutos por planta, indicando que o melhoramento de um desses descritores levará a aumentos na produção de frutos da cultura. Lomelí et al. (2008) relataram uma correlação genética significativa (0,75) entre PF e NFP em *P. ixocarpa*, afirmando sobre as possibilidades de fazer seleção indireta.

A correlação de LE com HC e IF significa que com um comprimento de entrenó mais longo, a planta terá um hábito de crescimento mais ereto e ocorrerá uma floração menos precoce. A correlação do HC com o IF, explica que as plantas com hábito de crescimento prostrado, serão mais precoces na fase de floração. A correlação entre a cor do caule e o IF, indica que as plantas com caule roxo apresentaram floração mais precoce. Paula et al. (2002) expressaram que as correlações positivas e negativas indicam que quando a seleção é feita em um descritor, a outra é altamente relacionada, embora isso possa representar um problema quando a direção da seleção não é a mesma. Portanto, os resultados do presente estudo sugerem maior facilidade no processo de seleção.

Todos os métodos apresentaram resultados semelhantes na escolha das progênies, diferindo apenas em uma progênie quando consideradas as cinco primeiras, sendo a progênie 188R selecionada apenas no método Mulamba e Mock. No entanto, a progênie 128R foi classificada como a sexta melhor no método Mulamba Rank, contrastando com os resultados dos outros dois métodos onde foi colocada entre as cinco melhores, para que possa ser considerada entre as progênies selecionadas. Deste modo foi feita uma seleção do 33% entre as progênies, escolhendo as cinco famílias promissoras selecionadas segundo a maioria dos índices, obtendo assim uma produção de frutos média de 17,4 t ha⁻¹, valor semelhante ao rendimento atual mexicano, de 18,9 t ha⁻¹ (Pérez et al., 2020). Esses valores são explicados quando são utilizadas variedades nativas ou sem processo de melhoramento acentuado (Camposeco-Montejo et al., 2020), uma vez que *P. ixocarpa* tem potencial para produzir 40,00 t ha⁻¹ (Lomelí et al., 1997). Ramírez-Godina et al. (2013) sugerem que uma estratégia para aumentar a variabilidade genética e obter maiores ganhos por seleção quanto à produção de frutos de *P. ixocarpa* consiste na utilização de materiais autotetraploides, pois aumentam o número de combinações alélicas para os mesmos genes, incrementando as possibilidades de obtenção de indivíduos segregantes.

Terres et al. (2015) obtiveram resultados semelhantes ao presente estudo em pesquisa realizada em *Solanum tuberosum*, utilizando o índice Multiplicativo de Subandi e o índice baseado na soma das classificações de Mulamba e Mock, permitindo a escolha dos melhores materiais genéticos para a próxima geração. Na mesma espécie, Silva et al. (2014) obtiveram resultados semelhantes ao presente estudo utilizando o índice de seleção de Smith e Hazel,

indicando possibilidades de aumento da média futura nos descritores relacionados à produção de frutos no material genético selecionado. No presente estudo foi possível selecionar diferentes indivíduos com sucesso, considerando quatro descritores ao mesmo tempo, da mesma forma, Sánchez et al. (2020) na espécie *Solanum lycopersicum*, trabalhando com híbridos da variedade cereja, obtiveram os melhores resultados pelo método Multiplicativo quando comparado ao método de seleção direta, sendo possível melhorar simultaneamente o rendimento e o teor de sólidos solúveis.

Após realizar a seleção dentro de progênies de 50%, são recomendados os cruzamentos: 98R x 92V, 98R x 128R, 173Vx 92V, 173V x 128R, 189R x 92V e 189R x 128R, pois apresentaram divergência genética e superioridade agrônômica para formar o primeiro ciclo do programa de melhoramento.

5. CONCLUSÕES

Conclui-se que os descritores PF, NFP, HC e IF apresentaram variabilidade genética e coeficientes de herdabilidade de alta magnitude, indicando altas chances de sucesso na seleção baseada nesses descritores em 15 progênies avaliadas de *P. ixocarpa*.

As técnicas multivariadas UPGMA e o método de Tocher mostraram-se eficientes na identificação das progênies mais divergentes no material genético avaliado.

Por meio da utilização dos componentes principais foi possível verificar que os descritores LLF, LE, IF, DC, PF, NFP, CLF e HC foram os responsáveis pela maior variação do experimento.

Os índices de seleção possibilitaram identificar as melhores progênies por meio da seleção simultânea dos descritores: PF, NFP, HC e IF. Os cruzamentos 98R x 92V, 98R x 128R, 173V x 92V, 173V x 128R, 189R x 92V e 189R x 128R são recomendados, pois apresentaram divergência genética e superioridade agrônômica para formar o primeiro ciclo do programa de melhoramento.

6. REFERÊNCIAS

AMARAL, J. A. T.; CASALI, V. W. D.; FINGER, F. L.; CRUZ, C. D.; SILVA, L. F. C. Variabilidade morfo-agronômica isozimática entre acessos de moranga (*Cucurbita maxima* Duch.). **Revista Ceres**, v. 43, p. 581-590, 1996.

ANGULO, R. 2000. Siembra, soporte, poda y fertilización. Producción, poscosecha y exportación de la uchuva (*Physalis peruviana* L). **Unibiblos**, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, 2000, p. 41-49.

ARANTES F. C.; GONÇALVES, P. S.; JUNIOR, E. J. S.; MORAES, L. M. T.; RESENDE, M. D. V. 2010. Ganho genético com base no tamanho efetivo populacional de progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 45: 1419-1424.

ARTES, R. Aspectos estatísticos da análise fatorial de escalas de avaliação. **Rev Psiq Clí**, v. 25, p. 223-228, 1998.

CAMACHO, M. E.; CABRERA, F. A. V.; GARCÍA, D. B. Correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales en Cucurbita moschata Duch. Ex Poir. **Acta Agronómica**, Palmira, Colômbia, v. 54, n. 1, 2005.

CAMPOSECO-MONTEJO, N.; ROBLEDO-TORRES., V; FLORES-NAVEDA, A. Estimación de Heterosis y Heterobeltiosis en Híbridos Interpoblacionales de Tomate de Cáscara (*Physalis Ixocarpa* Brot.). **Tecnología en Marcha**. v. 33, p. 91-101, 2020. <https://orcid.org/0000-0003-0638-2452>

CHAVIRA, M. M. G.; MALDONADO, S. H. G.; HERNÁNDEZ, J. L. P.; REYES, S. V.; PÉREZ, E. G. 2019. Caracterización genética, química y agronómica de líneas avanzadas de tomate de cáscara. **Agronomía Mesoamericana**, v.30, p.1-5.

COSTA R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; GONÇALVES, O.S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da Seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000.

CRUZ, Cosme; REGAZZI, Adair. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, Brazil, 2004. 480 p.

CRUZ, Cosme; REGAZZI, Adair; CARNEIRO, Pedro. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiae** 38: 547-552, 2016.

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; SILVA, A. R.; FINGER, F. L.; SILVA, F. F.; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamentos em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, v. 30, p. 428-432, 2012.

GRAJALES, M. P.; CASTELLANOS, J. S.; LOMELÍ, A. P.; NAVARRO, F. A.; GUDINO, A. A. Estimación de varianza aditiva y heredabilidad en dos poblaciones de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Fitotecnia Mexicana**, v. 23, p. 49-57, 2000.

GONZÁLEZ, O. T.; TORRES, J. M. C.; CANO, C. I. M.; ARIAS, M. L.; ARBOLEDA, A. A. N. Caracterización morfológica de cuarenta y seis accesiones de uchuva (*Physalis peruviana* L.), en Antioquia (Colombia). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, p. 708-715, 2008.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M, J.; FILHO, J, B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer. Iowa State University Press, 2010. 664 p.

- HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-490, 1943.
- KHAN, W.; BAKHT, J.; KHAN, B. M.; NAEEM, I.; UDDIN, M. N.; PADDER, B. A. Morphometric and genetic characterization of medicinally important accessions of *Physalis ixocarpa* Brot. **Bangladesh Journal of Botany**. v.48, p.105-111, 2019. 10.3329/bjb.v48i1.47421
- HERRERA, A. M.; ORTIZ, J. D. A.; FISCHER, G.; CHACÓN, M. I. S. Behavior in yield and quality of 54 cape gooseberry (*Physalis peruviana* L.) accessions from northeastern Colombia. **Agronomía Colombiana**, v. 29, n. 2, p. 189-196, 2011.
- LOMELÍ, A. P.; GALÁN, J. D. M.; SÁNCHEZ, F. M.; CASTELLANOS, J. S.; CERECERES, J. O.; SANTANA, T. C. Respuestas estimadas y observadas de tres métodos de selección en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Fitotecnia Mexicana**, México, v. 25, n. 2, p. 171-178, 2002.
- LOMELÍ, A. P.; CONTRERAS, A. M.; PÉREZ, M. E. R.; CARBALLO, A. C.; PÉREZ, J. E. R.; MALDONADO, M. M. Parámetros genéticos de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) Variedad Verde Puebla. **Revista Fitotecnia Mexicana**, México, v. 27, n. 1, p. 1-7, 2004.
- LOMELÍ, A. P.; GALÁN, J. D. M.; CASTELLANOS, J. S.; CERECERES, J.O.; SÁNCHEZ, F. M.; SANTANA, T. C.; HERNÁNDEZ, J. F. S. Parámetros genéticos en la variedad CHF1 Chapingo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**, v. 14, p. 5-11, 2008.
- LOMELÍ, A.P.; RAMOS, H. G.; PÉREZ, J. E. R.; CASTELLANOS, J. S.; LIRA, N. M. Selección temprana en familias de medios hermanos maternos de tomate de cáscara de la raza puebla. **Revista Chapingo Serie Horticultura**, 19: 5-13, 2013.
- LOMELÍ, A. P.; LIRA, N. M.; TORRES, A. G.; CELINO, F. Á. M.; GRAJALES, M. P. Polinización manual en dos variedades de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.) en invernadero. **Revista Chapingo Serie Horticultura**, México, v. 24, n. 1, p. 41-52, 2018.
- LOMELÍ, A. P., SANTIAGUILLO, H. J. F., MONTALVO, H. D., PÉREZ, G. M., Intervalos de cosecha en la variedad CHF1-Chapingo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa*, Brot.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**, v.3, p.31-38, 1997.
- LUZ, J. M. Q.; BITTAR, C. A.; OLIVEIRA, R. C.; NASCIMENTO, A. R.; NOGUEIRA, A. P. O. Desempenho e divergência genética de genótipos de tomate para processamento industrial. **Horticultura Brasileira**, v. 34, p. 483-490, 2016.
- MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, L. C.; ALVES, R. M.; SILVA FILHO, J. L.; ROCHA, M. M.; CAVALCANTE, J. J. V.; RONCATTO, V. Análise genética de famílias de meio-irmãos de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 31, p. 123-130, 2011.
- MALDONADO, M. M.; LOMELÍ, A. P.; CASTELLANOS, J. S.; PÉREZ, J. E. R.; AGUILAR, R. M. Varianza aditiva, heredabilidad y correlaciones en la variedad M1-Fitotecnia de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot). **Revista Fitotecnia Mexicana**, v. 25, p. 231-237, 2002.

- MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, p. 209-220, 1967.
- MOJENA R. Hierarchical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, v. 20, p. 359-363, 1977.
- MULAMBA, N. N; MOCK, J. J. Melhoria do potencial produtivo da população de milho Eto Blanco (*Zea mays* L.) através do melhoramento genético de caracteres vegetais. **Jornal Egípcio de Genética e Citologia**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.
- NEI, M. Genetic distance between populations. *Am. Nat.* v.106, p.238–292, 1972.
- OLIVEIRA, C. S.; PEIXOTO, J. V. M.; MOMESSO, M. P.; PEREIRA, L. M.; PERES, H. G.; MACIEL, G. M. Características de plântulas: dissimilaridade genética entre acessos de pimenta. **Ciência Tecnologia e Ambiente**, v. 9, 2019.
- PANDEY, K. K. Genetics of Self-Incompatibility in *Physalis ixocarpa* Brot. A New System. **American Journal of Botany**, v. 44, n. 10, p. 879-887, 1957.
- PAULA, R. C.; PIRES, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, 2002.
- PÉREZ, C. D. M.; LIRA, N. M.; LOMELÍ, A. P.; MIR, S. G. L.; CASTELLANOS, J. S.; GRAJALES, M. P. White smut (*Entyloma australe* Speg.) resistance in tomatillo (*Physalis* spp.) germplasm. **Revista Chapingo Serie Horticultura**, v. 21, p. 65-77, 2020.
- R CORE TEAM (2019). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- RAMÍREZ-GODINA, F.; ROBLEDO-TORRES, V.; POURNABAV, R. F.; BENAVIDES-MENDOZA, A.; HERNÁNDEZ-PIÑERO, J. L.; REYES-VALDES, M. H.; ALVARADO-VÁZQUEZ, M. A. Yield and fruit quality evaluation in husk tomato autotetraploids (*Physalis ixocarpa*) and diploids. **Australian Journal of Crop Science**. v.7, p.933, 2013.
- RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. Willey, New York. 390 p, 1952.
- RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.
- SÁNCHEZ, F.B.; RIBEIRO, L. P.; COTRIM, M. F.; SILVA-JUNIOR, C. A.; BHERING, L. L.; TEODORO, P. E. Genetic Gains with Selection for Yield and Soluble Solids Content in Cherry Tomato Hybrids. **American Society for Horticultural Science**, v. 5, p. 400-402, 2020.
- SANTIAGUILLO, F. J.; YÁÑEZ, B. S. Aprovechamiento tradicional de las especies de *Physalis* en México. **Revista de Geografía Agrícola**, México, n. 43, p. 81-86, 2009.

