



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**RESISTÊNCIA A DOENÇAS, PRODUTIVIDADE E CARACTERÍSTICAS
DE FRUTOS DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJÁ
AZEDO**

MARA CECÍLIA DE MATTOS GRISI

TESE DE DOUTORADO EM AGRONOMIA

BRASILIA / DF
DEZEMBRO / 2020



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**RESISTÊNCIA A DOENÇAS, PRODUTIVIDADE E
CARACTERÍSTICAS DE FRUTOS DE HÍBRIDOS
MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJÁ AZEDO**

MARA CECÍLIA DE MATTOS GRISI

ORIENTADOR: NILTON TADEU VILELA JUNQUEIRA
CO-ORIENTADOR: FÁBIO GELAPE FALEIRO

TESE DE DOUTORADO EM AGRONOMIA

PUBLICAÇÃO:

BRASÍLIA / DF
DEZEMBRO / 2020



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**RESISTÊNCIA A DOENÇAS, PRODUTIVIDADE E
CARACTERÍSTICAS DE FRUTOS DE HÍBRIDOS
MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJÁ AZEDO**

MARA CECÍLIA DE MATTOS GRISI

**TESE DE DOUTORADO SUBMETIDA AO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO
EM AGRONOMIA, COMO PARTE DOS REQUISITOS NECESSÁRIOS À OBTENÇÃO DO
GRAU DE DOUTOR EM AGRONOMIA.**

APROVADA POR:

**NILTON TADEU VILELA JUNQUEIRA (Orientador), Doutor, Embrapa Cerrados, CPF
309.620.646-53, e-mail: nilton.junqueira@embrapa.br**

**MICHELLE SOUSA VILELA (Examinador interno), Doutora, Universidade de Brasília,
CPF 919.623.401-63, e-mail: michellevilelaunb@gmail.com**

**LEO DUC HAA CARSON SCHWARTZHAUPT DA CONCEIÇÃO (Examinador externo),
Doutor, Embrapa Uva e Vinho, CPF 737.004.440-87, e-mail: leo.carson@embrapa.br**

**ANA MARIA COSTA (Examinador externo), Doutora, Embrapa Cerrados, CPF
308.371.701-68, e-mail: ana-maria.costa@embrapa.br**

BRASÍLIA/DF, 18 de dezembro de 2020.

FICHA CATALOGRÁFICA

Grisi, Mara Cecília de Mattos

Resistência a doenças, produtividade e características físicas de híbridos multiespecíficos de maracujá azedo. / Mara Cecília de Mattos Grisi; orientação de Nilton Tadeu Vilela Junqueira; co-orientação de Fábio Gelape Faleiro – Brasília, 2020.

166 p.: il.

Tese de Doutorado (D) – Universidade de Brasília / Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2018.

1. Passifloraceae; 2. Melhoramento Genético; 3. Recursos Genéticos; 4. Diversidade genética; 5. Fontes de resistência a doenças; 6. Parâmetros Genéticos; 7. Espécies silvestres.

CDD ou CDU

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

GRISI, M.C.M. **Resistência a doenças, produtividade e características físicas de híbridos multiespecíficos de maracujá- azedo.** Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2020, 166 p. Tese de Doutorado.

CESSÃO DE DIREITOS NOME DO AUTOR: MARA CECÍLIA DE MATTOS GRISI

TÍTULO DA TESE Resistência a doenças, produtividade e características físicas de híbridos multiespecíficos de maracujá azedo.

GRAU: Doutor ANO: 2020.

É concedida à Universidade de Brasília de Brasília permissão para reproduzir cópias desta tese de doutorado para única e exclusivamente propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva para si os outros direitos autorais, de publicação. Nenhuma parte desta tese de doutorado pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor. Citações são estimuladas, desde que citada à fonte.

Nome: Mara Cecília de Mattos Grisi

CPF: 706.071.251-87

Endereço. SHIS QI 27, conjunto 06, casa 13, Lago Sul, CEP:71.675-060.

Dedico este trabalho a todas às pessoas que fizeram parte de sua realização, em especial aos meus pais, Léo Carlos de Hildebrand e Grisi e Maria Cecília de Mattos Grisi (*in memoriam*), minhas filhas, Marina Grisi Correia Lima e Júlia Grisi Correia Lima, meus irmãos, Rafael de Mattos Grisi e Léo Carlos de Mattos Grisi, por me motivarem no meu caminho profissional.

AGRADECIMENTOS

Agradeço aos meus pais, Léo Carlos e Maria Cecília (*in memoriam*), pelo incentivo e apoio em todos os momentos. Serão sempre exemplos de caráter e persistência em minha vida.

Ao meu orientador, Dr. Nilton Junqueira, por transmitir seu conhecimento com muita paciência e generosidade, pelas longas conversas e momentos de descontração. Uma honra tê-lo como meu orientador.

Ao meu coorientador, Dr. Fábio Faleiro, por estar sempre disponível em ajudar. Nunca esquecerei suas palavras de incentivo nos momentos mais difíceis.

Às minhas filhas, Marina e Júlia, por tornarem meus dias alegres, me fazerem sonhar e ser uma pessoa cada dia melhor.

À professora Michelle, pela amizade e ajuda em todos os momentos.

Ao professor José Ricardo pelo incentivo e apoio.

À pesquisadora Ana Maria Costa pelas palavras de incentivo, por sua sensibilidade e empatia.

Ao pesquisador Leo Huc pelo auxílio constante na aplicação da metodologia deste trabalho.

Aos meus irmãos Rafael e Léo, pela amizade e apoio incondicionais.

Às minhas amigas irmãs, Carla, Marina, Caísa, Cândida e Tatiana por estarem sempre presentes, nos momentos tristes e alegres.

À minha família, que apesar de distante, sempre se fez presente.

Aos meus tios Sandra e Celso, que abriram as portas de sua casa e de seu coração, me dando aconchego e coragem para seguir em frente.

Às minhas primas, Deborah e Cláudia, pela amizade e carinho.

A todos os colegas, em especial, aos estagiários da Embrapa Cerrados, Lucas, Thaís Lopes, Thaís Santana, Camila, Wallison, João, Mariana, D'Willian, Edir e tantos outros que neste período me ajudaram nos trabalhos de campo e laboratório com muita descontração e boa vontade.

Às amigas Claudia e Carla da Embrapa Cerrados, e Julcéia e Luciana dos tempos de graduação, pelas longas conversas em que compartilhamos nossas alegrias e aflições inerentes a esta jornada acadêmica.

À Ana Maria por ter me auxiliado na rotina doméstica com tanto carinho e dedicação às minhas filhas.

Ao Dr. Dario Grattapaglia por prover suporte material para realização do trabalho no laboratório de Genética Vegetal da Embrapa - Cenargen.

Aos colegas do laboratório de Genética Vegetal, Zilneide, Lorena, Wellington e Lucas pelo suporte técnico e assistência na realização do trabalho de genotipagem.

À Capes, FAPDF, CNPq e Embrapa e Universidade de Brasília pelo suporte técnico e/ou auxílio financeiro.

RESISTÊNCIA A DOENÇAS, PRODUTIVIDADE E CARACTERÍSTICAS DE FRUTOS DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJÁ

RESUMO GERAL

O cultivo do maracujazeiro é uma alternativa de geração de renda para grandes, médios, pequenos e microprodutores rurais. A alta incidência de doenças e de pragas é um dos fatores responsáveis pela baixa produtividade, redução de vida útil da cultura e qualidade inferior dos frutos. As cultivares utilizadas têm base genética estreita para resistência a doenças sendo importante a obtenção de novas cultivares com bases genéticas mais amplas. Um dos objetivos deste trabalho foi realizar a caracterização molecular de genótipos de maracujá, que incluem híbridos multiespecíficos e materiais silvestres potencialmente úteis como genitores no programas de melhoramento, através de marcadores microssatélites (SSR). A obtenção de informações sobre a diversidade desses genótipos visa contribuir para o trabalho dos melhoristas na seleção de genitores. Objetivou-se, também, determinar a produtividade em campo, graus de resistência e tolerância a antracnose, bacteriose e verrugose e características de frutos de híbridos multiespecíficos (irmãos completos) obtidos por meio de cruzamentos entre matrizes comerciais de *P. edulis* “amarelo” com acessos de espécie silvestres seguido de retrocruzamentos com genitores comerciais de *P. edulis* “amarelo”. Cultivares comerciais foram avaliadas como testemunhas. Os marcadores SSR demonstraram alta variabilidade genética entre os acessos e indicaram a eficiência da recuperação do genoma recorrente no programa de retrocruzamento, confirmando a hibridação e genealogia dos acessos avaliados. Para a avaliação da produtividade, características de qualidade de frutos e resistência a doenças dos híbridos multiespecíficos em condições de campo, utilizou-se delineamento em blocos casualizados. O método REML/BLUP foi utilizado na obtenção dos componentes de variância e estimativas de médias preditas e ganhos genéticos. Houve grande variabilidade dentro das progênies, com plantas de alto potencial de produtividade e resistência à antracnose, bacteriose e verrugose. Em relação à resistência à antracnose, observou-se maior estimativa de ganho para lesão no ramo, com plantas apresentando redução de até 29,2% na severidade avaliada. Na população, também selecionaram-se indivíduos que apresentaram ganhos expressivos para número de frutos (19,9%) e ganhos satisfatórios para produtividade,

redução no número de lesões no fruto e redução no índice de desfolhamento. Além disso, observou-se que progênies de híbridos tetraespecíficos PL3 x GA, PL5 x LD4 e PL2 x LD4 obtiveram melhores médias preditas para os caracteres avaliados, apresentando melhores resultados em relação aos híbridos biespecíficos e às cultivares comerciais. Indivíduos das progênies PL4 x GA, 325 x LD4 e PL5 x LD4 obtiveram melhores médias preditas para os caracteres relacionados à qualidade de fruto. Já na população avaliada para resistência a bacteriose, a seleção genotípica individual proporcionou altos ganhos na seleção de indivíduos para número de frutos e produtividade de 85,2% e 74,9%, respectivamente. Híbridos biespecíficos se destacaram com plantas apresentando melhores médias preditas para índice de desfolhamento causado por bacteriose (redução desejável), número de frutos e produtividade (híbrido 325 x VAO); e massa de fruto, massa de polpa sem sementes, e diâmetro transversal (híbrido 325 x LD4). Indivíduos da progênie PL3 x LD4 obtiveram melhores estimativas de rendimento de polpa e espessura de casca. Os resultados mostram que as médias dos híbridos para resistência à verrugose, produção de frutos por planta e produtividade foram superiores às das testemunhas. Na avaliação da verrugose, identificaram-se plantas dentro das progênies 325 x LD4 e 325 x VAO promissoras para o programa de melhoramento de maracujá visando a resistência a doença e produtividade, respectivamente. As espécies silvestres mostraram elevado potencial para o melhoramento genético do maracujazeiro. As plantas semelhantes ou superiores às cultivares comerciais em relação aos caracteres avaliados foram clonadas e retrocruzadas com as matrizes superiores de *P. edulis* comercial, para serem avaliadas em novos ciclos de seleção e recombinação.

Palavras-chave: *Passiflora* spp; fontes de resistência a doenças, melhoramento genético, espécies silvestres

RESISTANCE TO DISEASES, PRODUCTIVITY AND CHARACTERISTICS OF MULTIESPECIFIC HYBRIDS OF PASSION FRUIT

ABSTRACT

The passion fruit cultivation is an alternative for generating income for large, medium, small and micro rural producers. The high incidence of diseases and pests is one of

the factors responsible for low productivity, reduced crop life and inferior fruit quality. The cultivars used have a narrow genetic base for disease resistance and it is important to obtain new cultivars with broader genetic bases. One of the objectives of this work was to carry out the molecular characterization of passion fruit genotypes, which include multispecific hybrids and wild materials potentially useful as parents in breeding programs, using microsatellite markers (SSR). Obtaining information about the diversity of these genotypes aims to contribute to the work of breeders in the selection of parents. The objective was also to determine the productivity in the field, degrees of resistance and tolerance to anthracnose, bacteriosis and warts, and characteristics of fruits of multispecific hybrids (full siblings) obtained through crosses between commercial matrices of *P. edulis* "yellow" with accessions of wild species followed by backcrosses with commercial parents of *P. edulis* "yellow". Commercial cultivars were evaluated as controls. The SSR markers showed high genetic variability between accessions and indicated the efficiency of the recurrent genome recovery in the backcross program, confirming the hybridization and genealogy of the evaluated accessions. For the evaluation of productivity, fruit quality characteristics and disease resistance of multispecific hybrids in field conditions, a randomized block design was used. The REML/BLUP methodology was used to obtain the components of variance and estimates of predicted means and individual gains. There was great variability within the progenies, with plants with high productivity potential and resistance to anthracnose, bacteriosis and warts. Regarding resistance to anthracnose, there was a higher estimate of gain for injury in the branch, with plants showing a reduction of up to 29.20% in the evaluated severity. In the population, individuals were also selected that showed significant gains for number of fruits (19.9%) and satisfactory gains for productivity, reduction in the number of lesions in the fruit and reduction in the defoliation index. In addition, it was observed that progenies of tetra-specific hybrids PL3 x GA, PL5 x LD4 and PL2 x LD4 obtained better predicted means for the evaluated characters, presenting better results in relation to bispecific hybrids and commercial cultivars. Individuals from PL4 x GA, 325 x LD4 and PL5 x LD4 progenies obtained better predicted means for characters related to fruit quality. In the population evaluated for resistance to bacteriosis, individual genotypic selection provided high gains in the selection of individuals for number of fruits and productivity of 85.2% and 74.8%, respectively. Bispecific hybrids stood out with plants showing better predicted means for defoliation index caused by bacteriosis, number of fruits and productivity

(hybrid 325 x VAO); and fruit mass, pulp weight without seeds, and transversal diameter (hybrid 325 x LD4). Individuals from the PL3 x LD4 progeny obtained better estimates of pulp yield and shell thickness. The results show that the hybrids means for resistance to scab, fruit production per plant and productivity were higher than the controls. In the evaluation of scab, plants within the progenies 325 x LD4 and 325 x VAO were identified as promising for the passion fruit breeding program aiming at resistance and productivity, respectively. The wild species showed high potential for the genetic improvement of passion fruit. Similar or superior plants to commercial cultivars in relation to the evaluated characters were cloned and backcrossed with the superior matrices of commercial *P. edulis*, to be evaluated in new selection and recombination cycles.

Key-words: *Passiflora* spp, sources of disease resistance, genetic improvement, wild species.