- SANTANA, A.S.; GIACOBBO, C. L.; PRADO, J.; UBERTI, A.; LOUIS, B.; ALBERTO, C.M. Fenologia e qualidade de frutos de acessos de *Physalis* spp. **Ver Agrarian**, v. 13, p. 1-8, 2019.
- SILVA, G. O.; PEREIRA, A. S.; CARVALHO, A. D. F. Seleção de clones de batata para fritura com base em índices de seleção. **Revista Ceres**, v. 61, p. 941-947, 2014.
- SMITH, H. F. A. Discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.
- SOKAL, R.R.; MICHENER, D. A statistical method for evaluation systematic relationships. **University of Kansas Science Bulletin**, v. 38, p. 1409-1438, 1958.
- SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Revista Crop Science**, v.13, p. 184-186, 1973.
- TERRES, L. R.; LENZ, E.; CASTRO, C. M.; PEREIRA, A. S. Estimativas de ganhos genéticos por diferentes índices de seleção em três populações híbridas de batata. **Horticultura Brasileira**, v. 33, p 305-310, 2015.
- VASCONCELOS, C. S.; BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; PRIORI, D.; FISCHER, S. Z.; MISTURA, C. C. Distância genética entre variedades crioulas de *Capsicum chinense*. **Magist**, v. 26, p. 178-185, 2014.
- VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p. 1421-1428, 2007.
- ZAMORA-TAVARES, P.; VARGAS-PONCE, O.; SÁNCHEZ-MARTÍNEZ, J.; CABRERA-TOLEDO, D. Diversity and genetic structure of the husk tomato (*Physalis philadelphica* Lam.) in Western Mexico. **Genetic Resources and Crop Evolution**. v.62, p.141-153, 2015. 10.1007/s10722-014-0163-9

Capítulo 2²

Dialelo parcial em *Physalis ixocarpa* Brot. visando melhoria para a produção de frutos

² Artigo a ser submetido à revista **Scientia Horticulturae** em 2021.

RESUMO

O “tomate de cáscara” (*Physalis ixocarpa* Brot.), é uma cultura que tem uma grande necessidade quanto à geração de híbridos ou cultivares que possuam altos rendimentos. O objetivo do estudo foi estimar parâmetros genéticos utilizando a metodologia REML/BLUP, e investigar estratégias de seleção para populações F₁ de *P. ixocarpa* oriundas de um dialelo parcial, visando incrementar a produção de frutos. Os cruzamentos foram realizados de outubro a dezembro de 2020, e a avaliação dos genitores e híbridos foi realizada de fevereiro a junho de 2021, utilizando o delineamento em blocos casualizados com três repetições, e parcela experimental de 10 plantas. Estimou-se a capacidade de combinação, heterose, correlações fenotípicas, redes de correlações, análise de trilha e índices de seleção. Foi verificada variabilidade genética para os descritores produção de frutos, número de frutos por planta, eixo transversal do fruto e sólidos solúveis. Foi constatado que os efeitos aditivos foram preponderantes sobre os não aditivos. Devido aos valores de capacidade geral de combinação, os genitores 92V e 173V foram recomendados para aumentar a produção de frutos e o número de frutos por planta. PI02 e PI05 foram os híbridos com as maiores porcentagens de heterose para produção de frutos e número de frutos por planta. Mediante o estudo de correlação e análise de trilha, foi ressaltada a correlação negativa entre produção de frutos e sólidos solúveis, o que auxiliou a estratégia quanto à direção de seleção. Os índices de seleção selecionaram as progênies: PI02, PI04, PI05, 92V e 173V.

Palavras chave: *Physalis*. Modelos mistos. Capacidade de combinação. REML. Heterose.

ABSTRACT

The “tomate de cáscara” (*Physalis ixocarpa* Brot.) is a crop that has a great need for the generation of hybrids or cultivars that have high yields. The aim of the study was to estimate genetic parameters using the REML/BLUP methodology, and to investigate selection strategies for F1 populations of *P. ixocarpa* from a partial diallel, in order to increase fruit yield. The crossings were carried out from October to December 2020, and the evaluation of parents and hybrids was carried out from February to June 2021, using a randomized block design with three replications, and an experimental plot of 10 plants. The combining ability, heterosis, phenotypic correlations, correlation networks, path analysis and selection indices were estimated. Genetic variability was verified for the descriptors fruit yield, number of fruits per plant, cross axis of the fruit and soluble solids. It was found that additive effects were predominant over non-additive ones. Due to the general combining ability values, the parents 92V and 173V were recommended to increase fruit production and the number of fruits per plant. PI02 and PI05 were the hybrids with the highest percentages of heterosis for fruit production and number of fruits per plant. Through the study of correlation and path analysis, the negative correlation between fruit production and soluble solids was highlighted, which helped the strategy regarding the selection direction. The selection indices selected the progenies: PI02, PI04, PI05, 92V and 173V.

Keywords: *Physalis*. Mixed models. Combination Ability. REML. Heterosis.

1. INTRODUÇÃO

O “tomate de cáscara” (*Physalis ixocarpa* Brot.), é uma cultura originária do México, muito importante por ser uma das hortaliças de maior consumo nesse país, sendo cultivada na maioria dos estados (LOMELÍ et al., 2014). No México, para o ano 2017, foram plantados 43 mil hectares que produziram um volume de 773 mil toneladas, com um rendimento médio de 18,1 toneladas por hectare, e um consumo *per capita* de 5,1 kg por ano (SIAP, 2018). Devido ao número escasso de cultivares e/ou híbridos com alto rendimento para produção de frutos, a busca por genótipos com alta capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) é determinante para o desenvolvimento de materiais genéticos superiores (CAMPOSECO-MONTEJO et al., 2015).

A espécie tem flores hermafroditas, porém, apresenta autoincompatibilidade gametofítica, e sua descendência resultante é heterogênea e heterozigota (PANDEY, 1957). Dentre as estratégias de melhoramento genético mais utilizadas para a espécie, têm-se a seleção massal, seleção de familiar de meio-irmãos e a seleção combinada de irmãos (LOMELÍ e MÁRQUEZ, 1990). Os métodos de seleção recorrente intrapopulacionais são mais usualmente empregados no melhoramento de plantas alógamas quando comparados com os interpopulacionais, devido ao fato de que são de mais fácil aplicação para a maioria de descritores agrônômicos, além de que são recomendados quando o descritor alvo do programa tem uma ação gênica predominantemente aditiva (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). Porém, a seleção recorrente bem-sucedida deve alterar a estrutura da variabilidade genética da população, por isso é pertinente estimar periodicamente os parâmetros genéticos das populações sob melhora, a fim de, se apropriado, projetar estratégias alternativas para manter ou aumentar o avanço genético (HALLAUER e MIRANDA, 1981).

São encontradas várias metodologias quanto à escolha de genitores na literatura, porém umas das mais utilizadas são os cruzamentos dialélicos, podendo avaliar a capacidade de combinação de diferentes materiais genéticos com grande potencial agrônômico, onde todos os possíveis cruzamentos simples são realizados. Os conhecimentos sobre a capacidade de combinação são de grande utilidade, já que elas fornecem informação sobre qual deve ser o sistema de melhoramento que melhor explore o potencial genético do material utilizado (SAHAGÚN-CASTELLANOS et al., 1999). No entanto, na obtenção de cultivares ou híbridos, para uso comercial, não é factível realizar este procedimento, porque existe a dificuldade de avaliar uma grande quantidade de genitores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; BORÉM e MIRANDA, 2013). Deste modo, existem alternativas, como os cruzamentos dialélicos parciais, baseados em cruzamentos entre genitores localizados em grupos diferentes

(GERALDI e MIRANDA, 1988), resultando uma população híbrida menor, e sem reduzir o número de genitores. Não obstante, antes de realizar os cruzamentos é necessário considerar a divergência genética entre os genitores selecionados, devido que a heterose aumenta em função da distância genética (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017).

Ao utilizar cruzamentos dialélicos, podem ser feitas as estimativas da CGC e CEC. As estimativas CGC demonstram uma concentração significativa de genes predominantes aditivos, mostrando magnitudes altas ou baixas entre os diferentes pais do dialelo. As estimativas CEC indicam uma predominância de genes não aditivos, o que evidencia a complementação entre os pais em relação às frequências de alelos dominantes, determinando o desempenho de combinações híbridas quando comparados aos pais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Portanto, esses parâmetros genéticos nos permitem entender a natureza e magnitude dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres; além disso, contribuem para o estabelecimento de estratégias de seleção parental, que resultarão na segregação de populações com maior potencial genético (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

As estimativas de correlação proporcionam informações importantes quanto a estratégias e à seleção indireta, propiciando, assim, maiores possibilidades de sucesso na seleção. Porém, Vencovsky e Barriga (1992) sinalizam que as correlações são meramente uma medida de associação, mas não abrangem as relações de causa e efeito. Portanto, existe a possibilidade de interpretar as correlações de forma equivocada, já que o efeito de um terceiro descritor poderia estar interferindo na estimativa. Wright (1921) propôs a análise de trilha (*path coefficient analysis*) como uma alternativa, por fornecer informações sobre o desdobramento das correlações; que auxiliam a eficiência da seleção de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Ademais, a correspondência das correlações simples e análise de trilha com as redes de correlações favorece a interpretação desses dados, tendo em vista que a análise de rede, para a representação de um grande conjunto de informações, é considerada uma linguagem mais intuitiva (LANGFELDER e HORVATH, 2008). Na análise de rede de correlação, os descritores são representados por nós, que são conectados por linhas. Cada linha contém um peso indicando a força da correlação. Quanto mais forte a correlação entre dois descritores, mais espessa é a linha que os conecta na trama da rede. Uma forma de representação da trama é a disposição dos nós de modo que o comprimento das linhas depende da intensidade das correlações, de maneira que, linhas mais curtas indicam correlações mais fortes, desmontando, assim, como os descritores agrupam (EPSKAMP et al., 2012).

A seleção para um ou poucos descritores pode-se tornar ineficaz, uma vez que poderia conduzir à seleção de materiais genéticos superiores meramente para os descritores sob seleção. Nesse sentido, para realizar uma seleção simultânea e eficiente de descritores, o índice de seleção é recomendado (CRUZ, 2014). A metodologia dos modelos mistos REML/BLUP tem sido muito importante na predição de valores genéticos genotípicos e aditivos, tanto entre como dentro das populações (RESENDE, 2000). Essa metodologia permite trabalhar com dados de experimentos desbalanceados, possibilitando uma predição acurada e não viesada dos valores genéticos, proporcionando informações específicas quanto à aptidão das progênes, indivíduos das progênes, como também das parcelas ou repetições (RESENDE, 2007).

O objetivo deste trabalho foi gerar híbridos intervarietais e/ou desenvolver populações melhoradas de meio-irmãos, mediante a estimação dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação de genitores de *P. ixocarpa*, por meio da análise dialélica parcial, considerando o uso das correlações, análise de trilha e redes de correlações, e índice de seleção.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os 14 melhores indivíduos, das cinco melhores progênes, avaliados no período de abril a julho de 2019 na área experimental do Horto Florestal da Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), foram selecionados anteriormente (Capítulo 1) mediante índices de seleção, onde foi avaliada uma população de 15 progênes de meio-irmãos de *P. ixocarpa*, por terem sobressaído a descritores como produção de frutos, número de frutos por planta, hábito de crescimento e início da floração, para compor um dialelo parcial (3 x 2), dividindo as progênes selecionadas em dois grupos, segundo um estudo de divergência genética.

2.1 Formação dos híbridos

Cruzamentos entre as cinco melhores progênes: 98R x 92V, 98R x 173V, 98R x 189R, 128R x 92V, 128R x 173V e 128R x 189R (Tabela 1), foram conduzidos entre outubro e dezembro de 2020, em casa de vegetação do Horto Florestal, pertencente à Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), localizada no município de Feira de Santana, no Estado da Bahia, com uma altitude de 234 m, e com clima Aw segundo a classificação de Köppen. Foram originadas seis populações de irmãos completos, que são apresentadas na Tabela 1. A semeadura das progênes selecionadas foi realizada em sacos de polietileno em 28 de setembro de 2020, onde foram colocadas de três a cinco sementes por saco. Após a germinação e emergência, cerca de 21 dias, foram transplantados para a casa de vegetação, deixando apenas uma planta por vaso. Foram utilizados três vasos para cada indivíduo selecionado (Figura 1).

Quando a floração começou, foram realizados cruzamentos específicos, planta a planta, entre as 8:00h e 12:00h. Flores que estavam completamente fechadas com as pétalas em um tom amarelo foram escolhidas e cobertas com um saco, realizando a polinização dois dias após da proteção da flor (LOMELÍ et al., 2018), utilizando o pólen do genitor masculino para logo colocá-lo no estigma do genitor feminino. As polinizações foram realizadas nas duas direções, utilizando tanto o estigma quanto o pólen de cada indivíduo, pelo que as sementes resultantes dos cruzamentos representaram os híbridos F₁, portanto, o efeito recíproco não foi considerado.

Após a polinização, a flor foi coberta novamente e identificada com uma etiqueta, contendo informações do progenitor masculino, progenitor feminino, data da cobertura com saco e do cruzamento, número de cruzamento, horário de polinização, e colocação de uma fita para controle e, assim, evitar a contaminação. As plantas utilizadas como genitor mãe não precisaram emasculação, pois a espécie *P. ixocarpa* apresenta autoincompatibilidade gametofítica (PANDEY, 1977). Quando os frutos F₁ alcançaram a maturação fisiológica foi realizada a colheita, e posterior despolpa e extração das sementes.

Tabela 1. Grupos de genitores formados por meio de um estudo de dissimilaridade genética, para a realização de cruzamentos em esquema dialélico parcial em *Physalis ixocarpa* Brot.

Grupo 1	Grupo 2		
	92V	173V	189R
98R	PI01	PI02	PI03
128R	PI04	PI05	PI06

2.2 Descrição dos tratamentos

A população sob estudo esteve composta por seis combinações híbridas e cinco genitores, conforme se mostra na Tabela 2.

Tabela 2. Descrição dos tratamentos da população F₁ obtidas por meio de cruzamentos entre dois grupos de genitores em esquema dialélico parcial e por cinco genitores de *Physalis ixocarpa* Brot.

Cruzamento/Genitor	Nome tratamento
98R x 92V	PI01
98R x 173V	PI02
98R x 189R	PI03
128R x 92V	PI04
128R x 173V	PI05
128R x 189R	PI06
98R	98R

92V	92V
173V	173V
128R	128R
189R	189R



Figura 1. Plantas utilizadas para realizar cruzamentos dialélicos na espécie *P. ixocarpa*, na estação experimental Horto Florestal, Feira de Santana, Bahia, 2020.