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	ix
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO GERAL	16
2. REFERENCIAL TEÓRICO	17
2.1 Aspectos gerais sobre a cultura do maracujazeiro	17
2.2 Aspectos botânicos de <i>Passiflora edulis</i> Sims	20
2.3 Melhoramento genético do maracujazeiro	21
2.3.1 Variabilidade e Recursos Genéticos	21
2.3.2 Caracterização molecular	22
2.3.3 Métodos de melhoramento	25
2.3.4 Utilização de espécies silvestres	28
2.4 Parâmetros genéticos	29
2.5 Índices de seleção	31
2.6 Método de máxima verossimilhança restrita e predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não viciada	32
2.7 Doenças da cultura do maracujá	34
2.7.1 Antracnose	34
2.7.2 Virose	36
2.7.3 Verrugose (cladosporiose)	37
2.7.4 Bacteriose	39
2.8 Severidade e Incidência de doenças	40
2.9. Espécies silvestres de <i>Passiflora</i> como fonte de resistência a doenças e de outras características de interesse agrônomo	41
3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	46
CAPÍTULO 1 – VARIABILIDADE GENÉTICA DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS SEUS RESPECTIVOS GENITORES DETERMINADA POR MARCADORES MICROSSATÉLITES	62
RESUMO	62
ABSTRACT	62
1.1 INTRODUÇÃO	63
1.2 MATERIAL E MÉTODOS	66
1.2.1 Extração de DNA e genotipagem	66
1.2.2 Reação de PCR com marcadores microssatélites	68
1.3 Resultados e Discussão	70
1.4 Conclusão	75

1.5 Referências bibliográfias	76
CAPÍTULO 2 - RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E PRODUTIVIDADE INICIAL DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJAZEIRO.....	83
RESUMO	83
ABSTRACT	83
2.1 INTRODUÇÃO.....	84
2.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	86
2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	89
2.3.1 Estimativas de parâmetros genéticos pelo método de modelos mistos.....	89
2.3.2 Seleção genotípica individual e seleção de progênies via BLUP	92
2.4 CONCLUSÕES.....	100
2.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	100
CAPÍTULO 3 - CARACTERÍSTICAS DE FRUTOS DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJAZEIRO.....	105
RESUMO	105
ABSTRACT	105
3.1 INTRODUÇÃO.....	106
3.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	108
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	111
3.3.1 Estimativas de parâmetros genéticos pelo método de modelos mistos.....	111
3.3.2 Seleção genotípica individual via BLUP	112
3.4 CONCLUSÕES.....	116
3.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	116
CAPÍTULO 4 – SELEÇÃO GENOTÍPICA DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJÁ AZEDO PARA PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE FRUTO NA SEGUNDA ETAPA DE SELEÇÃO	121
RESUMO	121
ABSTRACT	121
4.1 INTRODUÇÃO.....	122
4.2 Materiais e métodos	125
4.3 Resultados e Discussão	128
4.3.1 Estimativas de parâmetros genéticos e correlações genotípicas pelo método de modelos mistos	128
4.3.2 Seleção genotípica individual e seleção de progênies via BLUP	132
4.3.3 Seleção simultânea e ganhos genéticos via índices de seleção	140
4.4 Conclusão	142
4.5 Referências	143

CAPÍTULO 5 – SELEÇÃO GENOTÍPICA DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJÁ AZEDO PARA RESISTÊNCIA A VERRUGOSE – TERCEIRA ETAPA.....	150
RESUMO	150
ABSTRACT	150
5.1 Introdução	151
5.2 Materiais e métodos	152
5.3 Resultados e Discussão	156
5.3.1 Estimativas de parâmetros genéticos pelo método de modelos mistos.....	156
5.3.2 Seleção genotípica individual e seleção de progênies via BLUP	158
5.4 Conclusão	163
5.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	163

1. INTRODUÇÃO GERAL

O maracujá pertence ao gênero *Passiflora* L., o principal da família *Passifloraceae*, composta por 36 gêneros e 534 espécies (THE PLANT LIST, 2013). No Brasil há quatro gêneros que totalizam 150 espécies, sendo 147 do gênero *Passiflora* L. (FLORA DO BRASIL, 2016). Estas espécies possuem grande importância nos programas de melhoramento genético do maracujazeiro no Brasil e no mundo (FALEIRO E JUNQUEIRA, 2009; FALEIRO et al., 2011; FALEIRO et al., 2015). Diferentes espécies do gênero *Passiflora* são utilizadas nos programas de melhoramento com o objetivo de alcançar maior produtividade, qualidade de fruto, resistência a doenças, ornamentação e diminuição dos custos de produção (ESASHIKA, 2018). O cultivo de maracujás no Brasil se restringe a poucas espécies, sendo o maracujá azedo (*Passiflora edulis* Sims) e o maracujá doce (*Passiflora alata* Curtis) os mais representativos.

O cultivo de maracujás em escala comercial no Brasil iniciou-se no começo da década de 1970, com o maracujá-azedo (OLIVEIRA et al., 1994; SOUZA; MELETTI, 1997). A utilização de cultivares mais produtivas e resistentes a doenças; a diminuição do espaçamento; a utilização de irrigação; o manejo da fertilidade do solo; e a polinização manual foram avanços conquistados no sistema de produção da cultura nos últimos anos (MELETTI, 2011). Com isto, o Brasil obteve aumento significativo na sua produtividade média de 4,2 t ha⁻¹ em 1985 para 14,27 t ha⁻¹ em 2019, com registro de produtividades acima de 50 t / ha a céu aberto e mais de 75 t / ha em estufa (CANÇADO JÚNIOR et al., 2000; IBGE, 2013; GONTIJO et al., 2016; FALEIRO et al., 2019; IBGE, 2020).

As doenças constituem-se nos principais fatores que ameaçam a expansão, a qualidade dos frutos e a produtividade dos cultivos de maracujá- azedo no Brasil, provocando prejuízos expressivos e preceituando os produtores a usarem defensivos agrícolas de forma indiscriminada. Doenças como a bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*), murcha de fusarium (*Fusarium oxysporum* f.sp. *passiflorae*), virose do endurecimento do fruto (*Passionfruit Woodiness Virus* - PWV e/ou *Cowpea aphid-born mosaicvirus* - CABMV), antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*), cladosporiose ou verrugose (*Cladosporium* spp.), septoriose (*Septoria passiflorae*) e podridão de raízes (*Fusarium solani*) têm sido limitantes em algumas regiões do país. Essas doenças, sob condições edafoclimáticas favoráveis, não podem ser controladas de forma eficaz pelos métodos tradicionais de manejo. A virose do endurecimento dos frutos, por exemplo, é uma doença que atualmente tem limitado e tornado inviáveis os cultivos de maracujazeiro no Estado de São Paulo, enquanto que a fusariose,

bacteriose e antracnose têm provocado prejuízos expressivos em plantios de maracujá regiões Nordeste, Norte, Centro-Oeste e Sudeste. As cultivares disponíveis no mercado, embora muito produtivas, são, em sua maioria, susceptíveis a tais doenças.

O uso da resistência genética integrada com outros métodos de manejo é o método mais eficaz, econômico e ecológico de controle de doenças. Dessa forma, aumentar a variabilidade genética para resistência em novas cultivares comerciais, manter a boa produtividade e qualidade dos frutos, bem como inserir novas espécies no mercado, são as principais metas dos projetos de melhoramento conduzidos pela Embrapa e parceiros. De acordo com Junqueira et al. (2005) a maioria das espécies com potencial para resistência a doenças cruza entre si e com a espécie comercial *P. edulis* por meio de cruzamentos artificiais, gerando híbridos férteis. No entanto, ainda há grande dificuldade para incorporar a resistência do tipo “horizontal” (RH) nas cultivares comerciais, uma vez que, sendo de caráter poligênico, o grau de resistência RH dilui com os retrocruzamentos. A Embrapa Cerrados e parceiros lançou a cultivar polihíbrida BRS Rubi do Cerrado que recebeu genes de *P. alata* silvestre e *P. edulis* Sims “Grupo Roxo” (forma típica silvestre), com um bom grau de resistência às principais doenças quando cultivada no Planalto Central, mas susceptível em outras regiões.

Diante do exposto, neste trabalho objetivou-se avaliar o desempenho agrônomo de progênies de irmãos completos de híbridos multiespecíficos de maracujá-azedo com bases genéticas mais amplas para resistência às principais doenças, produtividade e características de frutos. Como objetivos específicos pode-se citar: (1) avaliar a variabilidade genética de genitores e híbridos multiespecíficos por meio de marcadores microssatélites; (2) determinar a produtividade em campo, características de frutos, graus de resistência e tolerância à antracnose, bacteriose e verrugose de progênies de irmãos completos de híbridos multiespecíficos obtidos por meio de cruzamentos entre matrizes comerciais de *P. edulis* e matrizes multiespecíficas obtidas a partir cruzamentos envolvendo diferentes espécies (*P. quadrifaria*, *P. incarnata*, *P. caerulea* e *P. aff. amethystina*, *P. hatschbachii*, *P. tholozanii* e *P. alata*); (3) indicar matrizes superiores dentro de cada progênie. (4) estimar parâmetros genéticos e valores genotípicos pelo procedimento REML/BLUP em nível de planta dentro de progênies de irmãos completos de híbridos multiespecíficos para características agrônomicas.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 ASPECTOS GERAIS SOBRE A CULTURA DO MARACUJAZEIRO

Os maracujás pertencem à família *Passifloraceae*, formada por 36 gêneros e 534 espécies, das quais aproximadamente 150 ocorrem no Brasil, sendo 147 do gênero *Passiflora* L (THE PLANT LIST, 2013; FLORA DO BRASIL, 2016). O gênero *Passiflora* é o mais importante economicamente e o que apresenta maior número de espécies, cujo maior centro de distribuição geográfica localiza-se no Centro-Norte do Brasil (LOPES, 1991). Esse gênero é composto de 24 subgêneros e 465 espécies (VANDERPLANK, 1996). Segundo Cunha et al. (2002), cerca de 70 espécies produzem frutos comestíveis e segundo Vieira e Carneiro (2004), mais de 50 apresentam potencial comercial.

O maracujazeiro-azedo ou maracujazeiro-amarelo é o mais cultivado no Brasil e pertence a espécie *Passiflora edulis* Sims. Por ter frutos de casca amarela, recebe também a denominação de *Passiflora edulis* Sims forma “flavicarpa”. O cultivo de maracujá no Brasil, em escala comercial, teve início no começo da década de 1970, com a espécie *P. edulis* “flavicarpa”. Atualmente o Brasil destaca-se como maior produtor e consumidor mundial desta fruta, onde é preferencialmente utilizada para produção de suco em larga escala. A produção de maracujá no Brasil no ano de 2019 foi de 593.429 toneladas (redução de 15,64% em relação ao ano de 2016) e a área colhida de 41.584 hectares (redução de 16,64% em relação ao ano de 2016). A região nordeste é responsável pela maior produção de 382.739 toneladas (64,49% da produção nacional) e área colhida 28.629 (68,84% da área colhida no país), seguida das regiões Sudeste (89.769 toneladas) e Sul (67.290 toneladas) (IBGE, 2020).

Segundo Ferraz et al. (2002), na maioria dos casos, os fruticultores produzem predominantemente para o mercado in natura, onde, em geral, conseguem melhor preço e vendem os excedentes para a agroindústria. Por outro lado, a produção exclusiva ou predominante para a agroindústria exige parceria entre o produtor e a indústria, com o estabelecimento de fidelidade, qualidade, prazo de entrega, volume, variedade e preço da matéria-prima, firmados em contratos de garantia de compra e venda (PIMENTEL et al., 2009). No mercado interno, o maracujá é comercializado principalmente in natura, com extração doméstica da polpa e utilizado no preparo de refrescos, doces, sorvetes, dentre outros (PIMENTEL et al., 2009). No mercado externo, o maracujá é consumido exclusivamente na forma de suco industrializado. O produto é exportado principalmente como suco concentrado, ao qual se procede a diluição ou formulação como mistura com outros sucos nos países compradores. Os principais compradores do produto brasileiro são os países europeus (Portugal e Espanha), Austrália, Reino Unido e Uruguai (EMBRAPA, 2020).

Desta forma, os programas de melhoramento visam a obtenção de frutos com dupla

aptidão, focando no maior rendimento de polpa, porém preservando as qualidades exigidas pelo mercado in natura, de maior tamanho de fruto. A dificuldade no processo de seleção está no fato do caractere número de frutos por planta demonstrar estar associado negativamente com massa, comprimento e largura de frutos, e positivamente com espessura de casca (GONÇALVES et al., 2009), sendo este último (espessura de casca) correlacionado negativamente com rendimento de suco (GONÇALVES et al., 2009; NEGREIROS et al., 2007, SANTOS et al., 2009). Sendo assim, o aumento nas dimensões do fruto pode resultar em diminuição da produção em números de frutos. Estas correlações dificultam o trabalho de melhoramento, já que ganhos simultâneos em números de frutos e, massa, comprimento e largura de frutos são considerados de grande importância.

Em 2019, a produtividade média no Brasil foi de 14,27 t ha⁻¹, sendo que o Distrito Federal destacou-se com uma produtividade de 27,67 t ha⁻¹ (IBGE, 2020). Entretanto, o potencial da cultura pode ultrapassar a produtividade de 40 t ha⁻¹ ano⁻¹ em condições de campo, e de 75 t ha⁻¹ ano⁻¹, a em casa de vegetação no Distrito Federal (FALEIRO et al., 2019a). Além da baixa produtividade, a produção brasileira tem variado bastante nos últimos anos (FREITAS et al., 2016). A baixa produtividade se deve principalmente ao baixo uso de tecnologia, não utilização de cultivares geneticamente melhoradas e problemas de estresses bióticos e abióticos nos pomares.

O maracujazeiro é cultivado em pequenas propriedades, a maioria com pomares com menos de 5 hectares e, embora seja uma cultura de alto risco, devido à grande suscetibilidade a doenças e de ser necessário atender à exigência de qualidade dos mercados a que se destina, tem sido uma atividade bastante atrativa pelo alto valor agregado da produção (FONSECA, 2017). O nível de empregabilidade é elevado: cada hectare de maracujá gera 3 a 4 empregos diretos e ocupa 7 a 8 pessoas nos diversos elos da cadeia produtiva (MELETTI, 2011), o que confere à cultura uma grande importância social.

Doenças como bacteriose, murcha de fusarium, virose do endurecimento do fruto, antracnose, cladosporiose ou verrugose e podridão de raízes e pragas como broca-da-haste, mosca-do-botão floral e ácaros constituem-se nos principais fatores que ameaçam a produtividade dos cultivos de maracujá-azedo, provocando prejuízos expressivos. O desenvolvimento de cultivares resistentes a doenças é estratégico para todas as culturas agrícolas visando à redução de custos de produção, segurança de trabalhadores agrícolas e consumidores, qualidade mercadológica, preservação do ambiente e sustentabilidade do agronegócio (QUIRINO, 1998). Assim, o uso de cultivares resistentes associado a outras técnicas de manejo integrado é a medida mais eficaz, econômica e ecológica de controle de

doenças.

2.2 ASPECTOS BOTÂNICOS DE *PASSIFLORA EDULIS* SIMS

O maracujazeiro-azedo ou *Passiflora edulis* Sims é uma planta trepadeira sublenhosa que apresenta grande vigor vegetativo. Seu caule é cilíndrico ou subanguloso e estriado. Suas folhas são trilobadas, trinervadas com lóbulos oblongo-ovados ou ovados, ápice agudo e, às vezes um par de glândulas sésseis nos sinus dos lóbulos. A margem é serreada ou serreadoglandular. Possui gavinhas axilares, solitárias, bem desenvolvidas e robustas (CERVI, 1997).

As flores são hermafroditas, abrindo uma única vez, por volta das 12 horas e fechando à noite. O androceu é formado por cinco estames, anteras versáteis, lineares a oval-oblongas; ovário globoso, ovóide ou fusiforme, unilocular, 3-carpelar, muitos óvulos em placentação parietal; estiletos em número de três, distintos ou unidos na base, cilíndricos ou clavados; e estigmas capitados, orbiculares ou reniformes (NUNES e QUEIROZ, 2006). As flores são protegidas na base por brácteas foliares. A corona é a marca característica do gênero *Passiflora*. Sua origem vem sendo investigada durante muitos anos e acredita-se ser derivada de sépalas e pétalas, e não de estames (FONSECA, 2017). O androginóforo forma um longo tubo floral de órgãos sexuais femininos e masculinos, soldados e elevados.