2.3 Estabelecimento em campo e manejo

As sementes pertencentes à população F_1 e genitores foram semeadas no ciclo de fevereiro a junho de 2021 na área experimental do Horto Florestal, pertencente à Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), localizada no município de Feira de Santana, no Estado da Bahia ($12^\circ 16' 00'' S$, $38^\circ 58' 00'' W$, 234 m de altitude e clima Aw de acordo com a classificação de Köppen). (Figura 3, 4). A área experimental ($157,50 \text{ m}^2$) apresentou um pH de 5,57, conteúdo de matéria orgânica de 1,18%, conteúdo de fósforo de 14 mg/dm^3 , conteúdo de potássio de 55 mg/dm^3 , conteúdo de cálcio e magnésio de 2,8, e uma capacidade de troca catiônica de 5,36. Cerca de 65 dias antes do transplante, o solo da área experimental foi submetido à correção de acidez através da aplicação de $76,19 \text{ mg.dm}^{-3}$ de calcário dolomítico, visando incrementar a saturação de bases a 70% (Figura 2).

O experimento foi conduzido sob delineamento de blocos casualizados com três repetições. A unidade experimental foi constituída por uma parcela de 10 plantas, com um espaçamento de 1,0 m entre fileiras e 0,50 m entre plantas. Foi instalado um sistema de irrigação

por gotejamento do tipo autocompensante em cada fileira, com uma distância de 0,5 m entre os emissores (Figura 3). Foram feitas duas irrigações por dia; pela manhã e pela tarde, de acordo com as necessidades da cultura. A adubação foi realizada em três momentos, conforme ao recomendado para a espécie *Physalis peruviana*: um mês após o transplântio, antes do começo da floração e após realizar a primeira colheita de frutos (ANGULO, 2000). As aplicações foram feitas realizando uma solução nutritiva e utilizando os adubos ureia (8,07 gramas/planta) e cloreto de potássio (11,25 gramas/planta), já o adubo superfosfato simples (6,46 gramas/planta) foi aplicado em forma granular. As plantas foram conduzidas sob sistema tutorado, onde as ramificações de cada planta foram guiadas (Figura 3). A manutenção da área consistiu em revisões periódicas para o controle efetivo de ervas daninhas, pragas e doenças.



Figura 2. Aplicação de calcário dolomítico na área experimental, Horto Florestal, Feira de Santana, Bahia, 2021.



Figura 3. Estabelecimento de genitores e F1's de *Physalis ixocarpa* na área experimental localizada na unidade experimental Horto Florestal da UEFS, Feira de Santana, Bahia, Brasil, 2021.



Figura 4. Etapa produtiva de genitores e F1's de *Physalis ixocarpa* na área experimental localizada na unidade experimental Horto Florestal da UEFS, Feira de Santana, Bahia, Brasil, 2021.

2.4 Descritores morfoagronômicos avaliados

Foram avaliados 12 descritores quantitativos: altura total da planta (ATP), medido em cm, utilizando fita métrica, desde a superfície do solo até o topo da planta; diâmetro do caule (DC), medido em mm, usando paquímetro digital, 5 cm acima da superfície do solo; produção de frutos (PF) (Figura 5), em g, com auxílio de uma balança analítica, pesando a quantidade total de frutos sem cálice por planta; número de frutos por planta (NFP), realizando a contagem da quantidade total de frutos por planta; peso médio do fruto (PMF), calculado por relação PF/NFP; longitude do entrenó (LE), em cm usando a fita métrica, medindo a longitude de três entrenós e dividida por três; comprimento da lâmina foliar (CLF), medido em cm, usando paquímetro digital, medindo o eixo longitudinal de cinco folhas ao acaso por planta; largura da lâmina foliar (LLF), em cm, usando paquímetro digital, medindo o eixo transversal de cinco folhas ao acaso por planta; eixo longitudinal do fruto (ELF), em mm, usando paquímetro digital, da base ao ápice do fruto; eixo transversal do fruto (ETF), em mm, usando paquímetro digital, medindo a parte mediana do fruto; sólidos solúveis (SS), com o auxílio do refratômetro digital e expresso em unidades °Brix; início da floração (IF), medido em quantidade de dias da sementeira à emissão da primeira flor.



Figura 5. Produção de frutos de cor verde e cor roxo, de genitores e F1's de *Physalis ixocarpa* na área experimental localizada na unidade experimental Horto Florestal da UEFS, Feira de Santana, Bahia, Brasil, 2021.

Foram avaliados dois descritores qualitativos multicategóricos: valor agrônômico (VA), avaliado na frutificação da planta, por meio de uma escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas com características agrônômicas ruins) a 10 (plantas com ótimas características agrônômicas), sendo a nota atribuída representativa de um conjunto de caracteres visuais (arquitetura da planta, quantidade de frutos, vigor e sanidade da planta); cor da nervura do cálice (CNC), associando as notas de 1 a 4, sendo: 1 = verde; 2 = roxo suave; 3 = roxo intermediário; 4 = roxo forte.

2.5 ANÁLISE ESTATÍSTICA

2.5.1 Análise dialélica e parâmetros genéticos

A análise dialélica e a estimação dos parâmetros genéticos foram realizados utilizando o software Selegen (RESENDE, 2016), por meio da metodologia dos modelos mistos REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). Para a avaliação das 11 progênies foi utilizado o modelo estatístico 33, que considera blocos casualizados, teste de progênies de polinização controlada (genitores não aparentados) e várias plantas por parcela. O modelo linear misto é dado por:

$$y = Xr + Za + Wp + Tf + e, \text{ onde:} \quad (1)$$

y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A inferência sobre a significância dos efeitos aleatórios dos descritores foi realizada por meio do teste da razão de verossimilhança (LRT), denominado análise de deviance (ANADEV), conforme relatado por Resende (2006), para conseqüentemente, conhecer a presença de variabilidade genotípica significativa. A significância dessa razão foi testada utilizando o teste Qui-quadrado com um grau de liberdade.

A seleção das melhores progênies foi realizada utilizando duas estratégias, tendo como primeira a capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores, e a segunda realizando a aplicação dos índices de seleção.

2.5.2 Heterose

Utilizando as médias para cada progênie foram construídas as estimativas de heterose para cada descritor avaliado. A estimativa foi obtida pela seguinte expressão:

$$HMP = \left(\frac{MH - MP}{MP} \right) * 100 \quad (2)$$

onde, HMP= heterose média dos pais, MH= média do híbrido, e MP= média dos pais (FALCONER, 1984).

As estimativas de heterose, assim como a verificação das significâncias através do *t* de Student, foram obtidas com o auxílio do software Genes (CRUZ, 2016).

2.5.3 Correlação e Análise de Trilha

A estimação dos coeficientes de correlação fenotípica foi realizada pelo modelo de Correlação simples de Spearman, com o auxílio do software Genes (CRUZ, 2016).

O programa aplica as fórmulas de correlação clássicas:

1. Correlação fenotípica:

$$r_{F_{x,y}} = \frac{cov F(x,y)}{SF(x).SF(y)} \quad (3)$$

Uma vez que os coeficientes de correlação foram estimados, a significância estatística de cada “*r*” foi confirmada, propondo a hipótese nula: $H_0: r = 0$, versus a hipótese alternativa: $H_a: r \neq 0$, usando um teste T, dado pela seguinte fórmula:

$$Tc = [r \sqrt{(n - 2)} / \sqrt{(1 - r^2)}] \quad (4)$$

O “T” calculado (T_c) foi comparado com uma tabela T (T_t), nos níveis de significância selecionados de 0,05 e 0,01 e com $(n - 2)$ graus de liberdade. A regra de decisão foi: $\text{sim } T_c \geq T_t$, portanto o valor de “r” é estatisticamente diferente de zero.

Para facilitar a interpretação da relação entre os descritores, matrizes de correlações foram analisadas através da criação de redes de correlações, utilizando o software R (R CORE TEAM, 2019), usando o pacote “qgraph” (EPSKAMP et al., 2012), por meio da integração R e Genes (CRUZ, 2016). Nesta análise, foram utilizadas cores diferentes para distinguir as correlações positivas das negativas, além do grau de intensificação dessas correlações utilizando a intensidade e o tamanho dessas redes.

Foi realizado o teste de multicolinearidade com a finalidade de validar a colinearidade entre os descritores utilizados, segundo Montgomery e Peck (1981). Posteriormente, mediante a análise de trilha, foram efetuados os desdobramentos em efeitos diretos e indiretos para os coeficientes de correlação fenotípico. Essas análises foram elaboradas com auxílio dos recursos computacionais do programa Genes (CRUZ, 2016).

2.5.4 Índices de seleção

Para a construção dos índices foram utilizados aqueles descritores que apresentaram significância genética. Visando ganho em um agregado genotípico formado por vários descritores, foram utilizados vários índices de seleção: (a) índice Aditivo (SMITH, 1936; HAZEL, 1943). Para esse índice foram utilizadas duas estratégias, sendo a primeira a utilização das correlações fenotípicas dos descritores com significância genética sobre o descritor alvo do programa (PF), o qual se deseja praticar a seleção, e a segunda combinação foi a utilização de pesos segundo o critério do melhorista; (b) índice multiplicativo (SUBANDI et al., 1973), em que o agregado genotípico refere-se ao produto dos descritores; (c) índice de *rank* médio, adaptado de Mulamba e Mock (MULAMBA e MOCK, 1978), em que os valores genotípicos são classificados para cada descritor e a média dos *rankings* de cada progênie para todos os descritores, colocando a direção de seleção (maior ou menor) para cada descritor sob seleção. Esses índices foram obtidos utilizando o modelo principal (33) do programa Selegen.

Os modelos dos índices de seleção Aditivo, Multiplicativo e Mulamba Rank construídos a partir da metodologia REML/ BLUP são apresentados a seguir:

(a) Índice Aditivo

$$(p.PF) \times (vg.PF) + (p.NFP) \times (vg.NFP) + (p.ETF) \times (vg.ETF) + (p.SST) \times (vg.SST) \quad (5)$$

(b) Índice Multiplicativo

$$(vg.PF) \times (vg.NFP) \times (vg.ETF) \times (vg.SST) \quad (6)$$

(c) Índice Mulamba Rank

$$(r.vg.PF) + (r.vg.NFP) + (r.vg.ETF) + (r.vg.SST) \quad (7)$$

Em que: p: peso econômico estabelecido para o descritor; vg: valor genotípico predito; r: posto da progênie; PF: produção de frutos; NFP: número de frutos por planta; ETF: eixo transversal do fruto; SS: sólidos solúveis.

Após escolhidos as melhores progênies quanto aos descritores PF, NFP, ETF e SS, foi feita uma comparação entre os diferentes índices de seleção. Isto foi possível realizando um índice de coincidência por meio do uso do software Genes (CRUZ, 2016).

$$IC\% = \frac{A-C}{M-C} \times 100 \quad (8)$$

C = número de progênies selecionadas em dois índices de seleção, devido ao acaso. Assume-se que, deste número, uma proporção igual à intensidade de seleção coincida por acaso;

A = número de progênies selecionadas, comuns a dois índices de seleção;

M = número de progênies selecionadas em uma das estratégias.

3. RESULTADOS

Os resultados da análise de deviance (ANADEV) e a dos parâmetros genéticos são apresentados na Tabela 3. Dos 14 descritores utilizados no presente estudo, quatro (29%) apresentaram variância significativa de origem genética, sendo produção de frutos (PF) e número de frutos por planta (NFP), significativos a 5%, e os descritores sólidos solúveis (SS) e eixo transversal de fruto (ETF), significativos a 10%.

Altos valores da herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g) foram encontrados para PF, NFP, longitude do entrenó (LE), largura de lâmina foliar (LLF), valor agrônômico (VA) e início da floração (IF), de 0,77, 0,67, 0,82, 0,85, 0,71 e 0,71, respectivamente (Tabela 3). Para os descritores SS, ETF, altura total da planta (ATP) e cor da nervadura do cálice (CNC) foram encontradas h^2_g de moderada magnitude, sendo de 0,43 e 0,33, 0,47 e 0,56, respectivamente.

Foram encontrados coeficientes de determinação dos efeitos da parcela (c2parc) significativos, para os descritores diâmetro de caule (DC), comprimento de lâmina foliar (CLF) e LLF. Quanto ao coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação (c21), somente foi encontrada significância para o descritor IF. De igual maneira, para os descritores anteriormente mencionados, foram encontrados valores de herdabilidade no sentido restrito (h^2_a) de moderados a altos, o que significa grande influência da ação genética aditiva.

Tabela 3. Valores de deviance e Componentes de Variância (REML Individual) em progênies de *Physalis ixocarpa*, por meio de um estudo dialélico parcial, para os descritores diâmetro de caule (DC), altura total da planta (ATP), longitude do entrenó (LE), comprimento da lâmina foliar (CLF), longitude da lâmina foliar (LLF), sólidos solúveis (SS), eixo longitudinal do fruto (ELF), eixo transversal do fruto (ETF), produção de frutos (PF), número de frutos por planta (NFP), peso médio do fruto (PMF), valor agrônômico (VA), cor da nervura do cálice (CNC) e início da floração (IF).

Parâmetro	DC	ATP	LE	CLF	LLF	SS	ELF
Anadev	0,64 ^{NS}	2,13 ^{NS}	2,55 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,91 ^{NS}	3,28 '	0,96 ^{NS}
Va	1,37	164,40	3,08	0,42	64,71	0,39	1,04
Vparc	0,81	31,86	0,03	52,73	13,25	0,00	0,10
Vfam	0,01	0,42	0,01	0,39	3,06	0,00	0,01
Ve	4,06	156,87	0,67	89,38	9,33	0,41	11,41
Vf	6,26	353,55	3,80	142,92	90,35	0,81	12,56
h^2_a	0,22 +- 0,12	0,46 +- 0,17	0,81 +- 0,22	0,00 +- 0,01	0,72 +- 0,21	0,48 +- 0,17	0,08 +- 0,07
h^2_g	0,23	0,47	0,82	0,01	0,85	0,49	0,09
c2parc	0,13 '	0,09 ^{NS}	0,01 ^{NS}	0,37**	0,15**	0,01 ^{NS}	0,01 ^{NS}
c2fam	0,00 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,03 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,00 ^{NS}
Média geral	12,02	107,00	8,93	77,67	41,71	4,75	33,91
Parâmetro	ETF	PF	NFP	PMF	VA	CNC	IF
Anadev	2,87 '	4,39*	3,87*	0,72 ^{NS}	1,57 ^{NS}	1,98 ^{NS}	0,00 ^{NS}
Va	7,37	651043,67	1174,24	7,76	1,26	0,43	0,08
Vparc	0,10	1851,17	5,31	3,98	0,08	0,01	0,66
Vfam	0,02	424,09	1,05	0,11	0,02	0,01	1,45
Ve	14,95	190003,14	590,10	44,23	0,54	0,36	6,14
Vf	22,44	843322,07	1770,69	56,08	1,91	0,81	8,33
h^2_a	0,33 +- 0,14	0,77 +- 0,22	0,66 +- 0,20	0,14 +- 0,09	0,66 +- 0,20	0,53 +- 0,18	0,01 +- 0,03
h^2_g	0,33	0,77	0,67	0,15	0,71	0,56	0,71
c2parc	0,00 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,07 ^{NS}	0,04 ^{NS}	0,01 ^{NS}	0,08 ^{NS}
c2fam	0,00 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,01 ^{NS}	0,01 ^{NS}	0,17 '
Média geral	39,88	1726,11	76,18	28,85	6,70	1,66	36,85

** (p<0,01), * (p<0,05), ' (p<0,1): significativo a 1, 5 e 10% de probabilidade de erro pelo teste do Qui-quadrado, respectivamente (1%= 6,53, 5%= 3,84% e 10%= 2,71), via teste LTR. Anadev: diferença entre os valores de deviance de genótipos e do modelo completo. NS: não significativo. Va: variância genética aditiva; Vparc: variância ambiental entre parcelas; Vfam: variância da capacidade específica de combinação ou variância genética de dominância entre famílias de irmãos germanos; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos; h^2_g : herdabilidade individual no

sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; $c2_{\text{parc}} = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela. (macroambiente); $c2_{\text{fam}} = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação; Média: Média geral do experimento.

Capacidade de Combinação

Na tabela 4, foi observado que a análise dialélica não apresentou efeitos significativos na estimativa da CEC, para os descritores em questão. Porém, para descritores SS, ETF, PF e NFP foram encontrados efeitos significativos para a estimativa da CGC. Nesse sentido, verifica-se que para o descritor SS, os genitores 98R e 189R mostraram valores positivos, já para o descritor ETF, destacaram-se os genitores 173V, 128R e 189R. Para PF, mostraram valores positivos os genitores 173V e 128R, e para NFP os genitores 92V, 173V e 128R.

Tabela 4. Estimativas da capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC), obtidas via dialelo parcial para sólidos solúveis (SS), eixo transversal do fruto (ETF), produção de frutos (PF) e número de frutos por planta (NFP), em progênies de *P. ixocarpa*.

Genitor	SS	ETF	PF	NFP
98R	0,57	-2,19	-252,42	-4,83
92V	-0,13	-2,35	-197,82	6,29
173V	-0,35	1,07	1003,31	36,36
128R	-0,57	2,19	252,42	4,83
189R	0,49	1,28	-805,49	-42,65
Híbrido	SS	ETF	PF	NFP
PI01	0,00	-0,02	0,11	0,01
PI02	0,00	0,00	0,41	0,04
PI03	0,00	0,00	-0,86	-0,06
PI04	0,00	0,01	-0,37	0,00
PI05	-0,01	0,00	0,90	0,03
PI06	0,00	0,00	-0,20	-0,02

Estimativa de Heterose

Como mostrado na Tabela 5, e demonstrado graficamente na Figura 6, para o descritor SS não foram encontrados efeitos significativos. Já para o descritor ETF, foram encontrados efeitos significativos para todos os híbridos, exceto para PI03, porém todos eles tiveram valores negativos. Para PF, houve significância para todos os híbridos em questão, sendo que os híbridos com os maiores valores foram PI02 e PI05; com heterose de 34,25 e 44,46%. Quanto

ao descritor NFP, verificou-se significância para os seis híbridos, com exceção de PI03 e PI04. Os híbridos com os maiores valores foram PI02 e PI05, obtendo-se heterose de 58,99 e 76,39%.

Tabela 5. Estimativas em porcentagens de Heterose (H%) para sólidos solúveis (SS), eixo transversal do fruto (ETF), produção de frutos (PF) e número de frutos por planta (NFP) em *P. ixocarpa*.

SS				
Híbrido	G1	G2	F1	H%
PI01	4,77	4,83	4,62	-3,75 ^{NS}
PI02	4,77	4,49	4,58	-1,08 ^{NS}
PI03	4,77	5,04	4,82	-1,73 ^{NS}
PI04	4,96	4,83	3,87	-20,94 ^{NS}
PI05	4,96	4,49	3,78	-20,00 ^{NS}
PI06	4,96	5,04	4,24	-15,20 ^{NS}
ETF				
Híbrido	G1	G2	F1	H%
PI01	38,50	38,90	35,00	-9,56 ^{**}
PI02	38,50	42,32	37,93	-6,14 ^{NS}
PI03	38,50	38,81	37,75	-2,34 ^{NS}
PI04	42,33	38,90	38,47	-5,28 ^{NS}
PI05	42,33	42,32	39,79	-5,99 [*]
PI06	42,33	38,81	38,44	-5,25 ^{NS}
PF				
Híbrido	G1	G2	F1	H%
PI01	1336,04	2304,50	1648,00	-9,46 ^{**}
PI02	1336,04	2091,75	2300,92	34,25 ^{**}
PI03	1336,04	1483,07	1270,07	-9,90 ^{**}
PI04	1379,72	2304,50	1863,19	1,14 ^{**}
PI05	1379,72	2091,75	2507,43	44,46 ^{**}
PI06	1379,72	1483,07	1490,11	4,10 ^{**}
NFP				
Híbrido	G1	G2	F1	H%
PI01	70,07	105,86	94,55	7,49 ^{**}
PI02	70,07	72,71	113,50	58,99 ^{**}
PI03	70,07	64,15	65,21	-2,83 ^{NS}
PI04	55,62	105,86	98,56	22,07 ^{NS}
PI05	55,62	72,71	113,18	76,39 ^{**}
PI06	55,62	64,15	68,96	15,15 ^{**}

*, **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste t, respectivamente; NS: não significativo. G1: Genitor 1, G2: Genitor 2, F1: Geração filial 1.

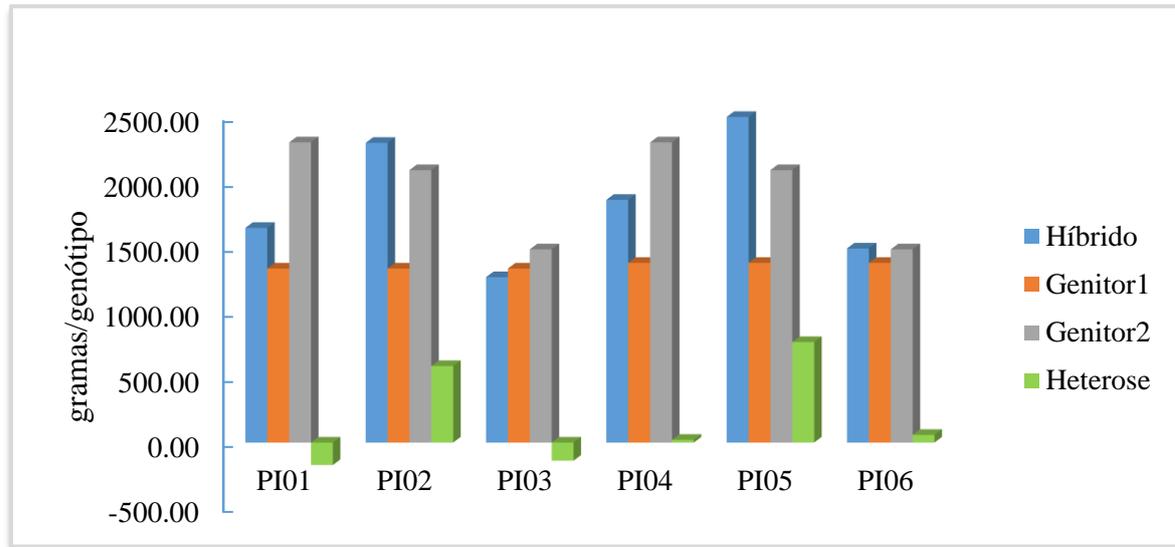


Figura 6. Gráfico de rendimento (PF) sobre heterose em híbridos de *P. ixocarpa*, e a comparação com seus respectivos genitores.

Correlações e Redes de Correlações

Correlações fenotípicas e significativas foram encontrados para PF x ATP (0,81), PF x LE (0,79), PF x NFP (0,88), PF x VA (0,97), DC x ETF (-0,61), ATP x LE (0,85), ATP x LLF (0,77), LE x LLF (0,65), LE x VA (0,80), LE x NFP (0,64), CLF x LLF (0,80), ETF x ELF (0,91), ELF x PMF (0,72), ETF x PMF (0,84), NFP x VA (0,88), LE x CNC (-0,65) (Tabela 6; Figura 7).

Tabela 6. Estimativa de correlações fenotípicas em 11 progênies de *Physalis ixocarpa*, para os descritores diâmetro de caule (DC), altura total da planta (ATP), longitude do entrenó (LE), comprimento da lâmina foliar (CLF), longitude da lâmina foliar (LLF), sólidos solúveis (SS), eixo longitudinal do fruto (ELF), eixo transversal do fruto (ETF), produção de frutos (PF), número de frutos por planta (NFP), peso médio do fruto (PMF), valor agronômico (VA), cor da nervadura do cálice (CNC) e início da floração (IF).

Descritor	ATP	LE	CLF	LLF	SS	ELF	ETF	PF	NFP	PMF	VA	CNC	IF
DC	0,50	0,40	0,45	0,57	-0,55	-0,59	-0,61*	0,40	0,60	-0,32	0,51	-0,32	0,41
ATP		0,85**	0,54	0,77**	-0,52	0,10	0,28	0,81**	0,60*	0,54	0,84**	-0,41	0,17
LE			0,32	0,65*	-0,14	0,10	0,20	0,79**	0,64*	0,43	0,80**	-0,65*	0,46
CLF				0,80**	-0,59	0,09	0,11	0,02	-0,01	0,35	0,09	0,00	0,25
LLF					-0,59	0,14	0,19	0,45	0,38	0,34	0,50	-0,31	0,43
SS						0,33	0,09	-0,34	-0,42	0,03	-0,39	-0,36	0,09
ELF							0,91**	-0,16	-0,55	0,72*	-0,21	-0,15	-0,07
ETF								0,09	-0,34	0,84**	0,02	0,04	-0,16
PF									0,88**	0,23	0,97**	-0,39	0,14
NFP										-0,19	0,88**	-0,33	0,18
PMF											0,23	-0,17	-0,07
VA												-0,44	0,14
CNC													-0,30

*, **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste t, respectivamente; caso contrário é não significativo.

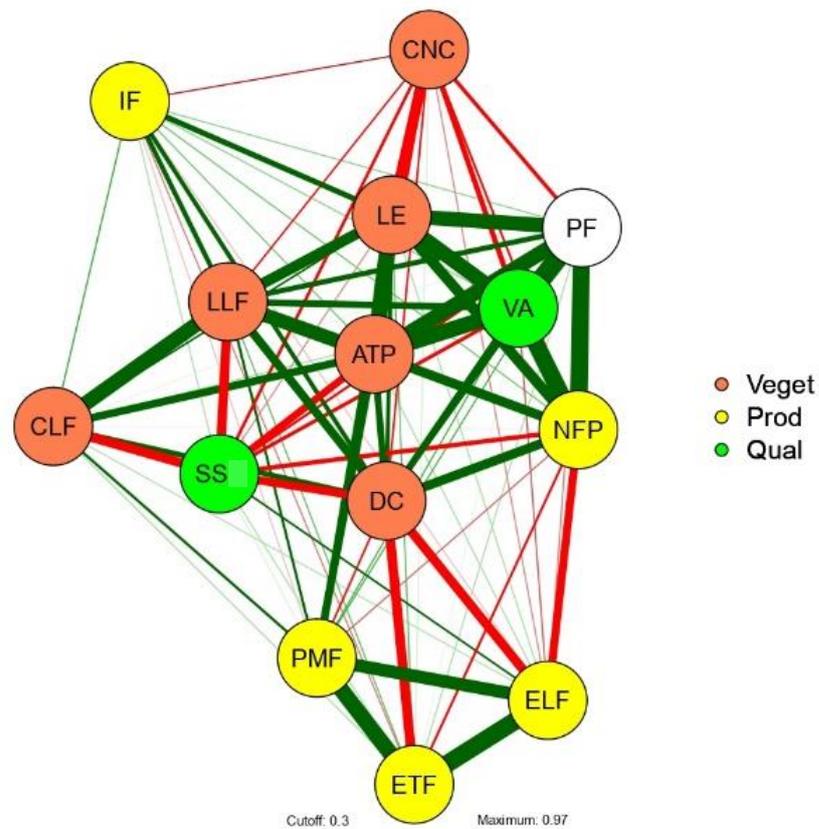


Figura 7. Rede de correlações fenotípicas em progênies de *Physalis ixocarpa* para os descritores diâmetro de caule (DC), altura total da planta (ATP), longitude do entrenó (LE), comprimento da lâmina foliar (CLF), longitude da lâmina foliar (LLF), sólidos solúveis (SS), eixo longitudinal do fruto (ELF), eixo transversal do fruto (ETF), produção de frutos (PF), número de frutos por planta (NFP), peso médio do fruto (PMF), valor agrônômico (VA), cor da nervura do cálice (CNC) e início da floração (IF). As linhas vermelhas representam correlações negativas e as verdes representam correções positivas. A espessura da linha é proporcional à magnitude da correlação. As linhas em destaque apresentam correlação em módulo maior que 0,6. Descritores vegetativos: DC, ATP, LE, CLF, LLF, CNC; Descritores de produção: ELF, ETF, PF, NFP, PMF, IF; Descritores de qualidade: SS, VA.