Os frutos usualmente bagas são indeiscentes ou cápsulas deiscentes, globosos ou ovóides, raramente fusiforme, possuem coloração amarela existindo, entretanto, frutos de coloração vermelha e roxa (VANDERPLANK, 2000; ULMER e MACDOUGAL, 2004; NUNES e QUEIROZ, 2006). Sementes comprimidas, reticuladas, pontuadas ou transversalmente alveoladas, envolvidas por um arilo mucilaginoso. São do tipo ortodoxas ou ortodoxas intermediárias (NUNES e QUEIROZ, 2001).

Embora a flor de *P. edulis* seja hermafrodita, ela é incapaz de produzir zigotos após autopolinização, devido à autoincompatibilidade, isto é, o pólen produzido em determinada flor não pode fecundá-la e nem pode fecundar de forma eficaz as demais flores produzidas na mesma planta (JUNQUEIRA et al., 2001). Isto faz que o produtor precise ter um grande número de plantas geneticamente distintas em seu pomar. Bruckner et al. (1995) concluíram que a autoincompatibilidade em maracujá-amarelo é do tipo homomórfica esporofítica, de herança monofatorial, entretanto, estudos realizados por Suassuna et al. (2003), sugerem a existência de um gene de efeito gametofítico

associado ao sistema esporofítico. Por outro lado, na mesma espécie, mas em maracujá-roxo, tem sido observada a autocompatibilidade (CHANG, 1974, 1981; ISHIHATA, 1981; RÉGO, 1997).

A polinização natural do maracujazeiro-azedo depende de insetos polinizadores devido à morfologia floral e à presença de grãos de pólen pesados e pegajosos (FONSECA, 2017). As flores de *P. edulis* apresentam características adaptadas à polinização por abelhas de grande porte, conhecidas por mamangavas-de-toco. São abelhas do gênero *Xylocopa* que, devido ao seu grande porte, ao visitarem a flor do maracujazeiro, encostam seu dorso nos estames onde estão os grãos de pólen, fazendo sua retirada e levando-os para o estigma, efetuando dessa maneira a polinização (BENEVIDES et al., 2009).

2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DO MARACUJAZEIRO

2.3.1 Variabilidade e Recursos Genéticos

Passiflora edulis Sims é uma espécie diploide ($2n=18$) e seu genoma é de tamanho médio entre 3.096 e 3.126 Mpb (SOUZA et al., 2004). O gênero *Passiflora* possui ampla variabilidade genética (FERREIRA e OLIVEIRA, 1991), porém, o conhecimento desta variabilidade, bem como a caracterização, conservação e utilização, seja para fins comerciais ou como fonte de genes de interesse nos programas de melhoramento, ainda é incipiente. Com a finalidade de evitar o risco de erosão genética e otimizar o uso das espécies de maracujá, a Embrapa implantou o principal Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de maracujá do país, tendo como atividades principais a conservação da variabilidade genética de *Passiflora*, caracterização, avaliação, intercâmbio e documentação deste germoplasma nas regiões do Cerrado (Planaltina, DF), semiárido (Petrolina, CE) e Recôncavo da Bahia (Cruz das Almas). Para atingir os objetivos, a Embrapa conta com uma rede de instituições, além da iniciativa privada, cooperativas e produtores.

A caracterização do germoplasma é de fundamental para estimar a qualidade das coleções, avaliar a representação da diversidade genética e conseqüentemente aumentar o uso de acessos pelos programas de melhoramento (FERREIRA, 2008). A caracterização de germoplasma baseada em métodos moleculares que revelam polimorfismo de sequência no genoma, conhecidos como marcadores moleculares (FERREIRA, GRATTAPAGLIA, 1996),

fomentam uma revolução na velocidade e na qualidade de caracterização em larga escala de germoplasma vegetal (FERREIRA, 2008). Entre as diferentes classes de marcadores, pelo menos duas se destacam, no momento, pela possibilidade de oferecer, rapidamente e a um custo moderado, soluções para genotipagem em escala de grandes coleções de germoplasma: microssatélites e SNPs (FERREIRA, 2008).

2.3.2 Caracterização molecular

Marcadores moleculares podem ser definidos como marcadores genéticos baseados na detecção de isoenzimas ou sequências de DNA. Marcadores moleculares do DNA e tecnologias da engenharia genética têm sido utilizados como ferramentas auxiliares nas diferentes etapas do melhoramento genético, desde a caracterização do germoplasma até as etapas finalísticas de desenvolvimento e seleção de plantas melhoradas (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 1998; VIEIRA et al., 2005; PEREIRA et al., 2005; FALEIRO, 2007; FERREIRA e FALEIRO, 2008; FALEIRO et al., 2011).

Entre as vantagens dos marcadores moleculares, estão a obtenção de um número praticamente ilimitado de polimorfismos genéticos; a identificação direta do genótipo sem influência do ambiente; a possibilidade de detecção de tais polimorfismos em qualquer estágio do desenvolvimento da planta ou a partir de cultura de células ou tecidos e a possibilidade de gerar maior quantidade de informação genética por loco no caso de marcadores codominantes (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 1997). Assim, os marcadores moleculares permitem gerar uma grande quantidade de informações sobre identidade genética, diversidade, frequência gênica, relacionamentos filogenéticos, mapeamento genético, seleção assistida, entre outras (FALEIRO et al., 2011). Essas informações são de grande utilidade para os programas de conservação, caracterização e uso de germoplasma e melhoramento genético.

Nas etapas de pré-melhoramento os marcadores moleculares são utilizados na caracterização e na avaliação de bancos de germoplasma, bem como no mapeamento e na análise de genes de interesse. No melhoramento propriamente dito, os marcadores são empregados tanto no melhoramento populacional quanto nos trabalhos de hibridação, auxiliando a maximização não só dos ganhos genéticos, mas também da heterose (FONSECA, 2017). No pós-melhoramento, podem ser utilizados para confirmar a paternidade de cultivares, seminais ou clonais, desenvolvidas, bem como para monitorar a pureza das sementes ou clones produzidos e repassados aos agricultores (PEREIRA et al., 2005).

Marcadores moleculares podem ser separados em dois grupos principais: a)

marcadores moleculares loco-específicos codominantes, como RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*, GRODZICKER et al., 1974), SSR ou microssatélites (*Simple Sequence Repeats*, LITT; LUTY, 1989), e SNP (*Single Nucleotide Polimorphism*, BROOKES, 1999); e b) marcadores loco não-específicos dominantes, como o RAPD (*Random Amplified Polimorphic DNA*, WELSH; McCLELLAND, 1990) e o AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*, VOS et al., 1995), ambos baseados na PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Há outros marcadores que tem por base a PCR, porém um ou ambos os primers são assentados em sequencias alvo, como os RGA (*Resistance Gene Analogs*, LOPEZ et al., 2003; PFLIEGER et al., 2001; VALLAD et al., 2001; VAN DER LINDEN et al., 2004) e os TRAP (*Target Region Amplification Polymorphism*, HU; VICK, 2003).

Nos últimos anos, vem ocorrendo um aumento considerável na pesquisa dedicada à obtenção de estimativas de variabilidade genética, usando marcadores moleculares, seja na diversidade genética entre genótipos da espécie *P. edulis* Sims (PÁDUA et al., 2005; ORTIZ et al., 2012; COSTA et al., 2012; CERQUEIRA-SILVA et al., 2014b) ou em espécies silvestres de maracujazeiro (CERQUEIRA-SILVA et al., 2012; CERQUEIRA-SILVA et al., 2014b; CERQUEIRA-SILVA et al., 2014c; PAIVA et al., 2014). Os marcadores moleculares também estão sendo empregados para o monitoramento da variabilidade genética em populações segregantes sujeitas a ciclos de seleções (REIS et al., 2012; SILVA et al., 2016; VIANA et al., 2017; ARAYA et al., 2017) em população oriunda de retrocruzamento (FONSECA et al., 2009). Estes trabalhos referenciados evidenciam a importância do uso de marcadores moleculares, associado a programas de melhoramento.

Para estudos de diversidade genética no gênero *Passiflora* têm sido usados marcadores RAPD (CROCHEMORE et al., 2003; FAJARDO et al., 1998; VIANA et al., 2003), cpDNA (SÁNCHEZ et al., 1999), Isoenzimas (SEGURA et al., 2003), AFPL (SEGURA, et al., 2002), SSR (OLIVEIRA et al., 2005; PADUA et al., 2005; ARAYA, 2017) e ISSR (SANTOS et al., 2011).

Os microssatélites ou SSR (*Single Sequence Repeats*) são sequências de 1 a 6 nucleotídeos, chamados de motivos, repetidos em tandem (LITT; LUTY, 1989) e que se encontram presentes em regiões codificadoras e não codificadoras dos genomas eucarióticos e procarióticos (FIELD; WILLS, 1996). Inicialmente, microssatélites foram empregados em estudos genômicos de humanos (LITT; LUTY, 1989; WEISSENBAACH et al., 1992) e então, estudos realizados em plantas demonstraram que são amplamente distribuídos nos seus genomas (BRUNEL, 1994).

As vantagens do uso de microssatélites sobre outros marcadores moleculares nos

estudos genéticos são a reprodutibilidade, simplicidade e rapidez, pequena quantidade de DNA requerida, baixo custo de utilização, grande poder de resolução e altos níveis de polimorfismo (CHEN et al., 1997; LITT; LUTY, 1989). Além disso, os marcadores microssatélites podem ser usados para análises de transferibilidade, pedigrees, populações e frequentemente entre espécies geneticamente relacionadas do mesmo gênero (BRONDANI et al., 1998).

Sequências que flanqueiam os microssatélites são bastante conservadas e são utilizadas para o desenho de primers e amplificação dos microssatélites. Diferença de tamanho entre os fragmentos amplificados permite detectar o polimorfismo. Essa diferença se deve ao número de repetições dentro dos microssatélites. Além disso, os microssatélites parecem ter uma distribuição frequente e aleatória, permitindo uma cobertura completa do genoma (RALLO et al., 2000). As principais desvantagens são o alto custo requerido no desenvolvimento de primers específicos, quando eles não estão disponíveis para a espécie a ser estudada (LITT; LUTY, 1989; MORGANTE; OLIVIERI, 1993; QUELLER et al., 1993).

De acordo com Ferreira (2008), a genotipagem de coleções de germoplasma com microssatélites demanda uma seleção adequada de marcadores para sua realização, devendo, em geral, incluir marcadores com um bom número de alelos, alto polimorfismo, validados em experimentos anteriores, alta qualidade de eletroferogramas e baixo nível de gagueira (*stuttering*). O autor ressalta que microssatélites de motivos repetitivos de tri e tetra-nucleotídeos, em geral, apresentam melhor qualidade e menor nível de gagueira (adição de nucleotídeos ao produto de PCR pela polimerase durante a extensão) do que microssatélites com motivos repetitivos de di-nucleotídeos. Ademais, nem sempre são muito polimórficos. Uma bateria ampla de marcadores microssatélites de repetições de tri e tetra-nucleotídeos pré-selecionados é, via de regra, mais adequada para análise de coleção de germoplasma do que uma bateria baseada apenas em marcadores di-nucleotídeos (FERREIRA, 2008).

Em Passifloras, vários trabalhos têm sido realizados para desenvolver microssatélites usando o método de bibliotecas enriquecidas (CAZÉ et al., 2012; CERQUEIRA-SILVA et al., 2014; OLIVEIRA et al., 2005; PADUA et al., 2005; PENHA et al., 2013), porém, na maioria das vezes, esses microssatélites são imperfeitos, o que afeta o nível de polimorfismo observado e, assim, são considerados insatisfatórios.

Em *P. edulis*, o primeiro conjunto de locos microssatélites isolados a partir de biblioteca genômica foi obtido por Oliveira et al. (2005a). Em *P. alata*, Padua et al. (2005) desenvolveram um conjunto de marcadores microssatélites para analisar a estrutura genética de uma população silvestre. Em *P. contracta*, Cazé et al. (2012) desenvolveram uma biblioteca de microssatélites para estudos da estrutura genética da espécie. Em *P. setacea*, Silva et al.

(2014) desenvolveram os primeiros microssatélites e também caracterizaram novos marcadores para *P. edulis* e *P. cincinnata*, apresentando 42 novos microssatélites polimórficos para as três espécies. Recentemente, Araya (2016) utilizou a tecnologia denominada NGS (*Next-Generation Sequencing*) para a obtenção de uma grande quantidade de sequências genômicas, as quais foram aplicadas no desenvolvimento de centenas de marcadores microssatélites para *P. edulis*. Os novos marcadores obtidos detectaram altos níveis de polimorfismo além de poderem ser utilizados para avaliar a diversidade genética em acessos de maracujazeiro-azedo e em espécies próximas. A porcentagem de transferibilidade destes marcadores microssatélites variou entre 33% e 89% para 78 espécies de *Passiflora* pertencentes a quatro subgêneros (*Passiflora*, *Distephana*, *Astrophea* e *Decaloba*). Dessa forma, vários marcadores microssatélites de *P. edulis* podem ser utilizados potencialmente em análises genéticas em outras espécies do gênero *Passiflora*.

Reis *et al.* estimaram a variabilidade genética em dois ciclos de seleção recorrente do maracujazeiro-amarelo (*P. edulis*) com o uso de marcadores microssatélites e avaliaram o impacto da seleção nas progênies selecionadas nas alterações nas frequências alélicas. Ortiz *et al.* (2012) avaliaram a variação intraespecífica do DNA de acessos de *P. edulis* usando marcadores AFLPs e SSR. Castro (2012) realizou um trabalho usando marcadores microssatélites para monitorar possíveis perdas de alelos e variações da frequência no ciclo de regeneração do germoplasma em espécies de *Passiflora*.

A integração de mapas genético-moleculares utilizando marcadores microssatélites, M-AFLP e SNP em *P. alata* foi realizada por Pereira (2010). Mais tarde, Pereira *et al.* (2013) trabalharam para construir e integrar o mapa genético da espécie *P. alata* utilizando marcadores moleculares AFLP, microssatélites-AFLP, SSR, RGA e TRAP.

2.3.3 Métodos de melhoramento

De acordo com Pio Viana e Gonçalves (2005), o melhoramento do maracujazeiro visa atender às exigências do mercado no que diz respeito a qualidade do fruto, aumento na produtividade e resistência a doenças. As características do germoplasma determinam o potencial ao qual a população submetida ao melhoramento pode chegar, antevendo, assim, o sucesso com a seleção se a escolha do germoplasma for adequada. A seleção para cultura do maracujazeiro visa basicamente aumentar a produtividade, o número de frutos por planta, o comprimento, a largura e massa do fruto, diminuir o número de dias para o florescimento (precocidade) e aumentar a resistência a pragas e doenças. No caso de frutos destinados ao

processamento industrial de polpa ou suco, o foco também pode ser a maior resistência ao transporte, diminuição da espessura da casca e aumento da rendimento de polpa.

Por ser uma planta alógama, vários são os métodos de melhoramento que podem ser aplicados ao maracujazeiro. Dentre eles, Oliveira e Ferreira (1991) citam a introdução de plantas, a seleção massal, a hibridação e a seleção com teste de progênie.

A introdução de plantas visa o intercâmbio de germoplasma de maracujá de outros países ou regiões com o objetivo de avaliação para utilização ou para a incorporação de genes em programas de melhoramento (OLIVEIRA E FERREIRA, 1991).