Análise de Trilha

A avaliação dos efeitos diretos dos descritores vegetativos sobre o descritor principal (PF), permitiu observar que ATP e CLF tiveram os valores de maior magnitude, porém este último mostrou altos valores de efeitos indiretos (Tabela 7). Além de ATP, foram encontrados efeitos totais significativos para LE. Foi encontrado um efeito de determinação de 95,30% e um efeito da variável residual de 0,22.

Tabela 7. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos descritores vegetativos diâmetro de caule (DC), altura total da planta (ATP), longitude do entrenó (LE), comprimento da lâmina foliar (CLF), longitude da lâmina foliar (LLF), e cor da nervadura do cálice (CNC), sobre o descritor principal produção de frutos (PF), em progênies de *Physalis ixocarpa*.

Efeito	Descritor explicativo					
	DC	ATP	LE	CLF	LLF	CNC
Direto sobre PF	0,19	0,40	0,34	-0,76	0,19	0,28
Indireto sobre DC	--	0,10	0,08	0,09	0,11	-0,06
Indireto via ATP	0,40	--	0,68	0,43	0,62	-0,33
Indireto via LE	0,13	0,29	--	0,11	0,22	-0,22
Indireto via CLF	-0,34	-0,41	-0,24	--	-0,60	0,00
Indireto via LLF	0,11	0,14	0,12	0,15	--	-0,06
Indireto via CNC	-0,09	-0,11	-0,18	0,00	-0,09	--
Total	0,40	0,81	0,79	0,02	0,45	-0,39
R2 (%)	95,30%					
Efeito residual	0,22					

Total: correlação entre o descritor da coluna com o descritor principal PF; R2 (%): porcentagem do coeficiente de determinação. DC: diâmetro do caule; ATP: altura total da planta; LE: longitude do entrenó; CLF: comprimento da lâmina foliar; CNC: cor da nervura do cálice.

Avaliando os efeitos diretos dos descritores ligados à produção sobre o descritor principal (PF), pode-se observar que somente NFP obteve um valor de grande relevância. De igual maneira o efeito total foi de alta magnitude, com pouca influência de outros descritores (Tabela 8). Já os descritores ELF, ETF, PMF e IF mostraram tanto efeitos diretos quanto efeitos totais, porém de baixa magnitude. Foi encontrado um efeito de determinação de 96,40% e um efeito da variável residual de 0,19.

Tabela 8. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos descritores de produção eixo longitudinal do fruto (ELF), eixo transversal do fruto (ETF), número de frutos por planta (NFP), peso médio do fruto (PMF), e início da floração (IF), sobre o descritor principal produção de frutos (PF), em progênies de *Physalis ixocarpa*.

Efeito	Descritor explicativo				
	ELF	ETF	NFP	PMF	IF
Direto sobre PF	0,06	0,20	1,03	0,22	0,01
Indireto sobre ELF	--	0,06	-0,03	0,05	0,00
Indireto via ETF	0,18	--	-0,07	0,17	-0,03
Indireto via NFP	-0,56	-0,35	--	-0,20	0,18
Indireto via PMF	0,16	0,18	-0,04	--	-0,01
Indireto via IF	0,00	0,00	0,00	0,00	--
Total	-0,16	0,09	0,88	0,23	0,14
R2 (%)	96,40%				
Efeito residual	0,19				

Total: correlação entre o descritor da coluna com o descritor principal PF; R2 (%): porcentagem do coeficiente de determinação. ELF: eixo longitudinal do fruto; ETF: eixo transversal do fruto; NFP: número de frutos por planta; PMF: peso médio do fruto; IF: início da floração.

Realizando a avaliação dos efeitos diretos dos descritores ligados à qualidade sobre o descritor principal (PF), observa-se que VA teve um efeito direto de alta magnitude, do mesmo modo para o efeito total (Tabela 9). O descritor SS teve um efeito direto de baixa magnitude e

um efeito total de moderada magnitude. Foi encontrado um efeito de determinação de 95,93% e da variável residual de 0,23.

Tabela 9. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos descritores de qualidade sólidos solúveis (SS) e valor agrônômico (VA), sobre o descritor principal produção de frutos (PF), em progênies de *Physalis ixocarpa*.

Efeito	Descritor explicativo	
	SS	VA
Direto sobre PF	0,04	0,99
Indireto sobre SS	--	-0,01
Indireto via VA	-0,38	--
Total	-0,34	0,97
R2 (%)	95,93%	
Efeito residual	0,23	

Total: correlação entre o descritor da coluna com o descritor principal PF; R2 (%): porcentagem do coeficiente de determinação. SS: sólidos solúveis; VA: valor agrônômico.

Índice de seleção

As progênies PI05, PI02, 92V, PI04 e 173V apresentaram-se como as melhores progênies posicionadas do experimento, para os índices de seleção Aditivo (I e II) e para o índice de Mulamba e Mock (Tabela 10). Por outro lado, o índice de seleção Multiplicativo realizou a identificação das melhores progênies para: PI05, PI02, PI01, PI04 e PI03.

Tabela 10. Ordem de seleção por índice para 11 progênies de *Physalis ixocarpa*, considerando os descritores produção de frutos, número de frutos por planta, eixo transversal do fruto e sólidos solúveis.

Ordem	AD (I)	AD (II)	MLT	MR
1	PI05	PI05	PI05	PI05
2	PI02	PI02	PI02	173V
3	92V	92V	PI01	PI02
4	PI04	PI04	PI04	PI04
5	173V	173V	PI03	92V
6	PI01	PI01	PI06	PI06
7	PI06	PI06	98R	PI01
8	98R	189R	92V	128R
9	189R	98R	173V	98R
10	PI03	128R	128R	189R
11	128R	PI03	189R	PI03

AD: índice de seleção Aditivo de Smith & Hazel (1936,1943); MLT: índice de seleção Multiplicativo de Subandi (1973); MR: índice de soma de *ranks* de Mulamba e Mock (1978).

Após seleção das cinco melhores progênies do experimento, considerando os índices Aditivo I e II, e Mulamba e Mock, foram obtidos ganhos importantes para os descritores sob seleção, principalmente para PF e NFP, sendo de 18,29 e 13,51%, respectivamente (Tabela 11). O descritor SS obteve um ganho de -2,53% e ETF de 0,47%. Esses materiais selecionados

tiveram uma média quanto a rendimento de 2213,56 gramas, 100,76 frutos por planta, 39,48 mm de eixo transversal do fruto e 4,31 de SS (°Brix).

Tabela 11. Ganho por seleção para os descritores sólidos solúveis (SS), eixo transversal do fruto (ETF) produção de Frutos (PF) e número de frutos por planta (NFP) em progênes de *P. ixocarpa*.

Progênie	SS	ETF	PF	NFP
PI02	4,58	37,93	2300,92	113,50
PI04	3,87	38,47	1863,19	98,56
PI05	3,78	39,79	2507,43	113,18
92V	4,83	38,90	2304,50	105,86
173V	4,49	42,32	2091,75	72,71
PI01	4,62	35,00	1648,00	94,55
PI03	4,82	37,75	1270,07	65,21
PI06	4,24	38,44	1490,11	68,96
98R	4,77	38,50	1336,04	70,07
128R	4,96	42,33	1379,72	55,62
189R	5,04	38,81	1483,07	64,15
Méd. Or	4,55	38,93	1788,62	83,85
Méd. Sel	4,31	39,48	2213,56	100,76
DS	-0,23	0,55	424,94	16,91
h ²	0,49	0,33	0,77	0,67
GS	-0,11	0,18	327,20	11,33
GS%	-2,53%	0,47%	18,29%	13,51%

Méd. Or: Média original do experimento; Méd. Sel: Média das progênes selecionadas; DS: diferencial de seleção; h²: herdabilidade individual no sentido amplo; GS: ganho por seleção; GS%: ganho por seleção em porcentagem ao selecionar cinco progênes.

Índice de coincidência

O índice de seleção Aditivo I teve uma coincidência de 100% quando comparado com os índices de seleção Aditivo II e Mulamba e Mock (Tabela 12), o que significa que tais índices realizaram a seleção das mesmas cinco progênes. No entanto, quando se faz a comparação do índice de seleção Multiplicativo com os demais índices, observa-se 60% de coincidência, e representa que os índices anteriormente mencionados realizaram a seleção de três progênes em comum.

Tabela 12. Número de progênes coincidentes entre três índices de seleção em 11 progênes de *Physalis ixocarpa*.

	AD I	AD II	MLT	MR
AD I	---	5	3	5
AD II	---	---	3	5
MLT	---	---	---	3
MR	---	---	---	---
	AD I	AD II	MLT	MR

AD I	---	100	60	100
AD II	---	---	60	100
MLT	---	---	---	60
MR	---	---	---	---

AD: índice de seleção Aditivo de Smith & Hazel (1936,1943); MLT: índice de seleção Multiplicativo de Subandi (1973); MR: índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978).

4. DISCUSSÃO

Quando a variabilidade total existente em um descritor demonstra ser de origem genética, podem ser obtidos ganhos ao realizar a seleção, o que pode ser possível nos descritores PF, NFP, ETF e SS; indicando grandes chances de sucesso nas fases seguintes de melhoramento (FALCONER, 1984), principalmente quando se buscam incrementos na produção de frutos, posto que melhoras nesse descritor é um fator determinante no aprimoramento de *P. ixocarpa*. Quando efeitos significativos são encontrados, se deve, geralmente à divergência genética entre as progênes utilizadas e à soma dos efeitos aditivos dos mesmos (DE LA CRUZ et al., 2007).

Trabalhando com meio-irmãos da mesma espécie, Sahagún-Castellanos et al. (1999), Lomelí et al. (2004, 2008, 2013), e Camposeco-Montejo et al. (2015, 2020), encontraram variabilidade genética significativa para PF e NFP, tendo também maiores possibilidades de êxito no programa de melhoramento quanto ao incremento da produção de frutos. Da mesma maneira, resultados semelhantes foram obtidos por Lagos et al. (2007), avaliando híbridos e genitores de *P. peruviana*, onde encontraram diferença genética significativa para descritores como PF e SS, entretanto, para o descritor ETF, não foi encontrada diferença genética significativa entre os genótipos avaliados. Andrade et al. (2014) encontram significância genética para os descritores PF e SS, após ter realizado um dialelo parcial em *Solanum lycopersicum*. Camposeco-Montejo et al. (2015, 2020) após ter realizado um dialelo em *P. ixocarpa*, constataram possibilidades de realizar a seleção para ETF e SS por terem encontrado variabilidade significativa de origem genética. Na mesma espécie, Lomelí et al. (1998) encontraram significância para ETF e não para SS.

Os quatro descritores que apresentaram significância genética evidenciaram estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h^2_g) de moderada a alta magnitude, o que indica que a ação genética de tipo aditiva foi a principal responsável pela variação total do experimento, afirmação que pode ser corroborada pelos altos valores de herdabilidade no sentido restrito (h^2_a), sendo de 0,77 +/- 0,22; 0,66 +/- 0,20; 0,33 +/- 0,14; e 0,48 +/- 0,17, para PF, NFP, ETF e SS, respectivamente. Evidenciando grandes possibilidades de avanços nas fases subsequentes no programa de melhoramento desses descritores. Trabalhando também com *P. ixocarpa*, Lomelí et al. (2002, 2004, 2008) encontraram valores similares para PF e NFP quando

comparados com o presente trabalho, afirmando a prevalência de genes de tipo aditivo para praticar uma seleção eficiente das melhores progênies do experimento.

No presente estudo, valores significativos para os efeitos da parcela foram encontrados para DC, CLF e LLF; o que significa que foram identificadas diferenças marcantes para um mesmo genótipo entre os diferentes blocos; portanto, tais efeitos ambientais reduzem a possibilidade de encontrar variabilidade de origem genética em um descritor, conseqüentemente diminuem a magnitude da herdabilidade. Genótipos de *P. ixocarpa* podem apresentar diferentes aptidões relacionados a diferentes fatores ambientais, como por exemplo o espaçamento ou a densidade utilizada na semeadura (VALERIO et al., 2012), já que os descritores considerados como quantitativos estão governados por uma grande quantidade de genes de pouco efeito, pelo qual são altamente influenciados pelo ambiente.

A significância encontrada em alguns descritores revela a existência de variabilidade, decorrente da ação dos efeitos gênicos aditivos e/ou não aditivos, apontando à obtenção de novos e melhores materiais genéticos. Entretanto, no presente estudo, a CGC foi significativa para os descritores que tiveram significância genética, caso contrário aconteceu com o CEC; o que significa que os efeitos aditivos foram mais importantes do que os não aditivos, os quais podem ser transmitidos para as próximas gerações. Pandey (1957), mencionou que *P. ixocarpa* apresenta autoincompatibilidade gametofítica determinada por um par de genes independentes com alelos múltiplos (alógama obrigatória), o que resulta em difícil formação de linhas puras para realizar melhoramento por hibridação. Não entanto, Lomelí et al. (1998), ao realizar um dialelo com 10 progênies, observaram possibilidades de conduzir um programa de melhoramento por hibridação para produção de frutos em *P. ixocarpa*.

O descritor IF obteve significância para CEC, porém não atingiu significância genética; portanto, estatisticamente indica-se que não podem ser obtidos ganhos significativos nas fases subsequentes de melhoramento para o descritor mencionado. Em *P. ixocarpa*, Moreno et al. (2002) estabeleceram que quando se tem uma variabilidade genética aditiva pronunciada, podem-se obter importantes ganhos genéticos por seleção; o que permitiria a criação de uma nova cultivar, e de uma maneira mais precoce.

Para PF, os efeitos aditivos foram muito mais expressivos, portanto, altos valores de CGC foram encontrados para genitores como 173V e 128R, o que sugere que ao utilizá-los, também se terão aumentos favoráveis na produção de frutos. Lomelí et al. (1998), sinalizam que aqueles genitores com os maiores valores para CGC são os melhores para a formação de uma população base no melhoramento por seleção. Do mesmo modo, em concordância com os resultados obtidos, Camposeco-Montejo et al. (2015) e Sahagún-Castellanos et al. (1999),

trabalhando com dialelos em *P. ixocarpa*, encontraram efeitos aditivos mais importantes do que os de não aditivos para PF. Na mesma espécie, Lomelí et al. (1998) conseguiram incrementar os rendimentos entre 14,3 e 40,6%, devido aos efeitos de CGC e CEC entre cruzamentos das variedades “Verde Puebla” e “Rendidora” no México. No mesmo país, e semelhante ao presente trabalho, Sahagún-Castellanos et al. (1999), devido ao efeito predominante de CGC, conseguiram atingir rendimentos até de 138,7%, entre cruzamentos das variedades “Salamanca” e “Rendidora”. O que significa, que para esse descritor, *P. ixocarpa* demonstra ter maior influência dos efeitos aditivos do que os não aditivos.

Lagos et al. (2007), avaliando diferentes descritores em híbridos e genitores de *P. peruviana*, encontraram significância para o efeito CEC, e não para CGC; o que indica que nesse estudo efeitos não aditivos foram mais importantes do que os efeitos aditivos; possivelmente porque a espécie é autofértil e o nível de homozigose para os *loci* é maior. Já Andrade et al. (2014), avaliando híbridos e genitores de *S. lycopersicum*, obtiveram resultados similares aos do presente estudo, onde foi verificada significância para os efeitos aditivos, no entanto, eles encontraram significância para os efeitos de dominância nos descritores estudados.

Para NFP, as progênies 92V, 173V e 128R tiveram valores de CGC positivos e altos, e um CEC não significativo, o que viabiliza sua utilização como fonte de genitores se o objetivo for incrementar o número de frutos por planta. Isto quer dizer, que no presente estudo, os principais descritores responsáveis pela produção de frutos estão dominados por efeitos aditivos. Resultados contrários ao presente estudo foram encontrados por Camposeco-Montejo et al. (2015) para o descritor NFP, avaliando híbridos de *P. ixocarpa*, onde os efeitos não aditivos ou de dominância foram predominantes para esse descritor.

No presente estudo, para o descritor SS, somente o efeito CGC obteve significância, o que significa que o efeito genético aditivo foi preponderante sobre o não aditivo. Isto permite antever que nos cruzamentos onde os genitores 98R e 189R participarem, haverá contribuição para aumentos na quantidade de sólidos solúveis. Lagos et al. (2007) tiveram resultados parcialmente semelhantes aos encontrados no presente estudo, encontrando significância para os efeitos CGC e CEC para o descritor anteriormente mencionado. Já Andrade et al. (2014), encontraram resultados semelhantes em *S. lycopersicum*, onde os efeitos aditivos foram preponderantes sobre os de dominância para o descritor teor de sólidos solúveis.

Resultados diferentes foram encontrados por Camposeco-Montejo et al. (2015), que encontraram efeitos não aditivos mais importantes do que os aditivos para ETF e SS em híbridos de *P. ixocarpa*, podendo realizar a seleção de híbridos promissores para os descritores anteriormente mencionados, em concordância com a afirmação feita por Sprague e Tatum

(1942). É bastante lógico que aqueles genitores com valores positivos de CGC para PF e NFP não foram os mesmos para SS, similar ao encontrado por Camposeco-Montejo et al. (2015) em alguns híbridos de *P. ixocarpa*. A explicação mais fundamentada no presente trabalho, se deve a que ambos descritores possuem uma correlação negativa (-0,34), o que implica que a seleção não pode ser realizada para ambos ao mesmo tempo.

Quanto ao descritor ETF, não foi encontrada significância para CEC, somente para CGC, sendo que ao utilizar genitores como 173V, 128R e 189R, serão alcançados ganhos no eixo transversal do fruto, o que expressa uma marcada ação dos efeitos gênicos aditivos. Resultados parcialmente semelhantes quando comparados ao presente trabalho foram encontrados por Camposeco-Montejo et al. (2015), obtendo significância tanto para CGC quanto para CEC, onde a utilização de híbridos se apresenta como uma boa estratégia para obter materiais promissores para aumentar o eixo transversal do fruto. Já Lagos et al. (2007), não obtiveram significância para os efeitos CGC e CEC, no descritor mencionado.

Cruz e Regazzi (2012), com relação à discriminação híbrida, preconizam que as melhores combinações devem ser aquelas com maior CEC, cujos genitores apresentem alta CGC. Embora não tenham sido encontrados valores significativos para CEC, genitores como 173V e 128R, que apresentaram valores positivos na CGC tanto para PF quanto para NFP, geraram o melhor e mais produtivo híbrido do experimento (PI05). No entanto, Cruz e Vencovsky (1989), comparando alguns métodos de análise dialélica, revelaram o fato de que nem sempre dois genitores de alta capacidade geral, quando cruzados, originam o melhor híbrido do dialelo. Sánchez et al. (2011) ressaltam que, a divergência genética entre os genitores é a que determina a significância e as diferenças entre as magnitudes da CGC e a CEC.

Mesmo com a ocorrência dos efeitos não aditivos baixos, foram encontrados híbridos com grande rendimento, portanto, a perspectiva quanto à continuação do programa do melhoramento seria a de incrementar a base genética, utilizando novos materiais para realizar cruzamentos e avaliar populações segregantes promissoras. Desta maneira, procurara-se encontrar variabilidade genética em outros descritores importantes para o melhoramento da espécie, como por exemplo tolerância aos fatores adversos, altura total da planta e/ou altura à primeira bifurcação, que facilitariam em grande proporção as atividades relacionadas ao manejo (menor dano nas ramificações, além de que estariam menos propensas a contrair doenças, por não estarem em contato com o solo) e às atividades de colheita, entre outros descritores de importância.

Borém et al. (2017) afirmaram que progênies fenotipicamente superiores nem sempre vão gerar indivíduos superiores, pois vai depender se a maior parte de variação total entre

plantas, é de origem genética ou ambiental. No presente trabalho, além de ter encontrada significância de origem genética, foi encontrada significância para heterose, o que indica a existência do efeito heterótico para o descritor PF, o que significa que vários híbridos tiveram médias estatisticamente melhores do que a média dos pais, resultados buscados pelos melhoristas de plantas. No presente estudo, valores em sentido positivo foram manifestados para a maioria dos descritores em questão, porém também foram encontrados valores no sentido negativo, em concordância com os resultados obtidos por Camposeco-Montejo et al. (2020).

Realizando a comparação das médias entre os genitores e cruzamentos (Tabela 11) e mostrado graficamente no Gráfico 6, se verifica que o híbrido com maior PF foi PI05, tendo um valor estimado de 50,15 t ha⁻¹, superando por 15,44 t ha⁻¹ a média dos pais. PI02 foi o segundo melhor híbrido, obtendo uma produção de frutos estimada de 46,02 t ha⁻¹, superando por 11,74 t ha⁻¹ à média dos pais. Resultados semelhantes foram obtidos por Camposeco-Montejo et al. (2020), trabalhando com um dialelo de *P. ixocarpa*, que obtiveram o melhor híbrido do experimento com uma produção de frutos estimada de 47,19 t ha⁻¹, sendo maior do que o melhor genitor por 8,14 t ha⁻¹. Porém, o melhor híbrido do presente estudo (PI05), teve uma maior produção de frutos estimada quando comparado com o híbrido mencionado anteriormente, o que demonstra o grande potencial que a espécie tem para cultivo nas condições em que a pesquisa foi realizada.

Sahagún-Castellanos et al. (1999), em um dialelo realizado em *P. ixocarpa* para o descritor “produção de frutos na primeira colheita”, obtiveram um híbrido que foi muito superior à média dos pais. Para esse caso, eles afirmam sobre a possibilidade de desenvolver cultivares por meio da hibridação. No entanto, não obtiveram significância para CEC; o que significa que o efeito aditivo foi mais importante nesse estudo, resultados semelhantes ao presente estudo. A complementariedade poderia ter sido um fator importante entre os genitores. Caso contrário aconteceu num experimento realizado em *P. peruviana* por Lagos et al. (2007), no qual foram obtidas médias similares entre genitores e híbridos, onde conseqüentemente não foi encontrada significância para o efeito heterótico. Para a obtenção de indivíduos com alto vigor híbrido, além de realizar cruzamentos entre genótipos não aparentados, também é necessário que exista complementariedade entre eles, por ação de alelos favoráveis para a maioria dos *loci* quanto ao descritor alvo de melhoramento (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017).

Comparando as médias entre os genitores e cruzamentos (Tabela 11) quanto ao descritor NFP, verifica-se que o híbrido com a maior heterose foi PI05, com 113,18 frutos. Valores similares aos apresentados por Camposeco-Montejo et al. (2020) para o melhor cruzamento do

experimento, no entanto, eles obtiveram um valor superior, de 109,19. Já Lomelí et al. (1998) reportaram um valor inferior para a média da heterose do experimento, de 10,42%, sendo que a média da heterose no presente experimento foi de 29,54%, para o descritor anteriormente mencionado.

Para o descritor ETF, foi encontrada significância quanto à heterose para dois híbridos, porém todos em sentido negativo. Resultados diferentes foram encontrados por Lagos et al. (2007) em *P. peruviana*, onde não foi encontrada significância para o efeito heterótico, obtendo médias similares para os híbridos do experimento, e por Camposeco-Montejo et al. (2020), que encontraram um híbrido, com valores de 11,40% para heterose em *P. ixocarpa*.

Não foi revelado efeito heterótico significativo para o descritor SS, o que expressa que tais médias foram semelhantes quando comparadas com os genitores. Trabalhando com tal descritor, foram encontrados resultados similares por Lagos et al. (2007) em *P. peruviana*, onde também não foi encontrada significância quanto à heterose. Quando híbridos não manifestam grande efeito heterótico, possivelmente se deve que a herança de um descritor seja apenas de efeito aditivo (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017).

Quanto aos efeitos diretos dos descritores vegetativos sobre o descritor principal (PF), observa-se que ao selecionar indivíduos com maior altura, terão ganhos quanto à produção de frutos. Os efeitos indiretos via ATP sobre o descritor principal foram os de maior magnitude. Por meio dos efeitos totais significativos, foi determinado que plantas com maior longitude de entrenó também são mais produtivas. Rodrigues et al. (2010) encontraram resultados similares em *S. lycopersicum*, identificando altos valores tanto diretos quanto indiretos do descritor LE, com o principal PF; devido a um maior desenvolvimento vascular das plantas, portanto um melhor transporte de nutrientes.

Segundo Cruz et al. (2004), a busca de descritores que possuam correlação com a produção de frutos é muito importante, fundamentalmente porque na maioria de espécies cultivadas a herdabilidade não é alta; e correspondem aos descritores de maior importância para os melhoristas de plantas. Efeitos significativos diretos e totais de NFP com relação à PF, somado à pouca influência dos demais descritores, demonstram que ao selecionar genótipos com alto número de frutos, poderão ser alcançados ganhos significativos quanto à produção de frutos. A alta correlação entre PF e NFP (0,88), aponta grandes chances de sucesso na realização de seleção indireta. Resultados semelhantes foram encontrados por Lomelí et al. (2008), onde correlação positiva e significativa foi obtida para PF e NFP, garantido altas possibilidades de êxito na seleção indireta. Resultados diferentes foram encontrados por Rodrigues et al. (2010), em *S. lycopersicum*, onde não encontraram correlação significativa entre esses descritores.

Quando um descritor evidencia efeitos diretos e/ou totais de baixa magnitude sobre o descritor principal, não serão obtidos ganhos significativos ao realizar a seleção indireta; o que aconteceu para os descritores ELF, ETF, PM e IF. Trevisani et al. (2017) afirmaram que, quando a seleção é realizada para uma maior produção de frutos, muitas vezes não se levam em conta componentes importantes de qualidade morfológica tanto da planta quanto do fruto, aspectos fundamentais quando se trata das preferências do consumidor, principalmente no fruto. Nesse estudo, os autores encontraram que o descritor NFP apresentou correlação negativa com outros descritores, como peso do fruto, altura da planta e diâmetro de caule. Fischer et al. (2011) ressaltaram que a disponibilidade de assimilados desenvolvidos pela planta não é abundante, o que poderia explicar estes resultados.

Efeito direto e total de alta magnitude encontrados no descritor de qualidade VA sobre o descritor principal (PF) significa que plantas com alto valor agrônômico são também mais produtivas. Valores de SS de baixa e moderada magnitude para o efeito direto e para o efeito total, respectivamente, foram obtidos devido à influência que tem o descritor VA sobre o efeito total. Isso pode ter acontecido porque o critério principal para avaliar VA foi a produção de frutos, o que significa que aquelas plantas com maior quantidade de sólidos solúveis serão menos produtivas. Resultados similares foram encontrados por Rodrigues et al. (2010), onde efeito direto negativo e de baixa magnitude foram obtidos para SS, em relação à PF. Em vista disso, direções de seleção diferentes devem de ser utilizadas para o aumento da produção de frutos quando aumentar a produção de frutos da população for o objetivo. É importante ressaltar que foi encontrada uma correlação de baixa magnitude entre ambos descritores, porém foi encontrada variabilidade genética para SS, o que significaria que a escolha de genótipos com maior teor de sólidos solúveis, resultaria na seleção de materiais menos produtivos.

A correlação de ETF com DC (-0,61), ELF (-0,91) e PMF (0,84), significa que plantas com maior eixo transversal do fruto também terão menor diâmetro de caule, menor eixo longitudinal de fruto e maior peso médio do fruto. ATP teve correlação positiva e significativa com LE (0,85) e LLF (0,77), o que significa que aquelas plantas com maior longitude de entrenó e com altos valores para longitude de lâmina foliar irão influenciar a escolha de plantas com maior altura total de planta. Foi encontrada uma correlação positiva e significativa entre NFP e LE (0,64), o que indica que plantas com maior longitude de entrenó tenderão a apresentar maior número de frutos por planta. Essas correlações podem ser verificadas graficamente por meio da rede de correlações (Figura 7), onde o tamanho e intensidade dessas redes é marcante.