A seleção massal e suas derivações são eficientes para a melhoria de caracteres controlados por poucos genes e de alta herdabilidade. As cultivares de maracujá azedo Maguary (mais cultivada em Minas Gerais), Sul-Brasil (cultivada em São Paulo), e Golden Star (disseminada principalmente no Rio de Janeiro e Espírito Santo) foram obtidas por meio de seleção massal (PIZA JÚNIOR, 1998). O sucesso na utilização destas populações advindas de seleção massal vem da ampla variabilidade genética existente e do cultivo comercial relativamente recente e, com isso, essas populações não foram submetidas a grandes pressões de seleção (SILVA, 2009). Cunha (1996) propôs que a seleção massal fosse feita na primeira colheita, com base no vigor vegetativo e na produção pendente (frutos ainda na planta). Assim, na segunda e terceira colheitas apenas sementes de plantas selecionadas são coletadas, visando otimizar o ganho genético por ciclo. Este tipo de seleção massal, denominada estratificada, pode ser facilmente aplicada, uma vez que o maracujazeiro proporciona diversas colheitas anuais (SILVA, 2009). Cunha (2000), em seu trabalho de seleção massal estratificada obteve plantas 13,5% mais vigorosas e com o dobro do número de frutos quando comparadas com as plantas não selecionadas. Viana et al. (2007) avaliaram a influência da planta doadora de pólen sobre características do maracujazeiro e alto efeito do genitor masculino nas características dos frutos, sugerindo a seleção simultânea de plantas doadoras e receptoras de pólen para maximizar os ganhos genéticos.

A hibridação em maracujazeiro é considerada simples uma vez que o florescimento do maracujazeiro é abundante em quase todos os meses do ano, e as flores, anteras e estigmas são grandes, sendo o pólen facilmente coletado. Além disso, o estigma encontra-se receptivo no mesmo dia em que o pólen encontra-se viável e, adicionalmente, não há necessidade de emasculação, pois a planta é auto-incompatível.

As hibridações interespecíficas têm o objetivo de transferir genes favoráveis de outras espécies para *P. edulis* (DANTAS et al., 2001). Contudo, os híbridos obtidos na sua maioria apresentam problemas de desenvolvimento, florescimento, viabilidade, etc (SILVA, 2009).

Meletti et al. (2005b) caracterizaram três seleções de maracujazeiro roxo provenientes de hibridações intra e interespecíficas seguidas de retrocruzamentos e testes de progênies. Da união destes três materiais, formou-se o “Composto IAC-27”.

O teste de progênie é a avaliação do genótipo dos progenitores com base no fenótipo de seus descendentes (ALLARD, 1999) e se dá em ensaios com repetições para identificação dos genitores superiores. Quando as progênies são avaliadas em mais de um local, pode-se estimar o efeito da interação genótipos por ambientes permitindo ao melhorista uma seleção mais confiável. No caso do maracujazeiro, a seleção pode ser realizada em dois tipos de progênies: meios-irmãos ou irmãos completos. As progênies de meios-irmãos são obtidas por polinização controlada ou não, coletando-se um fruto por planta selecionada, uma vez que este possui grande número de sementes. Já a obtenção de progênies de irmãos completos necessita de realização de polinização controlada entre os genótipos selecionados (BRUCKNER et al., 2002). Os compostos também podem ser considerados boas opções de melhoramento, pois a maior produtividade pode ser combinada com uma maior eficiência na polinização, diminuindo os efeitos da incompatibilidade, e as sementes ainda podem ser multiplicadas pelo produtor, sem perda significativa de características (SILVA, 2009).

A seleção recorrente é um método bastante eficaz para a cultura do maracujazeiro. Neste método busca-se a melhoria dos caracteres desejáveis de forma contínua e progressiva por meio do aumento das frequências dos alelos favoráveis dos caracteres sob seleção, mantendo a variabilidade genética em níveis adequados para permitir ganhos genéticos nos ciclos subsequentes (HULL, 1945; HALLAUER, 1985; SOUZA JÚNIOR, 2001). A seleção recorrente é um processo cíclico de melhoramento que, segundo Ramalho et al. (2001), inúmeras alternativas podem ser utilizadas na condução dessas etapas. Para minimização dos efeitos da deriva genética e, conseqüentemente, manutenção da variabilidade genética, normalmente são selecionados cerca de 30% das progênies avaliadas. Quando se deseja aumentar o ganho por ciclo, pode-se aplicar maior pressão de seleção, mediante a escolha de menor proporção de indivíduos ou progênies para formação da nova geração (SILVA, 2009). A intensidade de seleção adequada depende, portanto, do tamanho da população e dos objetivos do programa (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1988; PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1978). A seleção recorrente é classificada em duas categorias: seleção recorrente intrapopulacional e interpopulacional. Na seleção recorrente intrapopulacional o objetivo é melhorar as performances per se das populações, enquanto na interpopulacional o objetivo é o melhoramento do cruzamento de duas populações, ou seja, o híbrido interpopulacional (HALLAUER, 1985; SOUZA JÚNIOR, 1993). Borém (2001) ressalta que os métodos

intrapopulacionais, em geral, são mais comumente utilizados do que os interpopulacionais, pois são de mais fácil execução e aplicáveis à maioria das características agrônômicas.

A seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro foi realizada com êxito por Gonçalves (2005, 2007, 2008 e 2009). De acordo com Borém (2001) este método é uma das estratégias mais efetivas para a obtenção de genótipos superiores. Tal estratégia se torna ainda mais importante quando se considera o maracujazeiro azedo, onde, devido principalmente a suas características de biologia floral e ciclo relativamente curto, proporciona obtenção de populações melhoradas em curto espaço de tempo no que se refere às fruteiras de um modo geral (SILVA, 2009). Para Ramalho et al. (2001), as populações base devem ser obtidas a partir de genitores com o melhor desempenho em termos de média para os caracteres sob seleção e, devem apresentar a maior diversidade genética possível; condições indispensáveis para o sucesso da seleção (SILVA, 2009).

Os tipos de progênies usualmente utilizados no melhoramento do maracujazeiro são progênies de irmãos completos e meio-irmãos, já que progênies endogâmicas só podem ser obtidas em raras situações (SILVA, 2009). As progênies obtidas são avaliadas em experimentos com repetições, controle local e casualização. Apesar das recomendações acerca da utilização de um maior número de repetições e de locais, quando se trabalha com fruticultura, isso muitas vezes não é possível, pois estes fatores esbarram, principalmente, nos recursos financeiros e humanos para condução do programa de melhoramento (SILVA, 2009).

2.3.4 Utilização de espécies silvestres

Algumas espécies silvestres podem contribuir consideravelmente para o melhoramento genético por apresentarem resistência a doenças ou pragas, longevidade, maior adaptação a condições climáticas adversas, período de florescimento ampliado, e outras potencialidades, quase todas, ainda inexploradas. Entre essas, destacam-se *P. setacea*, *P. cincinnata*, *P. caerulea*, *P. incarnata*, *P. maliformis*, *P. foetida*, *P. nitida* e *P. quadrangulares* (MELETTI et al., 2005).

O programa de melhoramento de maracujazeiro conduzido pela Embrapa Cerrados e parceiros, no período de 2005 a 2008, apresentou resultados de estudos de compatibilidade genética, índices de cruzabilidade, período de antese, período de viabilidade de pólen e da receptividade do estigma que permitiu, por meio de cruzamentos artificiais, a obtenção de vários híbridos interespecíficos férteis e promissores para o programa de melhoramento genético (FALEIRO et al, 2008). Híbridos envolvendo duas ou mais espécies, denominados

híbridos multiespecíficos, também tem sido obtidos com o objetivo de piramidar diferentes genes de resistência a doenças. Marcadores moleculares foram utilizados para confirmar a obtenção desses híbridos (JUNQUEIRA et al., 2008).

Os híbridos interespecíficos resistentes obtidos neste programa apresentam algumas características agronômicas indesejáveis ao consumidor, havendo necessidade do genoma da espécie comercial (*P. edulis*) ser recuperado. Um método que pode ser utilizado para recuperação do genoma é o retrocruzamento. O método de retrocruzamento, originalmente desenvolvido para a transferência de um ou mais genes, apesar de ser um método conservador, pode originar uma população inicial com considerável distância genética (LORENCETTI et al., 2006), aumentando a chance de identificação de indivíduos superiores ao longo do processo. Para a característica cuja expressão é controlada por muitos genes, esse método também pode ser eficiente na transferência, sendo necessário aumentar o número efetivo da população (BORÉM et al., 2017).

2.4 PARÂMETROS GENÉTICOS

Uma etapa importante no melhoramento genético do maracujazeiro, principalmente nas fases iniciais, além da caracterização agronômica e molecular, é a obtenção das estimativas de parâmetros genéticos em populações segregantes, por orientarem na escolha de genitores e no planejamento dos cruzamentos (PREISIGKE, 2017). A utilização das estimativas dos parâmetros genéticos fornece informações para as ações dos programas de melhoramento genético, uma vez que estas estimativas promovem o conhecimento sobre a natureza da ação gênica envolvida na transmissão dos caracteres quantitativos (VIANA e RESENDE, 2014).

Dentre os parâmetros genéticos de maior importância, destacam-se as variâncias genéticas, as correlações e as herdabilidades (CRUZ E CARNEIRO, 2003). Estas estimativas são inerentes à população em estudo e as condições ambientais a que esta foi submetida. Desta forma, os resultados só se aplicam para a população avaliada. As estimativas das variâncias genéticas podem ser obtidas a partir da análise de variância dos dados, cujos quadrados médios são desdobrados em componentes de variância, com base em equações obtidas a partir da esperança matemática dos quadrados médios, realizadas conforme delineamentos genéticos (SILVA, 2009). Um delineamento genético é qualquer sistema de cruzamento planejado, estabelecido de

forma que se conheça a relação de parentesco entre indivíduos ou grupos de indivíduos, sendo exemplos os delineamentos I, II e III de Comstock e Robinson, os dialelos e os ensaios de famílias (CRUZ E CARNEIRO, 2003)

Quando as comparações realizadas com base em valores fenotípicos mensuráveis refletem as verdadeiras diferenças genéticas, o processo seletivo é mais eficaz (SILVA, 2009). A herdabilidade quantifica essas relações, e, portanto, é um parâmetro indispensável no processo de melhoramento genético de qualquer caráter (CRUZ E CARNEIRO, 2003). Além disso, a herdabilidade participa de várias fórmulas relacionadas com a predição de ganho dos métodos de melhoramento e também de inúmeras decisões práticas que os melhoristas adotam (RAMALHO et al., 1993).

Viana et al. (2004) estimaram parâmetros genéticos para oito características de plantas coletadas ao acaso de diferentes populações de maracujazeiro e observaram que para espessura de casca, número de frutos por planta, comprimento e massa de frutos as herdabilidades variaram de 67,35% a 92,10%, mostrando uma situação favorável ao melhoramento dessas características e indicando que métodos de melhoramento simples como a seleção massal podem ser aplicados nessa população. Maluf et al. (1989), visando estimar alguns parâmetros genéticos em clones de maracujazeiro verificaram alta estimativa de herdabilidade para a produção total e precoce e para massa de fruto, sendo moderadamente elevada para sólidos solúveis. Moraes et al. (2005) estimaram parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres relacionados à produção e à qualidade de frutos de maracujá azedo e encontraram altas estimativas dos coeficientes de herdabilidade, de 52,6 a 83,2%, sugerindo a possibilidade de seleção de genótipos superiores.

Outro parâmetro de grande importância nos trabalhos de melhoramento é a associação entre os caracteres estimados por meio do coeficiente de correlação. A correlação é importante porque quantifica o grau de associação genético e não-genético entre duas ou mais características (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1988). Cruz e Regazzi (2001) afirmam a importância das estimativas das correlações, principalmente se a seleção em um dos caracteres apresenta dificuldade, em razão da baixa herdabilidade e/ou porque este tenha problemas de medição e identificação. A correlação que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres, é a fenotípica, que tem causas genéticas e ambientais, porém somente a correlação genética envolve associações de natureza herdável e, por isso, é utilizada na orientação de programas de melhoramento (SILVA, 2009). A ocorrência de

correlação genética entre caracteres é devida à pleiotropia ou à ligação entre os genes responsáveis por estas características. A correlação advinda do efeito pleiotrópico dos genes é permanente e expressa a quantidade pela qual duas características são influenciadas pelos mesmos genes (FALCONER, 1981). A correlação devida à ligação gênica é transitória, e vai sendo dissipada à medida que ocorre a permuta entre os genes que estão ligados (RAMALHO et al., 1993). Viana et al. (2003) estudaram as correlações entre características de frutos de maracujazeiro azedo, avaliando caracteres relacionados à produção (número de frutos por planta, espessura da casca, massa de fruto, comprimento e largura de frutos) e relacionados à qualidade (brix, acidez e porcentagem de suco) em diferentes locais. Os autores observaram correlação genotípica positiva alta e significativa entre massa de fruto e largura de fruto. Os autores também verificaram correlação positiva entre massa e comprimento de fruto e negativa entre espessura de casca e comprimento de frutos, rendimento de suco e teores de graus brix. Gonçalves et al. (2008) estimaram os coeficientes de correlação fenotípica e genético-aditivas (fração herdável da correlação genética) de progênies de maracujazeiro azedo e verificaram que o número de frutos por planta está associado negativamente com massa, comprimento e largura de frutos, e positivamente com espessura de casca.

Outros trabalhos também têm dado atenção na estimação de parâmetros genéticos em características de *Passiflora* (NEGREIROS et al., 2007; ARAÚJO et al., 2007; JUNG et al., 2008; SILVA et al., 2009).

2.5 ÍNDICES DE SELEÇÃO

Para seleção simultânea é importante considerar as correlações genéticas entre os caracteres, uma vez que a seleção em um deles pode trazer alterações desejáveis ou indesejáveis em outros (SILVA, 2009). Os índices de seleção são utilizados neste caso pois fornecem um valor genotípico agregado em que são considerados todos os caracteres sob seleção. O uso dos índices de seleção, que constituem técnicas multivariadas de associação das informações relativas a vários caracteres de interesse auxilia na seleção simultânea e permite a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados. A análise é realizada por meio de combinações lineares dos dados fenotípicos dos diversos caracteres em estudo, cujos

coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e os valores genéticos verdadeiros dos candidatos à seleção (GARCIA e SOUZA JUNIOR, 1999; CRUZ et al., 2004). Diferentes índices representam diferentes alternativas de seleção nos programas de melhoramento e, conseqüentemente, de ganhos percentuais (SILVA, 2009).

Em 1936, Smith propôs o uso de índice de seleção nos programas de melhoramento de plantas como critério de seleção simultânea. Segundo o autor, o índice de seleção deve ser estabelecido considerando-se o valor econômico relativo a cada característica, as variâncias genótípicas e fenotípicas de cada característica e as covariâncias genótípicas e fenotípicas entre cada par de características. Devido às dificuldades de estabelecer pesos econômicos, Cruz (1990) propôs que estes poderiam ser estimados a partir de estatísticas dos próprios dados experimentais, como, por exemplo, o coeficiente de variação genético, por ser um caráter adimensional e diretamente proporcional à variância genética. Pesek e Baker (1969) sugeriram o uso de 'ganhos genéticos desejados' de características individuais num programa de seleção para substituir os pesos econômicos. Para se usar a modificação proposta, necessitam-se da média dos genótipos e das matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica (SILVA, 2009). Mulamba e Mock (1978) propuseram o índice com base na soma de postos (ranks), que consiste em classificar os genótipos em relação a cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento. As ordens de cada caráter são somadas resultando em no índice de seleção.