Para os três grupos de descritores (Tabelas 7, 8 e 9) foram encontrados altos valores para os efeitos de determinação, e valores muito satisfatórios para os efeitos das variáveis

residuais, o que indica um bom ajuste do modelo sobre a explicação dos efeitos genéticos relacionados à produção de frutos. Isto proporciona maior confiança nas interpretações realizadas pelo pesquisador quanto aos efeitos diretos e indiretos que compõem a matriz. No presente trabalho não foram encontrados problemas de multicolinearidade e em vista disso não foi necessário o descarte de nenhum descritor na análise. Resultados semelhantes foram encontrados por Trevisani et al. (2017), após ter realizado uma análise de trilha em *P. peruviana*, utilizando como descritor principal o número de frutos, quando não tiveram problemas no diagnóstico de multicolinearidade, e tiveram um coeficiente de determinação de 81,70%.

No melhoramento de plantas alógamas nem sempre é recomendada a seleção individual, em função do ambiente ter uma influência muito marcante na expressão de um genótipo, visto que para aumentar a herdabilidade e o ganho por seleção, a seleção de progênies é uma alternativa recomendada (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). A maioria dos métodos utilizados para a escolha das melhores cinco progênies (PI02, PI04, PI05, 92V e 173V), mostraram resultados semelhantes. Entretanto, o método de Mulamba e Mock realizou a escolha de duas progênies diferentes das selecionadas pelos demais métodos. Portanto, a seleção foi feita para aquelas cinco progênies selecionadas pela maioria dos métodos utilizados no presente estudo.

Ao efetuar a seleção das cinco melhores progênies, incluindo genitores e híbridos, foi obtida uma nova média para PF de 2213,56 gramas, valor superior quando comparado com a média do experimento, de 1788,62 gramas (Tabela 11). De modo que, a estimativa das progênies selecionadas atingiu uma produção de frutos de 44,27 t ha⁻¹, valores muito por cima da média atual mexicana, de 18,90 t ha⁻¹ (Pérez et al., 2020), e superiores ao potencial da espécie segundo Lomelí et al. (1997), que estimaram uma capacidade para produzir 40,00 t ha⁻¹. Portanto, é sugerida a utilização desses cinco genitores como população base para os processos seguintes de seleção, com o objetivo de incrementar o rendimento atual da população melhorada (Camposeco-Montejo et al., 2015). Do mesmo modo, eles afirmam que quando a CGC é maior que a CEC, e é encontrado um material genético de alto rendimento para produção de frutos, este pode ser utilizado diretamente como cultivar de polinização livre, pois espera-se que a depressão endogâmica não seja tão significativa em gerações mais avançadas. Porém, se o que se pretende num futuro é incrementar o teor dos sólidos solúveis, é recomendada a utilização de outros métodos, devido a PF e SS terem apresentado uma correlação negativa, sendo a criação de grupos heteróticos uma boa alternativa.

Outra alternativa para dar continuidade ao programa de melhoramento da população atual, e por haver encontrado efeitos aditivos preponderantes sobre os de dominância (CGC > CEC), seria a utilização da seleção recorrente entre as cinco progênes selecionadas, o que estaria precedido da seleção dos melhores indivíduos em cada material genético selecionado.

5. CONCLUSÕES

Os efeitos de tipo aditivo (CGC) foram predominantes e significativos sobre os de dominância (CEC), para os descritores produção de frutos, número de frutos por planta, eixo transversal do fruto e sólidos solúveis.

Os genitores 173V e 128R têm alto potencial para ser utilizados na geração de materiais superiores na continuação do programa de melhoramento, visando incrementos na produção de frutos.

Os híbridos PI02, PI04 e PI05 e os genitores 92V e 173V foram selecionados segundo a maioria de índices de seleção, tendo uma média estimada de 44,27 t ha⁻¹, em visto disso, podem ser utilizados como progênes base nas seguintes fases de melhoramento quando o objetivo for incrementar a produção de frutos da população, além da alternativa de incrementar a base genética, incorporando novos materiais ao programa de melhoramento.

Os estudos de correlação e análise de trilha demonstraram que não se pode direcionar o programa de melhoramento para incremento da produção de frutos e para o aumento dos sólidos solúveis ao mesmo tempo, e que novas estratégias devem ser tomadas se o que se pretende é um incremento proporcional de ambas.

6. REFERÊNCIAS

ANDRADE, C. M.; Da SILVA, A. A.; CONRADO, T. V.; MALUF, W. R.; ANDRADE, T. M.; OLIVEIRA, C. M. Capacidade combinatória de linhagens de tomateiro em híbridos do tipo italiano. **Bragantia**, vol. 73, p. 237-245, 2014. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.0039>

ANGULO, R. 2000. Siembra, soporte, poda y fertilización. Producción, poscosecha y exportación de la uchuva (*Physalis peruviana* L). **Unibiblos**, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, 2000, p. 41-49.

BORÉM, Aluizio; MIRANDA, Glauco. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 530 p.

BORÉM, Aluizio; MIRANDA, Glauco; FRITSCHÉ-NETO, Roberto. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa: Editora UFV, 2017. 543 p.

CAMPOSECO-MONTEJO, N. C.; TORRES, V. R.; AGUILAR, L. A. V.; GODINA, F. R.; VILLAREAL, R. M.; MENDOZA, A. B. Estimation of the combining ability of husk tomato populations. **Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas**. v. 6, 2015.

CAMPOSECO-MONTEJO, N.; ROBLEDO-TORRES., V; FLORES-NAVEDA, A. Estimación de Heterosis y Heterobeltiosis en Híbridos Interpoblacionales de Tomate de Cáscara (*Physalis Ixocarpa* Brot.). **Tecnología en Marcha**. v. 33, p. 91-101, 2020. <https://orcid.org/0000-0003-0638-2452>

CRUZ, Cosme; CARNEIRO, Pedro; REGAZZI, Adair. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3 ed. Viçosa: UFV, 2014. v. 2. 668 p.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**, Maringá - PR, v.38, n. 4, p. 547-552, 2016.

CRUZ, Cosme; REGAZZI, Adair; CARNEIRO, Pedro. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético I**. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

CRUZ, Cosme; REGAZZI, Adair; CARNEIRO, Pedro. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, n.2, p.425–438, 1989.

DE LA CRUZ, L. E.; GÓMEZ V. A.; LÓPEZ B. A.; OSORIO O. R.; PALOMO G.A.; ROBLEDO T. V. e RODRÍGUEZ, H. S. 2007. Aptitud combinatoria de líneas de maíz de alta calidad de proteína para características forrajeras. **Universidad y Ciencia**, v.23, p.57-68, 2007.

EPSKAMP, S.; CRAMER, A. O. J.; WALDORP, L. J.; SCHMITTMANN, V. D.; BORSBOOM, D. qgraph: Network visualizations of relationships in psychometric data. **Journal of Statistical Software**, Innsbruck, v. 48, n. 4, p. 1-18, 2012.

FALCONER, Douglas. **Introduction to the quantitative genetics**. 3. ed. New York: Longman Scientific & Technical, 1984.

FISCHER, G.; HERRERA, A.; ALMANZA, P. J. Cape gooseberry (*Physalis peruviana* L.) In: YAHIA, E.M. (Ed.). **Postharvest biology and technology of tropical and subtropical fruits. Acai to citrus**. Woodhead Publishing, Cambridge, 2011, v.2, p.374-396.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, p.419-430, 1988.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA, F. J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. 1. ed. Iowa: Iowa State University Press, 1981. 468 p.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, p.476-490, 1943.

LAGOS, T. C.; ALIRIO-VALLEJO, F.; CRIOLLO, H. Análisis de la aptitud combinatoria de algunas características del fruto de *Physalis peruviana* L. **Agronomía Colombiana**, v.25, p.36-46, 2007.

LANGFELDER, P.; HORVATH, S. WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis. **BMC Bioinformatics**, v.9, p.559, 2008.

LOMELÍ, A. P.; SANTIAGUILLO, H. J. F.; MONTALVO, H. D.; PÉREZ, G. M. Intervalos de cosecha en la variedad CHF1-Chapingo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**. v.3, p.31-38, 1997.

LOMELÍ, A. P.; MOLINA, G. J. D.; CERVANTES, S. T.; MÁRQUEZ, S. F.; SAHAGÚN C. J.; ORTIZ, C. J. 1998. Heterosis intervarietal en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**, v.4, p.31-37, 1998.

LOMELÍ, A. P.; GALÁN, J. D. M.; SÁNCHEZ, F. M.; CASTELLANOS, J. S.; CERECERES, J. O.; SANTANA, T. C. Respuestas estimadas y observadas de tres métodos de selección en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Fitotecnia Mexicana**, México, v. 25, n. 2, p. 171-178, 2002.

LOMELÍ, A. P.; CONTRERAS, A. M.; PÉREZ, M. E. R.; CARBALLO, A. C.; PÉREZ, J. E. R.; MALDONADO, M. M. Parámetros genéticos de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) Variedad Verde Puebla. **Revista Fitotecnia Mexicana**, México, v. 27, n. 1, p. 1-7, 2004.

LOMELÍ, A. P.; GALÁN, J. D. M.; CASTELLANOS, J. S.; CERECERES, J.O.; SÁNCHEZ, F. M.; SANTANA, T. C.; HERNÁNDEZ, J. F. S. Parámetros genéticos en la variedad CHF1 Chapingo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**, v. 14, p. 5-11, 2008.

LOMELÍ, A.P.; RAMOS, H. G.; PÉREZ, J. E. R.; CASTELLANOS, J. S.; LIRA, N. M. Selección temprana en familias de medios hermanos maternos de tomate de cáscara de la raza puebla. **Revista Chapingo Serie Horticultura**, 19: 5-13, 2013.

LOMELÍ, A. P. et al. Desempeño agronómico de variedades de tomate de cáscara en invernadero y campo abierto. **Revista Fitotecnia Mexicana**, México, v. 37, n. 4, p. 381-391, 2014.

LOMELÍ, A. P.; MÁRQUEZ S. F. Mejoramiento genético de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**, p. 85-88, 1990.

LOMELÍ A. P.; LIRA, N. M.; TORRES, A. G.; CELINO, F. A. M.; GRAJALES, M. P. Polinización manual en dos variedades de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.) en invernadero. **Revista Chapingo Serie Horticultura**, v.24, p.41-52, 2018. <https://doi.org/10.5154/r.rchsh.2017.02.011>

Montgomery, D.C., Peck, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: J. Wiley, 1981. 504 p.

MORENO, M. M.; PEÑA, L. A.; SAHAGÚN, C. J.; RODRÍGUEZ P. J. E.; MORA, A. R.

Varianza aditiva, heredabilidad y correlaciones en la variedad M1- Fitotecnia de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) **Revista Fitotecnia Mexicana**. v.25, p.231-237, 2002.

MULAMBA, N. N; MOCK, J. J. Melhoria do potencial produtivo da população de milho Eto Blanco (*Zea mays* L.) através do melhoramento genético de caracteres vegetais. **Jornal Egípcio de Genética e Citologia**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

PANDEY, K. K. Genetics of Self-Incompatibility in *Physalis ixocarpa* Brot. A New System. **American Journal of Botany**, v. 44, n. 10, p. 879-887, 1957.

PÉREZ, C. D. M.; LIRA, N. M.; LOMELÍ, A. P.; MIR, S. G. L.; CASTELLANOS, J. S.; GRAJALES, M. P. White smut (*Entyloma australe* Speg.) resistance in tomatillo (*Physalis* spp.) germplasm. **Revista Chapingo Serie Horticultura**, v. 21, p. 65-77, 2020. <https://doi.org/10.5154/r.rchsh.2019.09.016>

R CORE TEAM (2019). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

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

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

RESENDE, M. D. V. **O Software Selegen-Reml/Blup**. Campo Grande: Embrapa, 2006. 305 p.

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

RODRIGUES, G. B.; MARIM, B. G.; DA SILVA, D. J. H.; MATTEDI, A. P.; ALMEIDA, V. S. Path analysis of primary and secondary yield components in tomato plants of the Salad group. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.2, p.155-162, 2010.

SAHAGÚN-CASTELLANOS. J.; GÓMEZ, R. F.; PEÑA, L. A. Efectos de aptitud combinatoria en poblaciones de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). **Revista Chapingo Serie Horticultura**. v.5, p.23-27, 1999. <http://dx.doi.org/10.5154/r.rchsh.1998.07.050>

SÁNCHEZ, H. C.; VILLANUEVA, V. C.; SAHAGÚN, C. J.; MARTÍNEZ, S. J.; LEGARIA, S. J. P.; SÁNCHEZ, M. A. Efectos de aptitud combinatoria en híbridos de calabacita tipo grey zucchini. **Revista Chapingo Serie Horticultura**. v.17 p.89-103, 2011.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs specific combining ability in single crosses of corn. **American Society of Agronomy**. v.34, p.923-932, 1942.

SIAP. **Atlas agroalimentario**. Disponível em: <http://online.pubhtml5.com/clsi/ibhs/>. Acesso em: 21 de maio, 2020.

SMITH, H. F. A. Discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.

SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Revista Crop Science**, v.13, p. 184-186, 1973.

TREVISANI, N.; DE MELO, R. C.; COLLI, M. P.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Associations between traits in *Physalis*: a tool for indirect selection of superior plants. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 39, n.4, p.106, 2017. <https://doi.org/10.1590/0100-29452017106>

VALERIO, J. J. P.; PEÑA-LOMELÍ, A.; RODRÍGUEZ- PÉREZ, J. E.; MORA-AGUILAR, R.; CASTRO-BRINDIS, R.; LIRA, N. M. Densidad y poda en tres variedades de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot. Ex horm.) cultivado en invernadero. **Revista Chapingo Serie Horticultura**, v.18, p. 325-332, 2012.

Vencovsky, R.; BARRIGA, Patrício. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. 1992.

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of agricultural research**, v. 20, n. 7, p. 557-585, 1921.

CONCLUSÃO GERAL

Diante da importância de *P. ixocarpa*, torna-se imprescindível a busca de mais estratégias que permitam aproveitar o potencial da espécie.

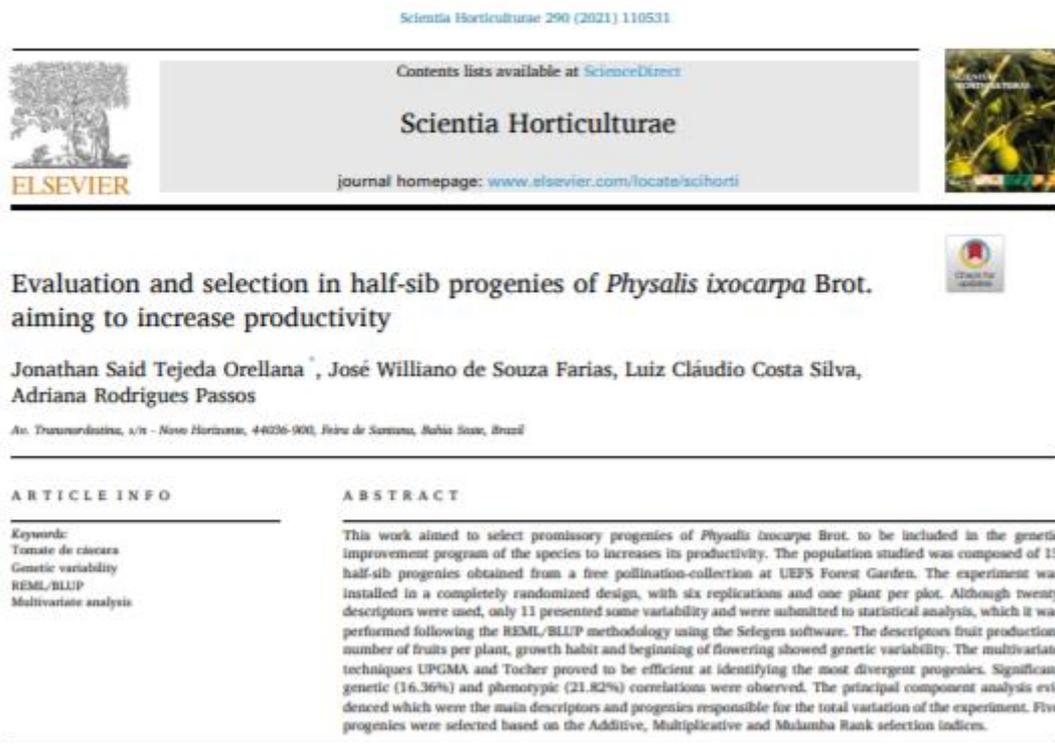
Nas duas etapas do estudo, foi demonstrada a variabilidade de origem genética para diferentes descritores, conseqüentemente coeficientes de herdabilidade de moderada a alta magnitude, o que indica altas possibilidades de sucesso no melhoramento da população sob estudo; para o incremento da produção de frutos. As técnicas multivariadas UPGMA e Tocher permitiram identificar as progênies com maior divergência, enquanto com o uso dos componentes principais foi possível verificar quais descritores foram responsáveis pela maior variação do experimento.

O efeito da capacidade geral de combinação foi predominante sobre capacidade específica de combinação nos descritores que determinam a produção de frutos, pelo que baseando-se na CGC, os genitores 173V e 128R foram ressaltados como materiais superiores para obter incrementos na produção de frutos. Apesar de não ter tido significância para a CEC, foi encontrada significância para heterose nos descritores que determinam a produção de frutos, para os híbridos PI02 e PI05; pelo que se poderia afirmar que os genitores que deram origem a esses híbridos foram complementares.

Estudos de correlação a análise de trilha, auxiliaram as estratégias para direcionar a seleção entre os descritores que apresentaram variabilidade genética. Portanto, nas duas fases do experimento, os índices de seleção possibilitaram a seleção das progênies com superioridade agrônômica, permitindo um enorme ganho por seleção principalmente na produção de frutos da população; valores comparados com materiais genéticos melhorados mexicanos.

ANEXOS

Anexo A: imagem sobre o capítulo um publicado pela Revista Scientia Horticulturae, na data 31 de agosto de 2021. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2021.110531>.



1. Introduction

The "Tomate de Cáscara" or "Tomatillo" (*Physalis ixocarpa* Brot.), is a botanical species native to Mexico, belonging to the Solanaceae family, which it ranks fifth among the most produced vegetables in the country (Chavira et al., 2019). *Physalis ixocarpa* is a diploid species ($2n = 24$), which despite having hermaphroditic flowers, is an obligatory allogamy because it presents gametophytic self-incompatibility produced by two allele series, resulting in sterility when one or more alleles are in homozygous state (Pandey, 1957). Despite the widespread exploitation of the species in countries like Mexico, there is a need for further studies to explore its potential and improvement of its attributes (Lomeli et al., 2018). In view of this, it is necessary to carry out breeding studies for the species, mainly to attend Brazilian regional conditions.

The determination of variability, inheritance of productivity, and descriptors that give the breeder of the probability of choosing the most appropriate methods in the selection of plants are of great importance at population level (Costa et al., 2000). Therefore, greater genetic variability allows greater benefits by selection in the descriptors to be improved (Aranés et al., 2010).

Progeny testing has been a very important technique for breeders

which employ the estimation of genetic parameters and selection of individuals between and within the progenies. Furthermore, the evaluation of genetic variance is made base on the selection benefits to determine individuals that show agronomic superiority to constitute a new breeding cycle (Costa et al., 2000; Cruz and Regazzi 2004). In plant genetic improvement programs, the study of genetic diversity is essential to find genetic progress for specific traits in population (Cruz et al., 2012). For that reason, multivariate techniques are used to determine the genetic diversity between genotypes, to know the most discriminating descriptors (Amaral et al., 1996; Cruz et al., 2012).

The correlation coefficient (r) estimates the degree and nature of associations between descriptors, which can be positive or negative, and are evaluated using phenotypic, genotypic, and environmental correlations (Camacho et al., 2005). Selection based on one or some descriptors may cause unfavorable changes in others due to the existence of negative correlations between them. To alleviate this problem, a strategy followed by breeders is the use of selection indices, which allow adding multiple information contained in the experimental unit to make the selection based on a set of variables that attend several attributes of economic interest (Cruz and Regazzi 2004; Cruz et al., 2012). The objective of this work was to select promissory progenies of *P. ixocarpa*

* Corresponding author.

E-mail address: jonathanj7@yaboo.com (J.S.T. Orellana).

<https://doi.org/10.1016/j.scienta.2021.110531>

Received 12 November 2020; Received in revised form 22 July 2021; Accepted 16 August 2021
0304-4238/© 2021 Elsevier B.V. All rights reserved.

to be included in the genetic improvement program of the species to increase its productivity.

2. Material and methods

The research was carried out at Horto Florestal Experimental Unit, belonging to the State University of Feira de Santana (UEFS), located in the municipality of Feira de Santana in the State of Bahia (12° 16' 00" S, 38° 58' 00" W, 234 m asl, and Aw climate according to the Köppen classification). The studied population consisted of 15 half-sib progenies, seven of which had purple fruit (98R, 188R, 189R, 128R, 11R, 123R, 97R) and eight had green fruit (173V, 92V, 185V, 93V, 182V, 91V, 214V, 19V), obtained under free pollination and composing a collection belonging to the UEFS-Horto Florestal, and originated from seeds purchased from Johnny's Seeds (Winslow, ME, USA) in 2012. Progenies were established between April and July of 2019. A completely randomized design, with 15 treatments and six repetitions, was used. The experimental unit constituted one plant per plot, 1.0 m and 0.50 m between rows and plants, respectively.

Twelve quantitative descriptors were evaluated: plant height (cm); stem diameter (mm); fruit production (g); number of fruits per plant; leaf blade length (cm); leaf blade width (cm); internode length (cm); longitudinal axis of the fruit (mm); transversal axis of the fruit (mm); total soluble solids (°Brix); flowering beginning: from sowing to the emission of the first flower; and number of secondary branches. Eight qualitative descriptors between binomials and multi-categories were also evaluated: growth habit, stem color, leaf margin shape, leaf apex shape, corolla spot color, immature chalice color, fruit shape, and chalice shape.

Statistical analyzes were performed using the Selegen-REML/BLUP software (Resende, 2016), where the components of variance were determined using REML. The inference about the significance of the genotypic effects was carried out by estimating the heritability interval, and consequently, estimating the presence of significant genotypic variability (Resende, 2016). For progenies evaluation, the statistical model 82 was used: "Entirely at random, half-brother progenies, one plant per plot".

Mixed linear model (univariate additive model)

$$y = Xu + Zu + e$$

where y is the data vector, u is the scalar referring to the general mean (fixed effect), a is the vector of the individual additive genetic effects (assumed to be random), and e is the vector of errors or residues (random). X and Z represent the incidence matrices for u and a , respectively.

In the study of genetic divergence, after obtaining the average euclidean distance matrix at the genotypic level using the Selegen software (Resende, 2016), the UPGMA method by Sokal and Michener (1958) was used in the construction of the dendrogram and the coefficient of cophenetic correlation (r) by the Mantel test (1967) using the Genes software (Cruz, 2016). Tocher's optimization method was also used according to Rao (1952), and through the Selegen software (Resende, 2016).

To identify those descriptors that contributed most to the total variation of the experiment, a principal component analysis was carried out using the software R, version 1.2.1335 (R core Team 2019). Estimation of the genetic and phenotypic correlation coefficients were performed using Spearman's simple correlation model, through the Genes software (Cruz, 2016). For the genetic correlations, the genetic values obtained in the Selegen software were used.

Using the FP, NFP, GH, and BF descriptors, the Selegen software, and the classic (Smith, 1936; Hazel, 1943), multiplicative (Subandi et al., 1973), and medium rank index adapted from Mulamba and Mock (Mulamba and Mock, 1978) different selection indices were built. To compare the performance of the selected genotypes through the

different selection indices, a coincidence index was used. The multiplicative method (Subandi et al., 1973) was used to whisper which were the best individuals within each progeny.

3. Results

3.1. Genetic parameters

Of the 20 descriptors used, 11 (55%) showed variation between the progenies, where fruit production (FP), number of fruits per plant (NFP), growth habit (GH), and beginning of flowering (BF) are pointed out. Values of the coefficients of genetic variation between progenies (CVgp %) were obtained for the descriptors FP and NFP, of 31.51 and 50.79%, respectively (Table 1). The coefficients of individual additive genetic variation (CVgi%) for FP and NFP were 63.02 and 101.57%, respectively (Table 1), which implies greater potential for the exploration of descriptors in the next program selections of genetic improvement of the culture, in view of the significant presence of variability of genetic origin. The CVgp and CVgi values for GH were 19.15% and 38.31%, respectively, which means that there is potential for selection in the studied population.

Favorable values were obtained for additive heritability (h^2a), within the progeny, of 0.49 and 0.62 for FP and NFP, respectively. These results indicate that these descriptors are more likely to contribute to the selection in order to increase the productivity of the base population. When estimating heritability in the strict sense (h^2ad), values of 0.56 ± 0.54 and 0.68 ± 0.59 were found for FP and NFP, respectively. It can be assumed that there is a potential for population improvement by expressing higher values of the additive genetic variation (Table 1); data can be found as supplementary material (DOI: <https://doi.org/10.17632/jgm77589.1>). Therefore, for descriptors with the potential to be improved, it is interesting to note that progenies such as 98R, 173V, 92V, 189R, and 128R showed agronomic superiority (Table 2).

3.2. Genetic divergence

Through Tocher's method, five groups of progenies were formed (Table 3). Group I: 185V, 92V, 182V, 93V, 19V, 189R, 97R, 123R, 11R, and 91V; group II: 214V and 188R; group III: 173V; group IV: 128R and group V: 98R. Group I clustered most of the progenies (66.7%), indicating a greater similarity within the group, which implies that their possible crossing reduces the possibility of obtaining superior genotypes and, therefore, crosses between progenies of different groups favor the selection.

Fig. 1.

The 15 half-sib progenies were also grouped using the UPGMA hierarchical method (Figure 2). The formation of three groups was observed, Group I: 93V, 19V, 123R, and 128R; group II: 97R, 11R, 188R, 214V, 182V, 91V, 185V, 92V, 189R, and 173V; and group III: 98R. The cophenetic correlation (0.79) showed the consistency of the cluster analysis in relation to the dissimilarity matrix, as well as the distortion value (2.45).

3.3. Principal components

The graphical representation via biplot of the descriptors used in relation to the first three main components (PC1, PC2, and PC3) explain 70% of the total variation in the 15 half-sib progenies. The descriptors LBW, IL, and BF made a strong contribution to explain PC1 (Figure 3a, c), with 19V, 93V, and 123R being the striking progenies (Figure 3b, d). For PC2, the descriptors SD, FP, NFP, and LBL evidenced the greatest contribution (Figure 3a, e), with progenies 92V, 189R, 128R, 98R, and 173V as those which stood out (Figure 3b, f). The GH descriptor contributed most to explain PC3 (Figure 3c, e), with progenies 214V, 185V, and 182V being accentuated (Figure 3d, f). The descriptors that contributed the less to the total genetic divergence of the experiment,

Anexo B: Área experimental contendo genitores e F1's de *Physalis ixocarpa* localizada na unidade experimental Horto Florestal da UEFS, Feira de Santana, Bahia, Brasil, 2021.



Anexo C: Avaliação da produção de frutos (PF), em g, com auxílio de uma balança analítica, pesando a quantidade total de frutos sem cálice por planta.



Anexo D: Avaliação do comprimento da lâmina foliar (CLF), medido em cm, usando paquímetro digital, medindo o eixo longitudinal de cinco folhas ao acaso por planta.



Anexo E: Avaliação do diâmetro do caule (DC), medido em mm, usando paquímetro digital, 5 cm acima da superfície do solo.



Anexo F: Avaliação do número de frutos por planta (NFP), realizando a contagem da quantidade total de frutos por planta.



Anexo G: Avaliação da cor da nervura do cálice (CNC), associando as notas de 1 a 4, sendo: 1 = verde; 2 = roxo suave; 3 = roxo intermediário; 4 = roxo forte.



Anexo H: Avaliação do início da floração (IF), medido em quantidade de dias da sementeira à emissão da primeira flor.



Anexo I: Avaliação da altura total da planta (ATP), medido em cm, utilizando fita métrica, desde a superfície do solo até o topo da planta.



Anexo J: Inseto benéfico em planta de *Physalis ixocarpa* Brot.



Anexo K: Toma de dados durante as avaliações dos diferentes descritores morfoagronômicos.