Gonçalves et al. (2007), com o objetivo de obter maiores ganhos genéticos preditos, analisaram alternativas de seleção em uma população de maracujá azedo, e obtiveram maiores ganhos preditos com os índices de Mulamba e Mock (1978) e Pesek e Baker (1969). Oliveira et al. (2008) avaliaram os ganhos genéticos preditos por meio de quatro índices de seleção, em seis caracteres relacionados ao fruto em progênies de meio-irmãos de maracujá azedo e observaram que, para população avaliada, o índice da distância genótipo-ideótipo com pesos econômicos maiores para massa e número de frutos por planta mostrou-se o mais promissor.

2.6 MÉTODO DE MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA RESTRITA E PREDIÇÃO DOS VALORES GENOTÍPICOS PELA MELHOR PREDIÇÃO LINEAR NÃO VICIADA

A metodologia de modelos mistos REML/BLUP vem sendo uma ótima alternativa para a estimação de parâmetros genéticos, por envolver a estimação dos componentes de variância pelo método de máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood* - REML) e a predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não viciada (*Best Linear Unbiased Prediction* - BLUP), resultando num processo de seleção mais acurado (RESENDE, 2002; ALVES e RESENDE, 2008). Os valores genéticos individuais preditos pelo BLUP têm sido empregados como uma forma de aumentar os ganhos de seleção. A predição do valor genético maximiza a possibilidade de selecionar os melhores indivíduos e, conseqüentemente, o ganho genético por ciclo de seleção (RESENDE, 2002; VIANA e RESENDE, 2014).

A aplicação de métodos mais sofisticados de estimação de componentes de variância e covariância no melhoramento só foi possível devido aos avanços tecnológicos na área de informática e criação de vários softwares. Dentre estes métodos, destacam-se o método da Máxima Verossimilhança (ML), derivado por Hartley e Rao (1967), citados por Thompson (1979), e o método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971) (FARIA, 2008).

O programa Selegen - REML/BLUP foi desenvolvido para atender à rotina dos programas de melhoramento genético vegetal, de modo a atender às categorias de plantas autógamas, alógamas, de sistema reprodutivo misto e de propagação vegetativa, além de levar em consideração vários delineamentos experimentais, vários delineamentos de cruzamento, interações genótipo x ambiente, experimentos repetidos em vários locais, medidas repetidas, progênieis pertencentes a várias populações dentre outros fatores (RESENDE, 2007).

O REML/BLUP é um procedimento da metodologia de modelos lineares misto, ainda pouco utilizado em espécies anuais (FREITAS et al., 2013). Entretanto, tem-se tornado um procedimento analítico padrão, recomendado para os estudos em genética quantitativa e também para a prática da seleção em plantas perenes (CARIAS et al., 2014), uma vez que tende a maximizar os ganhos genéticos obtidos, por se tratar de um procedimento estimativo, especialmente para os dados desbalanceados (NETO et al., 2012).

Os procedimentos ótimos de estimação e predição no melhoramento das espécies, principalmente, as perenes nas quais, na maioria das vezes, os dados são desbalanceados, podem ser resumidos em dois: a) análise de variância (ANOVA) e índices multifeitos para dados balanceados e; b) REML/BLUP para dados balanceados e desbalanceados (NETO e RESENDE, 2001).

No caso de dados balanceados, os resultados obtidos pela ANOVA e por REML/BLUP são idênticos e, em caso de pequeno desbalanceamento, os resultados de ambos os procedimentos são similares (FREITAS, 2014). Entretanto, quando ocorre um grande desbalanceamento na obtenção dos dados, os resultados estimados pelo procedimento REML/BLUP são superiores aos obtidos pela ANOVA. (FREITAS, 2014). Desta forma, o procedimento REML/BLUP deve ser utilizado preferencialmente em casos em que os experimentos gerem dados desbalanceados (NETO e RESENDE 2001).

Em espécies perenes, que convivem comumente com situações de experimentos desbalanceados, os modelos mistos podem ser aplicados por não exigirem balanceamento, além de corrigirem os dados para efeitos ambientais e predizerem de maneira precisa e não viciada os valores genéticos, conduzindo à maximização do ganho genético com a seleção (RESENDE et al., 2001). Esse procedimento tem sido aplicado em diversas culturas, especialmente em culturas perenes e fruteiras como café (CARIAS et al., 2016), cana-de-açúcar (GONÇALVES et al., 2014), goiaba (GOMES et al., 2017), mamão (VIANA et al., 2014) e maracujá (SANTOS et al., 2015b; FREITAS et al., 2016).

2.7 Doenças da cultura do maracujá

2.7.1 Antracnose

Causada pelo fungo *Colletotrichum gloeosporioides*, a antracnose é considerada uma das doenças mais importantes no contexto da produção de maracujá no Brasil, sendo comumente encontrada em todas as regiões produtoras, principalmente naquelas que possuem estações quentes e chuvosas (FERREIRA, 2016). É uma doença de difícil controle, e pode se associar a outras doenças, tais como a mancha bacteriana, agravando ainda mais a situação dos pomares (FISCHER et al., 2005).

A antracnose ocorre, principalmente, em frutos desenvolvidos, reduzindo o período de conservação dos mesmos. A redução da qualidade ou quantidade dos produtos e o aumento dos custos de produção e de pós-colheita são os principais prejuízos associados ao gênero *Colletotrichum*, especialmente onde não houve detecção das infecções latentes durante o cultivo (SKIPP et al., 1995).

O fungo infecta tecidos novos e brotações, podendo permanecer em estado latente, sem mostrar sintomas até que as condições climáticas se tornem favoráveis e/ou a planta sofra

algum tipo de estresse, quer seja nutricional, hídrico ou por excesso de produção (FERREIRA, 2016). Plantios adultos, geralmente após o primeiro pico de safra, são os mais sensíveis aos danos causados por esta doença, que provoca secas de galhos e morte de plantas (JUNQUEIRA et al., 2005).

Temperaturas altas, próximas de 27°C, favorecem a produção dos conídios e a disseminação dos propágulos ocorre por respingos de água (FERREIRA, 2016). Assim, o *C. gloeosporioides* é favorecido por alta umidade, principalmente chuvas abundantes e ventos que tendem a transportar o fungo para outras plantas. Chuvas menos intensas favorecem o progresso da doença numa mesma planta já infectada (FERREIRA, 2016). A incidência da doença diminui em períodos de temperaturas mais baixas, sendo inexpressiva nos meses de inverno, mesmo que ocorram chuvas (RUGGIERO et al., 1996).

Sob condições ambientais favoráveis (temperatura e umidade elevadas) todos os órgãos aéreos da planta, como folhas, botões florais, gavinhas, ramos e frutos podem ser infectados, destacando-se o surgimento de várias lesões no limbo foliar, provocando coalescência e ocupando grandes áreas, causando grande queda de folhas (GOES, 1998). Manchas de 2 ou 3 mm com aspecto oleoso aparecem nas folhas, adquirindo, posteriormente, cor pardo-escura, formato irregular e diâmetro superior a 1 cm. Na parte central dessas manchas, os tecidos tornam-se acinzentados, podendo ocorrer fendilhamento (FERREIRA, 2016).

Nos ramos e gavinhas afetados são produzidas manchas pardo-escuras de 4 a 6 mm que, posteriormente, se transformam em cancrios, expondo os tecidos lesionados (FERREIRA, 2016). Dependendo da intensidade da doença e das lesões, pode ocorrer morte dos ponteiros e secamento parcial da planta (GOES, 1998).

Nos frutos os sintomas são caracterizados pela presença inicial de lesões marrons com halo esverdeado, às vezes na forma de pequenas pontuações verdes, e sob condições de armazenamento, as lesões adquirem coloração marrom, aumentam de tamanho, podendo atingir até 3 cm de diâmetro (FERREIRA, 2016). Com o tempo, as lesões tomam toda a superfície do fruto.

O controle da antracnose no maracujazeiro deve ser encarado de maneira preventiva. A realização de podas de limpeza, remoção de restos culturais como folhas e frutos, uso de mudas saudáveis, produzidas em locais onde não ocorra a doença, e manejo da irrigação e adubação equilibrada são medidas que devem ser adotadas. Na fase pós-colheita, o manuseio adequado dos frutos evita os ferimentos, o que reduz os danos causados pela doença (VIANA E COSTA, 2004; JUNQUEIRA et al., 2003; FISCHER et al., 2005).

Ainda que não haja registro de cultivares de maracujá com algum tipo de resistência à antracnose, estudos realizados no Distrito Federal mostraram certo grau de resistência da cultivar Roxo-australiano à antracnose na fase de pós-colheita, quando comparada com as cultivares Maguari, Marília e Vermelho (JUNQUEIRA et al., 2003).

O controle químico pode ser feito com a aplicação de produtos à base de oxicloreto de cobre, mancozeb e chlorotalonil (FERREIRA, 2016).

2.7.2 Virose

Um total de nove vírus já foram relatados infectando maracujazeiro em condições naturais. Destes, cinco estão presentes no Brasil: o vírus do endurecimento dos frutos (*Passionfruit woodiness virus* – PWV e *Cowpea aphid-borne mosaic virus*, CABMV), o vírus do mosaico do pepino (*Cucumber mosaic virus* – CMV), o vírus do mosaico amarelo do maracujazeiro (*Passionfruit yellow mosaic virus* – PFYMV) o vírus do mosaico do maracujá roxo (*Granadilla mosaic virus* – GMV) e o vírus do enfezamento do maracujazeiro (*Passionfruit vein-clearing rhabdovirus* – PFVVCV) (DOS ANJOS et al., 2001).

A virose do endurecimento dos frutos é uma das doenças mais importante da cultura do maracujá-azedo e doce (KITAJIMA et al., 1986; REZENDE, 1994). No Brasil a virose do endurecimento do fruto foi constatada pela primeira vez em plantios comerciais de maracujá amarelo e doce, no estado da Bahia, no final da década de 70 (CHAGAS et al., 1981; YAMASHIRO E CHAGAS, 1979). Posteriormente, foi detectada em quase todos os Estados do Brasil (BARBOSA E SANTOS FILHO, 2003). Atualmente está disseminada na maioria das regiões produtoras (KITAJIMA e RESENDE, 2001; NASCIMENTO et al., 2006), sendo a principal doença de etiologia viral do maracujazeiro no Brasil (FERREIRA, 2016).

A virose endurecimento dos frutos que pode ser causada por duas espécies de vírus (*Passionfruit woodiness virus*, PWV e *Cowpea aphid-borne mosaic virus*, CABMV). Estudos constataram que diversos isolados de Potyvírus causadores do endurecimento dos frutos do maracujazeiro, provenientes dos principais estados produtores de maracujá no Brasil e previamente classificados como PWV com base em características biológicas e sorológicas, também constituem uma estirpe do CABMV (BRAZ et al., 1998; NASCIMENTO et al., 2004). Sendo assim, o CABMV é hoje a principal espécie do gênero Potyvírus causadora desta doença no Brasil (FERREIRA, 2016).

A disseminação do PWV ocorre de forma não persistente e não circulativa por insetos da família Aphididae: *Aphis gossypii* e *Mysus persicae*. O vírus pode ser também transmitido

por enxertia de material infectado, mas não por semente. *Aphis gossypii* coloniza cerca de uma centena de espécies vegetais, sua reprodução é enorme (podendo ocorrer por partenogênese) e ocasiona danos diretos a diversas culturas na decorrência do seu ataque (FERREIRA, 2016). A transmissão do vírus ocorre na picada de prova dos pulgões, os quais não colonizam o maracujazeiro (DOS ANJOS et al., 2001; DI PIERO et al., 2006).

Os sintomas podem ser observados nas folhas e nos frutos. As folhas apresentam rugosidade, clareamento das nervuras e mosaico, e os frutos ficam deformados, pequenos e duros (FERREIRA, 2016). As plantas infectadas têm sua longevidade e produtividade comprometidas (LIMA, 2004). Quanto mais cedo as plantas forem infectadas pelo vírus, maiores serão os danos como redução do número, massa e valor comercial dos frutos.

As medidas de controle mais comuns para essa doença são: plantio de mudas sadias, arranque das plantas doentes à medida que aparecerem e eliminação de hospedeiros alternativos do vírus causador da doença (JUNQUEIRA et al., 2000).

Na Austrália, o controle do endurecimento dos frutos tem sido alcançado através da utilização de híbridos de maracujá roxo com amarelo tolerante à doença (FERREIRA, 2016). No Brasil, o Instituto Agrônomo de Campinas lançou, em 2000, uma cultivar tolerante (híbrido entre o maracujá-amarelo IAC 277 e uma variedade de maracujá-roxo nativo) de frutos rosados, denominada maracujá maçã. Esta cultivar produz frutos pouco apreciados no mercado, devido a sua coloração rosada, formato arredondado, massa inferior ao maracujá amarelo e menores dimensões (FALEIRO et al., 2005).

2.7.3 Verrugose (cladosporiose)

É uma doença causada por fungos do gênero *Cladosporium* que atacam várias espécies de plantas. Pelo menos três espécies de *Cladosporium* (*C. cladoporioides*, *C. oxysporum* e *C. herbarum*) já foram relatados associados a verrugose ou cladosporiose do maracujazeiro (BARRETO et al., 1996; Barbosa et al. 2001 e Junqueira, 2007). *Cladosporium herbarum* tem outros hospedeiros como a soja, ervilha e plantas do gênero *Bryum*, *Buxbaumia*, *Gyroweissia*, *Tortula* e *Dicranella*. Acredita-se que espécies de *Cladosporium* patogênicos ao maracujazeiro utilizam como hospedeiros restos de culturas de cucurbitáceas e de solanáceas cultivadas, fato que se justifica pela alta incidência dessa doença em pomares próximos de áreas de cultivos destas culturas. Essa doença ocorre em todas as zonas produtoras do Brasil e, quando não controlada, exerce uma ação destrutiva nas folhas, ramos e frutos. Os frutos

que conseguem desenvolver-se tornam-se imprestáveis para o comércio de frutas frescas (FERREIRA, 2016).

A verrugose é uma doença que pode ocorrer em qualquer órgão da parte aérea da planta, preferencialmente em tecidos jovens. Condições de alta umidade e temperaturas amenas favorecem a reprodução e disseminação do fungo. Em regiões de clima quente, ocorre com mais frequência nas partes externas dos órgãos florais, especialmente nas brácteas e no cálice (GOES, 1998). De acordo com Junqueira et al. (1999), nos plantios próximos a Brasília, em áreas de cerrado, a doença começa a aparecer com as primeiras chuvas dos meses de outubro e novembro, e ataca principalmente ramos e folhas novas, mas torna-se muito severa de janeiro a abril. As floradas que ocorrem neste período são as mais afetadas, pois, além do baixo vingamento, dão origem a frutos infectados pela verrugose (FERREIRA, 2016).

A verrugose manifesta-se, principalmente, em tecidos em fase de crescimento, prejudicando o desenvolvimento da planta e reduzindo a produção. Diferentes regiões produtoras do Brasil e também, diversos países são afetados por esta doença.

Nas folhas, os sintomas se apresentam por lesões circulares medindo de 3 a 5 mm de diâmetro, inicialmente translúcidas, tornando-se necróticas posteriormente (FERREIRA, 2016). Sinais pulverulentos cinza-esverdeados podem ser observados em condições de alta umidade. Outro sintoma da verrugose é a deformação (encarquilhamento) das folhas quando as lesões estão próximas ou sobre as nervuras. O rompimento no centro da lesão causa perfuração da folha (PIO-RIBEIRO e MARIANO, 1997).

Nos ramos, gavinhas e ponteiros afetados são formadas, inicialmente, lesões semelhantes às das folhas, mas em maior diâmetro, alongadas e deprimidas na forma de cancro e de coloração parda (GOES, 1998). Pode haver formação de calo cicatricial (FERREIRA, 2016). Os ramos tornam-se fracos e quebradiços à ação do vento (PIO-RIBEIRO e MARIANO, 1997).

Nos botões florais afetados são observadas lesões alongadas de cerca de 5 mm de comprimento e de coloração parda. A ocorrência de poucas lesões por botão floral não causa a queda deste e, conseqüentemente, não afetam a frutificação (FERREIRA, 2016). A queda dos botões florais ocorre quando o número de lesões no botão floral é elevado ou as lesões ocorrem no pedúnculo.

Nos frutos, os sintomas começam com uma descoloração dos tecidos que se tornam aquosos (FERREIRA, 2016). Em seguida, recobrem-se de tecido áspero de cor parda e com vários milímetros de altura (GOES, 1998) devido ao desenvolvimento do tecido corticoso e

saliente sobre as lesões inicialmente planas, dando ao fruto um aspecto verrugoso (PIO RIBEIRO e MARIANO, 1997). A ocorrência de várias lesões no fruto causa sua deformação, reduz seu crescimento e conseqüentemente seu valor comercial. Internamente, a semente e a qualidade do fruto não são afetadas pela doença (FERREIRA, 2016). Em elevada incidência, a doença pode atrasar o início do florescimento e a produção da planta (GOES, 1998).

Segundo Pio-Ribeiro e Mariano (1997), a disseminação da verrugose se dá, principalmente, por meio de mudas infectadas. O controle da doença desde as fases iniciais de implantação até a fase de colheita deve ser realizado adotando-se medidas preventivas tais como: instalação de viveiros de mudas distantes de lavouras adultas e contaminadas; realização de podas de limpeza para eliminação de focos da doença, seguida de aplicação de fungicida de efeito protetor, como aqueles à base de cobre ou os carbamatos; armazenamento breve e otimizado dos frutos; controle adequado das pragas (GOES, 1998).

O controle, quando detectada a presença da doença, pode ser feito por meio do uso de fungicidas de efeito curativo (FERREIRA, 2016). Não se recomenda a aplicação de defensivos quando o destino de frutos é a indústria de sucos, pois as lesões limitam-se apenas à casca, não atingindo a polpa (FERREIRA, 2016).

2.7.4 Bacteriose

A bacteriose do maracujazeiro, causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae* pertence a um dos maiores gêneros de bactérias que possuem associação com plantas. Segundo Matta (2005), aproximadamente 124 espécies de monocotiledôneas e 268 de dicotiledôneas são afetadas por espécies deste gênero bacteriano.

A principal forma de disseminação do patógeno a longa distância é através do uso de material propagativo contaminado (FUHRMANN, 2011). A introdução da bactéria em uma área é feita por mudas contaminadas e dentro do pomar, a disseminação é feita pela água da chuva, ventos, instrumentos de poda e colheita e também pelo homem (FERREIRA, 2016). A bactéria penetra na planta hospedeira por meio de ferimentos ou aberturas naturais e coloniza os espaços intercelulares do tecido foliar, como também dos tecidos vasculares. A bactéria sobrevive principalmente em restos de cultura, sendo que o período de sobrevivência pode ser reduzido com o seu enterrio.

A bacteriose, conhecida como mancha oleosa, ataca a parte área da planta, apresentando forma de infecção localizada ou sistêmica, que podem ou não ocorrer em associação (FURHMMAN, 2011). Segundo Pio-Ribeiro e Mariano (1997), os sintomas iniciais

nas folhas são lesões pequenas, encharcadas, oleosas, translúcidas frequentemente localizadas próximas às nervuras, com halos visíveis, que depois evoluem para coloração parda e seca, rodeadas por um halo amarelo.

A partir das lesões foliares, a infecção pode se tornar sistêmica e atingir os ramos, atingindo vasos dos caules mais finos, originando intensa desfolha, seca de ponteiros e, conseqüentemente, morte prematura das plantas (FERREIRA, 2015). Caso nesta fase houver umidade superior a 80%, as lesões se juntam, formando grandes áreas necrosadas com bordos de aspecto aquoso (LIMA, 2004)

Nos frutos, as manchas são grandes, inicialmente esverdeadas e oleosas, depois pardas, em geral circulares e bem delimitadas (FERREIRA, 2015). Apesar de superficiais, essas manchas, em condições favoráveis, ajudam o patógeno a penetrar na polpa, fermentando-a e também podendo alcançar as sementes, inviabilizando a comercialização (VIANA et al., 2003). Nos feixes vasculares, por meio de corte transversal, ocorre típica exsudação bacteriana (DIAS, 2000).

Para o controle da bacteriose recomenda-se o uso de sementes e mudas saudáveis, o tratamento de sementes em água a temperatura de 50°C durante 15 minutos e a poda das partes das plantas infectadas com ferramentas descontaminadas (KIMATI et al., 2005). Recomenda-se o plantio em locais onde a doença não tenha ocorrido anteriormente e distantes de locais contaminados.

No caso de manifestação da doença, aplicações quinzenais com oxicleto de cobre a 30% e a 50% e oxicleto de cobre + Maneb + Zineb proporcionam um bom controle (TORRES e PONTES, 1994). Recomenda-se também o manejo da doença por meio de poda de limpeza, seguido pela aplicação de uma associação de bactericidas até a completa ausência dos sintomas (VIANNA et al., 2003).

2.8 Severidade e Incidência de doenças

A severidade de doenças é a porcentagem da área ou volume de tecido da planta coberto por sintomas e constitui a variável mais utilizada para quantificar doença foliares (BERGAMIN FILHO e AMORIM, 1996). É geralmente avaliada visualmente, o que gera estimativas subjetivas (FERREIRA, 2016). A avaliação da severidade da mancha bacteriana em maracujazeiro tem sido feita com o auxílio de escalas de notas (KURODA, 1981; WENDLAND, 1997). As vantagens do emprego dessa variável para a quantificação de

doenças são a precisão, por expressar o dano real causado pelas doenças e a melhor caracterização do nível de resistência a uma doença, pelo fato de ser quantitativa. Entre as desvantagens, está o fato de ser mais trabalhoso e demorado, subjetivo, dependente da acuidade do avaliador e da escala (MORAES, 2007).

A incidência da doença é a frequência (em porcentagem) de plantas doentes em uma amostra ou população (AMORIM, 1995). Como vantagens, podem ser citadas a facilidade e rapidez de execução, a reprodutibilidade dos resultados obtidos e o fato de ser um parâmetro satisfatório na fase inicial da epidemia, podendo ser usado na elaboração de curvas de progresso da doença. A desvantagem é apresentar pouca precisão para doenças foliares, mostrando uma correlação duvidosa com a severidade em fases avançadas da epidemia (MORAES, 2007).

2.9. Espécies silvestres de *Passiflora* como fonte de resistência a doenças e de outras características de interesse agrônomo

As espécies silvestres do gênero *Passiflora* (*P. laurifolia*, *P. nitida*, *P. tenuifolia*, *P. mucronata*, *P. giberti*, *P. amethystina*, *P. quadrangularis*, *P. setacea*, *P. coccinea*, *P. caerulea*, *P. vitifolia*, *P. cerradense*, *P. incarnata* entre outras) têm apresentado, com base em estudos preliminares, variabilidade para resistência às principais doenças do maracujazeiro (CUNHA et al., 2002; SANTOS FILHO e JUNQUEIRA, 2003; JUNQUEIRA et al., 2005) e também variabilidade ao nível do DNA (PIO VIANA et al., 2003; FALEIRO et al. 2005a, 2005b, 2006; VIEIRA et al., 2005). As espécies *Passiflora caerulea* L., *P. nitida* Kunth., *P. laurifolia* L., alguns acessos de *P. suberosa*, *P. alata*, *P. coccinea*, *P. gibertii* e *P. setacea* tem sido relatadas como resistentes a doenças causadas por patógenos do solo e potencialmente importantes para programas de melhoramento (MENEZES et al., 1994; OLIVEIRA et al., 1994; PIO-RIBEIRO e MARIANO 1997; MELETTI e BRUCKNER, 2001; FISCHER, 2003; RONCATTO et al., 2004; JUNQUEIRA et al., 2005). Junqueira et al. (2005) relatam que as espécies silvestres *P. actinia*, *P. odontophylla*, *P. serrato-digitata*, *P. gibertii*, *P. caerulea*, *P. morifolia*, *P. mucronata*, *P. tenuifolia* e alguns acessos de *P. edulis* e *P. nitida* vêm se comportando como resistentes à bacteriose no Distrito Federal. Outras espécies, como a *P. speciosa* Gardner, *P. glandulosa*, *P. actinia* Hook., *P. elegans* e *P. haematostigma* Mart. ex Mast., também podem ter potencial para produção de híbridos e/ou para porta-enxertos, pelo fato de estas espécies não terem sido ainda atacadas por doenças no Banco de Germoplasma da Embrapa Cerrados.

Várias destas espécies têm sido citadas como potenciais fontes de resistência que podem contribuir para o controle de doenças causadas por fungos, bactérias e por alguns vírus (REZENDE, 1994; JUNQUEIRA et al., 2005; FUHRMANN, 2011; FUHRMANN et al., 2014). Além disso, tais espécies também poderiam ser testadas como porta-enxertos visando a resistência a fungos de solo e à morte precoce, considerando que existe um potencial já referenciado na literatura (MALDONADO, 1991; JUNQUEIRA et al., 2006, LEÃO, 2011). Estes resultados mostram que tais espécies apresentam um grande potencial, entretanto estudos básicos e essenciais de caracterização agrônômica e molecular de tais espécies precisam ser intensificados (JUNQUEIRA et al., 2005).

A caracterização e exploração da variabilidade genética entre as espécies de Passiflora, e também, dentro da espécie cultivada (*P. edulis*) podem revelar fontes de resistência ou tolerância de grande valor para o controle destas doenças no campo ou utilização em programas de melhoramento genético. Estudos acurados e detalhados da variabilidade genética do maracujazeiro poderão indicar recursos genéticos valiosos, sejam novas espécies nos sistemas de produção como opções adicionais ao maracujazeiro azedo e doce, sejam genes de espécies silvestres ou selvagens úteis ao melhoramento das atuais espécies cultivadas. Nesse sentido, vários pesquisadores apontam que tais estudos são prioritários para as pesquisas com o maracujá (JUNQUEIRA et al., 2005; 2006; FALEIRO et al., 2006; CASTRO et al. 2011).

Com o objetivo de avaliar os índices de compatibilidade genética entre espécies de passifloras, Junqueira et al. (2005) verificaram que, por meio de cruzamentos artificiais, podem se obter híbridos, trihíbridos (cruzamentos envolvendo três espécies) e tetrahíbridos (cruzamentos envolvendo 4 espécies) férteis e promissores para o melhoramento. As espécies *P. setacea*, *P. coccinea*, *P. glandulosa* Cav., *P. mucronata* Lam., *P. galbana* Mast., *P. caerulea*, *P. vitifolia* entre outras, quando utilizadas como genitor feminino ou masculino em cruzamentos com *P. edulis* comercial, resultam em híbridos zigóticos que produzem frutos com sementes férteis. Estes híbridos foram confirmados por marcadores moleculares, conforme relatado por Junqueira et al. (2008) e Faleiro et al. (2006).

Avaliando o grau de resistência dos híbridos F₁ e de gerações de retrocruzamentos RC₁, RC₂, RC₃ e RC₄ de *P. setacea* x *P. edulis* comercial, Junqueira et al. (2005) concluíram que o grau de resistência à virose do endurecimento, à antracnose e a tolerância à bacteriose encontradas na *P. setacea* em geral, diminui durante os retrocruzamentos com a espécie recorrente *P. edulis* comercial, perdendo o valor prático a partir da geração RC₄, o que pode ser devido à natureza quantitativa ou poligênica dessa resistência. No entanto, entre plantas

de uma mesma progênie sempre há plantas que se destacam como resistentes. Estas são promissoras para o melhoramento genético.

Quanto à morte precoce, acredita-se que a causa primária dessa doença seja o esgotamento repentino da planta em decorrência da alta produtividade e de um sistema radicular pouco eficaz na absorção de nutrientes e posterior ataque de patógenos. Nos experimentos conduzidos por Junqueira et al. (2006), a antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*) foi o agente responsável pela morte precoce das plantas, antes mesmo do plantio completar dois anos de idade. Caso esta hipótese seja confirmada, o uso de porta-enxertos de espécies nativas com sistemas radiculares amplos e mais eficazes pode ter elevado valor prático.

Segundo Junqueira et al. (2005), além do potencial como fonte de resistência a doenças, algumas espécies silvestres têm características interessantes que poderiam ser introduzidas no maracujazeiro comercial. Há espécies autocompatíveis como a *P. tenuifila* Killip, *P. cf. elegans* Mast., *P. capsularis* L., *P. villosa* Vell., *P. suberosa* L., *P. morifolia* Mast., *P. morifolia* “moricado” e *P. foetida* L.. Essa característica pode ser importante para aumentar a produtividade e reduzir custos com mão-de-obra para a polinização manual, bem como para reduzir o impacto negativo provocado pelas abelhas africanizadas predadoras de pólen.

Junqueira et al. (2005) relatam que há espécies como a *P. setacea* DC. e *P. coccinea* Aubl. que, nas condições do Distrito Federal, comportam-se como plantas de “dias curtos”, pois florescem e frutificam durante o período de dias mais curtos do ano e a colheita ocorre de agosto a outubro, época da entressafra do maracujá-azedo comercial. Essa característica, se incorporada ao maracujazeiro comercial, poderá eliminar os problemas referentes à sua sazonalidade, permitindo a produção de frutos durante o ano todo na região Centro-Sul do País.

Outra característica importante observada em algumas espécies silvestres é a presença de androginóforo mais curto que reduz a distância dos estigmas em relação à coroa, facilitando a polinização por insetos menores. O androginóforo é a estrutura formada pelo prolongamento do receptáculo floral, que sustenta o gineceu e o androceu. Alguns acessos de maracujá roxo silvestre, *P. odontophylla* Harms ex Glaz e *P. cincinnata*, no momento de máxima curvatura do estilete, os estigmas chegam a tocar na coroa e/ou permanecem na mesma posição das anteras, quase sempre as tocando. Dessa forma, podem ser polinizadas facilmente por pequenos insetos, principalmente pelas abelhas, que, atualmente, são consideradas pragas importantes por transportarem todo o pólen e não realizarem a

polinização de forma eficaz. Variações no comprimento do androginóforo ocorrem, também, dentro de *P. edulis* f. *flavicarpa* comercial.

Faleiro et al. (2006) relatam que atividades relacionadas ao pré- melhoramento do maracujá utilizando-se espécies silvestres são fundamentais para a utilização prática da valiosa variabilidade genética do gênero *Passiflora*, principalmente para o fornecimento de genes de resistência e outras características. Oliveira e Ruggiero (1998) relatam que a transferência de resistência de *P. setacea* para *P. edulis* é a mais promissora, embora estudos devam ser feitos para contornar a macho esterilidade dos descendentes híbridos e as dificuldades das metodologias de avaliação da resistência genética.

O avanço dos plantios de maracujazeiro, visando atender à demanda por frutos (MELETTI et al., 2000; COLLATO, 2010), promoveu o surgimento de vários problemas fitossanitários, os quais ocasionaram perdas significativas da produção e redução da vida útil dos pomares (PINTO et al., 2008).

Pinto et al. (2008) ressalta que a única alternativa para manter o Brasil no ranking de maior produtor e contornar os problemas fitossanitários existentes é o desenvolvimento de cultivares resistentes mediante programas de melhoramento genético.

Alguns trabalhos constataram que a variabilidade genética para resistência entre cultivares de *P. edulis* é muito baixa, não apresentando graus de resistência que pudessem oferecer resultados satisfatórios no controle da virose, bacteriose, antracnose e septoriose (JUNQUEIRA et al., 2003; JUNQUEIRA et al., 2005).

Ainda são incipientes os trabalhos relacionados à resistência às diversas doenças que acometem a cultura, principalmente ao que se refere a estudo de populações segregantes oriundas de cruzamentos interespecíficos ou de retrocruzamentos tendo o genitor suscetível como recorrente (FREITAS, 2014).

Para se alcançar êxito na utilização de espécies silvestres em programas de melhoramento, torna-se necessário o conhecimento da espécie a ser utilizada quanto à sua diversidade, compatibilidade genética, fenologia, aos tipos e graus de resistência a pragas e doenças, assim como à variabilidade dos patógenos que as acometem (FREITAS, 2014). Além disso, deve-se investigar o potencial dos cruzamentos interespecíficos entre *P. edulis* e espécies silvestres (JUNQUEIRA et al., 2005).

Freitas (2014) obteve híbridos oriundos dos cruzamentos entre *P. mucronata* e *P. edulis* para estudo da resistência à *Fusarium solani*. O autor verificou que quando *P. mucronata* é utilizada como genitor feminino ocorre problemas com relação à viabilidade da semente; e quando esta espécie silvestre é usada como genitor masculino, obtém-se número reduzido de

frutos e sementes produzidos. Os genótipos híbridos obtidos destes cruzamentos e classificados como resistentes não foram férteis. Apenas um genótipo híbrido resistente, pôde ser retrocruzado com a espécie *P. edulis* para verificar se é possível a obtenção de frutos com sementes, e posterior obtenção de genótipos com características agronômicas desejáveis e resistentes ao *F. solani*. O autor conclui que o gene de resistência ao *Fusarium solani*, provavelmente, não está presente em todos os acessos da espécie *P. mucronata*, uma vez que acessos oriundos de São Francisco do Itabapoana - RJ foram suscetíveis.

O estudo de transferência da resistência ao CABMV ao longo de gerações de retrocruzamento foi realizado por Fonseca et al. (2008), no Distrito Federal. Neste estudo, gerações RC₄ e RC₅, obtidas de retrocruzamento entre híbridos (*P. edulis* e *P. setacea*), utilizando a espécie *P. edulis* como genitor recorrente foram inoculadas e avaliadas, em condições controladas. Todas as 60 plantas da geração RC₅ se apresentaram suscetíveis ao CABMV. Em condições de campo, os autores observaram que o grau de suscetibilidade à virose das gerações de retrocruzamento era muito próximo ou semelhante ao encontrado para o genitor recorrente.

Freitas (2014) também avaliou a resistência ao CABMV em duas progênes RC₁ híbridas (T1 e T2) obtidas de cruzamentos interespecíficos, recíprocos, entre *P. setacea* (genitor doador) x *P. edulis* (genitor recorrente). As progênes foram avaliadas em campo, no município de Campos dos Goytacazes – RJ, quanto à resistência ao CABMV. As plantas foram inoculadas com o vírus e observou-se que 14,87% dos genótipos da progênie T1 foram resistentes ao vírus CABMV, enquanto a progênie T2 apresentou 22,64% de genótipos resistentes. Observaram-se 85,13 e 77,36% de plantas suscetíveis ao vírus CABMV nas progênes T1 e T2, respectivamente. A taxa de mortalidade devido à infecção do vírus foi de 1,62% para a progênie T1 e 2,43% para a progênie T2. Os autores avaliaram a produtividade dos híbridos considerando duas safras (2012 e 2013) e os valores variaram entre 1.173,22 a 1.016,85 kg.ha⁻¹, considerando os 30 híbridos mais produtivos, de um total de 77 avaliadas. Freitas (2014) concluiu que duas progênes apresentam-se promissoras para dar continuidade ao melhoramento do maracujazeiro-azedo da UENF, devido a grande quantidade de genótipos selecionados com bom ganho de seleção para as características relacionadas à produção, principalmente quanto ao número de frutos e produtividade total. O autor também fez o estudo da herança da resistência ao CABMV e concluiu que a herança não é monogênica e que há ganho com a seleção, desde que se trabalhe com grandes populações e se utilizem métodos de melhoramento mais complexos como a seleção recorrente.

Furhmann (2011) avaliou a reação de seis progênies de híbridos interespecíficos a *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae* em condições de casa de vegetação e em campo. As progênies foram obtidas a partir de retrocruzamentos entre *P. edulis* “flavicarpa” comercial e espécies silvestres *P. caerulea*, *P. edulis* “roxo” e *P. setacea*. O experimento foi conduzido no Distrito Federal. Em casa de vegetação, a progênie com menor incidência foi *P. edulis* “flavicarpa” x *P. edulis* “roxo” silvestre (F₁), com 80,49% de plantas sem sintomas. Em campo, as progênies com menor porcentagem de mortalidade de plantas foram as progênies *P. setacea* x *P. edulis* “flavicarpa” (RC₄), *P. caerulea* x *P. edulis* “flavicarpa” (RC₅) e *P. edulis* “flavicarpa” x *P. edulis* “roxo” silvestre (F₁). A autora também avaliou a produtividade, e obteve de 10,36 a 14,34 kg de frutos por planta sem manejo fitossanitário para doenças.

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMORIM, L. Avaliação de Doenças. In: BERGAMIN FILHO, A.; KIMATI, H.; AMORIM, L. (ed.) **Manual de Fitopatologia: Princípios e conceitos**. São Paulo, Editora Agronômica Ceres Ltda., v.1, cap.32, p.645-671. 1995.

BARBOSA, C.J. e SANTOS FILHO, H.P. **Doenças causadas por vírus e similares. In: Maracujá: fitossanidade. Frutas do Brasil**. Brasília: Embrapa, 2003.

BARBOSA, M. A. G.; REHN, K. G.; MENEZES, M.; MARIANO, R. de L.R. Antagonismo of *Trichoderma* species on *Cladosporium herbarum* and their enzymatic characterization. **Brazilian Journal of Microbiology**, São Paulo, v.32, n.1, p. 98-104, 2001.

BARRETO, R.W.; REQUIA, A.C.; CASA, R.T. Queima de mudas do maracujazeiro *Passiflora edulis* causada por *Cladosporium cladosporioides*. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v.21, p.348, 1996. Suplemento.

BRAZ, A.S.K.; SANTANA, E.N.; ZAMBOLIN, E.M.; OTONI, W.C.; COSTA, A.F.; ZERBINI, F.M. Molecular characterization of two isolates of South African passiflora potyvirus infecting Passion fruit in Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.23, p.313, 1998.

BRONDANI, R. P. V. et al. Development, characterization and mapping of microsatellite markers in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla*. **TAG Theoretical and Applied Genetics**, v. 97, n. 5–6, p. 816–827, 1998.

BROOKES, A.J. The essence of SNPs. **Gene**, v. 234, n.2, 1999.

BRUNEL, D. A microsatellite marker in *Helianthus annuus* L. **Plant molecular biology**, v. 24, p. 397–400, 1994.

BENEVIDES, C.R., GAGLIANONE, M.C., HOFFMANN, M. Visitantes florais do maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg. *Passifloraceae*) em áreas de cultivo com diferentes proximidades a fragmentos florestais na Região Norte Fluminense, RJ. **Revista Brasileira de Entomologia**, v.53, n.3, 2009. p. 415–421.

BERNACCI, L.C. *Passifloraceae*. In: WANDERLEY, M.G.L.; SHEPHEERD, G.J.; GIULIETTI, A.M.; MELHEM, T.S. (Ed.) **Flora fanerogâmica do Estado de São Paulo**. São Paulo: RiMa/FAPESP, v.3., 2003. p. 247-274.

BERGAMIN FILHO, A.; AMORIM, L. **Doenças de plantas tropicais: epidemiologia e controle econômico**. São Paulo: Ceres, 1996. 229p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 5ed. Viçosa – MG: Editora UFV, p.529, 2009.

CANÇADO JÚNIOR, F.L.; ESTANISLAU, M.L.L.; PAIVA, B.M. Aspectos econômicos da cultura do maracujá, situação da cultura do maracujazeiro no Brasil. **Informe Agropecuário**, v.21, n.206, p. 10-17, 2000.

CARIAS, C. M. O. M.; TOMAZ, M. A.; FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, R. G.; GONÇALVES, L. S. A. Produtividade de grãos de cafeeiro conilon de diferentes grupos de maturação pelo procedimento REML/BLUP. **Semina**, v.35, n.2, p. 707-718, 2014.

CASTRO, A.P.G. de; FALEIRO, F. G.; CARVALHO, D.D.C.; FONSECA, K.G. da; VILELA, M. de F.; JUNQUEIRA, N. T. V.; CARES, J. E. Genetic variability of *Passiflora* spp. from commercial fields in the Federal District, Brazil. **Ciência Rural** (UFES. Impresso), v. 41, p. 996-1002, 2011.

CHAGAS, C.M.; KITAJIMA, E.W. e LIN, M.T. Grave moléstia em maracujá amarelo (*Passiflora edulis* f.flavicarpa Deg.) no Estado da Bahia, causada por um isolado do vírus do “woodiness”. **Fitopatologia Brasileira**, v.6, p. 259-268. 1981.

CHEN, X. et al. Development of a microsatellite framework map providing genomewide coverage in rice (*Oryza sativa* L.). **TAG Theoretical and Applied Genetics**, v. 95, n. 4, p. 553–567, 1997.

COLATTO, U. L. Reação de progênies de maracujazeiro azedo à antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*), à Verrugose (*Cladosporium herbarum*) e à bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*). Dissertação (Mestrado em Agronomia), Brasília – DF, Universidade de Brasília, 2010. 97p.

COSTA, A.F.S da; COSTA, A.N.da. Polo de Maracujá no Estado do Espírito Santo: Importância socioeconômica e potencialidades. In: COSTA, A.F.S.da; COSTA, A.N.da. **Tecnologias para produção de maracujá**. Vitória-ES: INCAPER, p.13-20. 2005.

DI PIERO, R.M.; REZENDE, J.A.M; YUKI, V.A.; PASCHOLATI, S.F.; DELFHINO, M.A. Transmissão do *Passion Fruit Woodiness Virus* por *Aphis gossypii* (Glover) (*Hemiptera: Aphididae*) e Colonização de Maracujazeiro pelo Vetor. **Neotropical Entomology**, v.35, n. 1, p. 139-149. (Nota Científica) 2006.

DOS ANJOS, J.R.N.; JUNQUEIRA, N. T.V; CHARCHAR, M.J.A. **Incidência e distribuição do vírus do endurecimento dos frutos do maracujazeiro no cerrado do Brasil Central**. Documento nº30, Embrapa Cerrados, Planaltina- DF, 2001.

CROCHEMORE, M. C., MOLINARI, H.B.C.; VIEIRA, L.G.E. Genetic Diversity fruit in Passion Evaluated by RAPD Markers. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 46, n. 4, p. 521– 527, 2003.

CROCHEMORE, M. L.; MOLINARI, H. B.; STENZEL, N. M. C. Caracterização agromorfológica do maracujazeiro (*Passiflora* spp.). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, n. 1, p. 5–10, 2003.

CUNHA, M.A.P. et al. Espécies de maracujazeiro. In: LIMA, A.A. (Ed.). **Maracujá Produção: Aspectos Técnicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 104p.

CUNHA, M.A.P. da. **Seleção para produtividade em populações de maracujazeiro. I. Seleção massal estratificada modificada**. Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMPF, 1997a. 4p. (EMBRAPA-CNPMPF. Comunicado Técnico, 48).

CUNHA, M.A.P. da. **Seleção para produtividade em populações de maracujazeiro. II. Seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos modificada**. Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMPF, 1997b. 4p.(EMBRAPA-CNPMPF. Comunicado Técnico, 49).

DIAS, M.S.C. Principais doenças fúngicas e bacterianas do maracujazeiro. **Informe Agropecuário**, v. 21, p. 34-38, 2000.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA. **Destinos das exportações brasileiras de maracuja em 2019**. Bahia, 2020. Disponível em: http://www.cnpmpf.embrapa.br/Base_de_Dados/index_pdf/dados/brasil/maracuja/b61_maracuja.pdf

ESASHIKA DAS (2018) **Fenologia e morfometria de flores e frutos de espécies e híbridos de *Passiflora* spp. visando ao melhoramento genético**. Tese de doutorado, Universidade de Brasília

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; OLIVEIRA, E.J.; PEIXOTO J.R.; COSTA, A.M. **Germoplasma e melhoramento do maracujazeiro - histórico e perspectivas**. 2011.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; PEIXOTO, J.R. Pré-melhoramento do maracujá. In: LOPES, M.A.; FAVERO, A.P.; FERREIRA, M.A.J.F.; FALEIRO, F.G.; FOLLE, S.M.; GUIMARÃES, E.P. (Eds.) **Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2011. p. 550-570.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; COSTA, A.M. **Ações de pesquisa e desenvolvimento para o uso diversificado de espécies comerciais e silvestres de maracujá (*Passiflora* spp.)**. Documentos (Embrapa Cerrados), v. 329, 26p., 2015.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; PEIXOTO, J.R. **Caracterização de germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro assistidos por marcadores moleculares: resultados de pesquisa 2005-2008**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2008. 59 p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, Nº 207).

FALEIRO, F.G. **Marcadores genético-moleculares aplicados aos programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102p. il.

FALEIRO, F.G. et al. **Importância e avanços do pré-melhoramento de *Passiflora***. In: LOPES, M.A.; FÁVERO, A.P.; FERREIRA, M.A.J.F.; FALEIRO, F.G. (Eds.) Curso Internacional de pré-melhoramento de plantas. Brasília: Embrapa, 2006b. p. 138-142.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V. **Passion fruit (*Passiflora* spp.) improvement using wild species**. In: MARIANTE, A.S.; SAMPAIO, M.J.A.; INGLIS, M.C.V. **The state of Brazil's plant genetic resources. Second National Report. Conservation and Sustainable Utilization for food and agriculture**. Brasília, DF: Embrapa Technological Information, 2009. p. 101-106

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. **Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro – desafios da pesquisa** In: Faleiro, F.G.; Junqueira, N.T.V.; Braga, M.F. (Eds.) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005a. p. 187- 210.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; BELLON, G.; PEIXOTO, J. R.; BARROS, A. M.; BORGES, T. A.; ALMEIDA, D. A.; COSTA, B. **Obtenção de populações de retrocruzamentos e confirmação da fecundação cruzada no maracujazeiro com base em marcadores moleculares**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE

PLANTAS, 3, 2005, Gramado. Anais. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2005b. 1 CD-ROM.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; JESUS, O.N.; COSTA, A.M.; MACHADO, C.F.; JUNQUEIRA, K.P.; ARAÚJO, F.P.; JUNGHANS, T.G. Espécies de maracujazeiro no mercado internacional. In: JUNGHANS, T.G.; JESUS, O.N. (Eds.) **Maracujá: do cultivo à comercialização**. Brasília, DF: Embrapa, 2017. P

FALEIRO F.G., FERNANDES P.C.C., GONTIJO G.M., MENDES, A.C.S., COSTA, A.M., JUNQUEIRA, N.T.V. Experiências de sucesso de produtores de maracujá no DF. In: FALEIRO, F.G., ROCHA, F.E.C., GONTIJO, G.M., ROCHA, L.C.T. (eds) **Maracujá: prospecção de demandas para pesquisa, extensão rural e políticas públicas baseadas na adoção e no impacto de tecnologias**. Expedição Safra Brasília – Maracujá. 2nd edn. Emater, Brasília, DF, 2019. pp 256-269.

FAJARDO, D. et al. Genetic variation analysis of the genus *Passiflora* L. using RAPD bmarkers. **Euphytica**, v. 101, p. 341–347, 1998

FARIA, V. R. **Melhor predição linear imparcial (blup) no melhoramento vegetal: seleção entre famílias de meios-irmãos**. 69p Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2008.

FERRAZ, M.A.; SILVA, C.A.B.; VILELA, P.S. **Caracterização da agroindústria de frutas em Minas Gerais**. Boletim Técnico FEAMG/UFV, 2002.

FERREIRA, C. C. **Desempenho agrônômico e reação de genótipos de maracujazeiro às doenças fúngicas, à bacteriose e à virose do endurecimento do fruto sob condições de campo e casa de vegetação**. 228 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade de Brasília, Brasília, 2016.

FERREIRA, M. E.; FALEIRO, F. G. Biotecnologia: avanços e aplicações no melhoramento genético vegetal. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L. (Eds.). **Savanas: desafios e estratégias para o equilíbrio entre sociedade, agronegócio e recursos naturais**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2008.p. 765–792.

FERREIRA, M.E. Genotipagem de coleções de germoplasma vegetal - FERREIRA 2008. In: FALEIRO, F.G.; FARIAS NETO, A.L.de, RIBEIRO JUNIOR, W.Q.. **Pre-**

melhoramento, melhoramento e pós melhoramento: estratégias e desafios. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2009. p. 76–89.

FIELD, D.; WILLS, C. **Long, polymorphic microsatellites in simple organisms.** Proceedings. Biological sciences / The Royal Society, v. 263, n. 1367, p. 209–15, 22 Feb. 1996.

FISCHER, I.H.; KIMATI, H. e REZENDE, J.A.M. **Doenças do Maracujazeiro.** In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A. (Ed.) Manual de Fitopatologia. v2. 4.ed. São Paulo: **Agronômica Ceres**, p. 467-474. 2005.

FLORA DO BRASIL. **Passiflora in Flora do Brasil 2020 em construção.** Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB12506>>. Acesso em: 20 Dez. 2016.

FONSECA, K. G. **Validação de descritores, caracterização e diversidade genética de cultivares de espécies comerciais e silvestres de maracujazeiro.** 183 f. Tese (Doutorado em Agronomia)—Universidade de Brasília, Brasília, 2017.

FONSECA, K. G (2008) **Retrocruzamento visando à obtenção de resistência do maracujazeiro azedo à virose do endurecimento dos frutos auxiliados por marcadores moleculares.** Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias), Brasília – DF, Universidade de Brasília, 82p.

FREITAS, J. C. de O. **Cruzamentos interespecíficos em Passiflora visando resistência a doenças.** 118 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense, Goytacazes-RJ, 2014.

FREITAS, I. L. J; AMARAL JR., A. T.; VIANA, A. P.; PENA, G. F.; CABRAL, P. S.; VITTORAZZI,C.; SILVA, T. R. C. Ganho genético avaliado com índices de seleção ecom REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n. 11. p.1464-1471, 2013.

FUHRMANN, E.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BLUM, L. E. B.; BRAGA, M. W.; BELLON, G.; JUNQUEIRA, K. P. Reação de híbridos interespecíficos de

Passiflora spp. à *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*. **Ciência Rural** (UFSM. Impresso), v.44, p.1404 - 1410, 2014.

FUHRMANN, E. Produtividade, características físico-químicas e análise da reação de híbridos interespecíficos de maracujazeiro-azedo à bacteriose. Dissertação de mestrado. Universidade de Brasília/ Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2011. 91 p.

GOES, A. **Doenças fúngicas da parte aérea da cultura do maracujá**. In: Simpósio Brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro. Jaboticabal. Anais. Jaboticabal: FUNEP, p. 208-216. 1998.

GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; REIS L.S.dos; BEZERRA NETO, F.V.; AMARAL JUNIOR, A.T., REIS, L.S.dos. Correlações fenotípicas e genético-aditivas em maracujá amarelo pelo delineamento I. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, n. 5, p. 1413-1418, 2008.

GONTIJO, G.M.; FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V. Produção de maracujazeiro azedo cultivado em estufa e em espaçamento adensado: resultados de unidades de observação Emater-Embrapa no Distrito Federal. In: XXIV Congresso Brasileiro de Fruticultura, São Luís. **Anais do Congresso Brasileiro de Fruticultura**, São Luís, 2016. p.400

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Produção Agrícola Municipal – Culturas Temporárias e Permanentes**. Rio de Janeiro: IBGE, 2020. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457>. Acesso em: 28 out. 2020.

JUNQUEIRA, K. P.; FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BELLON, G.; RAMOS, J. D.; BRAGA, M. F. ; SOUZA, L. S. Confirmação de híbridos interespecíficos artificiais no gênero *Passiflora* por meio de Marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Fruticultura, v. 30, p. 191 - 196, 2008.

JUNQUEIRA, N.T.V., VERAS, M.C.M., NASCIMENTO, A.C., CHAVES, R.C., MATOS, A.P., JUNQUEIRA, K.P. **Importância da polinização manual para aumentar a produtividade do maracujazeiro**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2001, 18p.

JUNQUEIRA, N. T. V.; FALEIRO, F. G.; BRAGA, M. F.; PEIXOTO, J. R. Uso de espécies silvestres de Passiflora no pré-melhoramento do maracujá. In: Curso Internacional de Prémelhoramento de Plantas: **Anais**/Org. LOPES, M.A.; FÁVERO, A.P.; FERREIRA, M.A.J.F.; FALEIRO, F.G. – Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2006. p.133-137. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia / Documentos n 185)

JUNQUEIRA, N.T.V.; ANJOS, J.R.N.; SHARMA, R.D.; SANZONWICZ, C.; ANDRADE, L.R.M. **Doenças do Maracujazeiro**. In: Encontro de Fitopatologia, 3., 1999, Viçosa, MG. Doenças de fruteiras tropicais: palestras. Viçosa: UFV, 1999. p. 83-115.

JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (Eds.) **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005.p. 295-313.

JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; FALEIRO, F.G.; PEIXOTO, J.R. BERNACCI, L.C. **Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças**. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (Eds.) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina, DF: EmbrapaCerrados, 2005. p. 81-108.

JUNQUEIRA, N.T.V.; SHARMA R.D.; RITZINGER, C.H.S.P. **Manejo da bacteriose e de nematóides em maracujazeiro** (compact disc). In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DO MARACUJAZEIRO, 6., Campos dos Goytacazes, 2003. Palestras. Campos dos Goytacazes: Cluster Informática, 2003.

JUNQUEIRA, N.T.V.; TEIXEIRA,R.V.R; ANJOS, J.R.N.; VERAS, M.C.M.; NASCIMENTO, A.C.; SHARMA, R.D. **Controle das principais doenças do maracujazeiro no cerrado**. Comunicado técnico, Embrapa Cerrados, n.8, p.1- 5. 2000.

KITAJIMA, E.W. e REZENDE, J.A.M. **Enfermidade de etiologia viral e fitoplasmática**. In: BRUCKENER. C. H. e PICANÇO, C. Maracujá: Tecnologia de produção, pós colheita, agroindústria e mercado. Porto Alegre: Cinco Continentes, 85-137p. 2001.

KITAJIMA, E.W.; CHAGAS, C.M. e CRESTANI, O. A. **Enfermidade de etiologia viral e associada a organismos do tipo micoplasma em maracujazeiro no Brasil.** Fitopatologia Brasileira 11: 409-432. 1986.

KURODA, N. **Avaliação do comportamento quanto a resistência de espécies e progênies de maracujazeiro a *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae*.** Jaboticabal, SP: FCAV/UNESP, 45p. 1981.

LEÃO, A.J.P. Formação de mudas de maracujazeiro por enxertia em espécies silvestres e em híbridos inter e intraespecíficos. Dissertação de mestrado. Universidade de Brasília/ Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2011. 83 p.

LIMA, A. de A. **Maracujá: produção e qualidade na passicultura.** Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2004. 396p. 2004.

LIMA, A. de A.; CARDOSO, C.E.L.; SOUZA, J. da S.; PIRES, M. de M. **Comercialização do maracujazeiro.** EMBRAPA-CNPMPF. Boletim, 29, 2006.

LITT, M.; LUTY, J. A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. **American Journal of Human Genetics**, v. 44, p. 397–401, 1989.

LOPES, S.C. Citogenética do maracujá, *Passiflora* spp. In: SÃO JOSÉ; A.R.; FERREIRA, F.R. VAZ, R.L. (Ed.). **A cultura do maracujá no Brasil.** Jaboticabal: FUNEP, 1991.p. 201-209.

MALDONADO, J. F. M. Utilização de porta-enxertos do gênero *Passiflora* para maracujazeiro amarelo (*P. edulis* f. *flavicarpa*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 13, n. 2, p. 51-54, 1991.

MALUF, W.R.; SILVA, J.R.; GRATTAPAGLIA, D.; TOMA-BRAGHINI, M.; CORTE, R.D.; MACHADO, M.A.; CALDAS, L.S. Genetic gains via clonal selection in passionfruit *P.edulis* Sims. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, p. 833-841, 1989.

MATTA, F.P. Mapeamento de QLR para *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae* em maracujá-azedo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.) 2005. 230f. Tese de doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, 2005.

MELETTI, L.M.M. Avanços na cultura do maracujá no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal-SP, Volume Especial, E. 083-091, 2011.

MELETTI, L.M.M. et al. **Melhoramento genético do maracujá: passado e futuro** In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA NTV.; BRAGA MF (Ed.) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina: Embrapa Cerrados, pp. 55- 78, 2005.

MELETTI, L.M.M.; SANTOS, R.R.; MINAMI, K. Melhoramento genético do maracujazeiro-amarelo: obtenção do cultivar 'Composto IAC-27'. **Scientia agrícola**, v.57, p.491-498, 2000.

MELETTI, L. M. M.; BRUCKNER, C. H. **Melhoramento genético**. In: BRUCKNER, C. H.; PICANÇO, M. C. (Ed.). Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2001. p. 345-385.

MENEZES, J. M. T.; OLIVEIRA, J. C.; RUGGIERO, C.; BANZATO, D. A. Avaliação da taxa de pegamento de enxertos de maracujá-amarelo sobre espécies tolerantes à "morte prematura de plantas". **Científica**, v. 22, n. 1, p. 95-104, 1994.

MORAES, S.A. de **Quantificação de doenças de plantas**, 2005 Disponível em: http://www.infobibos.com/Artigos/2007_1/doencas/index.htm.

MORGANTE, M.; OLIVIERI, A M. PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. **The Plant journal: for cell and molecular biology**, v. 3, n. 1, p. 175–82, Jan. 1993.

NASCIMENTO, A.V.S.; SANTANA, E.N; BRAZ, A.S.K.; ALFENAS, P.F.; PIO-RIBEIRO, G.; ANDRADE, G.P.; CARVALHO, M.G. e ZERBINI, F. MURILO. Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) is widespread in passionfruit in Brazil and causes passionfruit woldiness disease. **Archives of Virology**, Viena, v.161, p. 21-34, 2006.

NASCIMENTO, A. V. S., SOUZA, A. R. R.; ALFENAS, P. F.; ANDRADE, G. P.; CARVALHO, M. G.; PIO-RIBEIRO, G.; ZERBINI, M. Análise filogenética de Potyvírus causando endurecimento dos frutos do maracujazeiro no Nordeste do Brasil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 29, p.378-383, 2004.

NEGREIROS, J.R. da S.; V. de S. ÁLVARES, BRUCKNER, C.H. MORGADO, M.A.D., CRUZ, C.D. Relação entre características físicas e rendimento de polpa de maracujá-amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 29, n. 3, p. 546-549, 2007

NETO, J. T. F.; OLIVEIRA, M. S. P.; RESENDE, M. D. V.; RODRIGUES, J. C. Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de progênies de *Euterpe Oleracea* na fase juvenil. **Ceres**, v. 18, n. 3, p. 515-521., 2012.

NETO, J. T. F.; RESENDE, M. D. V. (2001) Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*), **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.

NUNES, T.S.; QUEIROZ, L.P. A família *Passifloraceae* na Chapada Diamantina, Bahia, Brasil. **Sitientibus**, v. 1, n. 1, p. 33-46, 2001.

NUNES, T.S.; QUEIROZ, L.P. Flora da Bahia: *Passifloraceae*. **Sitientibus**, 2006, v.6, n.3,p. 194-226.

OLIVEIRA, E. J. et al. Development and characterization of microsatellite markers from the yellow passion fruit (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*). **Molecular Ecology**. Notes, v. 5, n. 2, p. 331–333, 2005.

OLIVEIRA, J.C.; NAKAMURA, K.; MAURO, A.O.; CENTURION, M.A.P.C. **Aspectos gerais do melhoramento do maracujazeiro**. In: SÃO JOSÉ, A.R. (Ed.). Maracujá: produção e mercado. Vitória da Conquista: UESB, 1994.p. 27- 37.

OLIVEIRA, J. C.; RUGGIERO, C. **Aspectos sobre o melhoramento do maracujazeiro amarelo**. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DO MARACUJAZEIRO, 1998, Jaboticabal. Anais.Jaboticabal: FUNEP, 1998. p. 291-310.

OLIVEIRA, J.C. de; SALOMÃO, T.A.; RUGGIERO, C.; ROSSINI, A. de C. Observações sobre o cultivo de *Passiflora alata* Ail. (maracujá-guaçu). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.1, p. 59-63, 1980.

PADUA, J. G. et al. Isolation and characterization of microsatellite markers from the sweet passion fruit (*Passiflora alata* Curtis: *passifloraceae*). **Molecular Ecology Notes**, v. 5, n. 4, p. 863–865, Dec. 2005.

PEREIRA, M.G.; PEREIRA, T.N.S.; PIO VIANA, A. **Marcadores moleculares aplicados ao melhoramento do maracujazeiro**. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (Eds). Maracujá- germoplasma e melhoramento genético. Planaltina Distrito Federal: Embrapa Cerrados, 2005. p.277-292.

PIMENTEL, L.D.; SANTOS, C.E.M.; FERREIRA, A.C.C.; MARTINS, A.A.; WAGNER JUNIOR, A.; BRUCKNER, C.H. Custo de produção e rentabilidade do maracujazeiro no mercado agroindustrial da Zona da Mata Mineira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.31, n.2, p.397-407, 2009.

PINTO, P. H. T.; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; RESENDE, R. O.; MATTOS, J. K. A.; MELO, B. Reação de genótipo de maracujazeiro- azedo ao vírus do endurecimento do fruto (*Cowpea aphid-borne mosaic virus – CABMV*) **Bioscience Journal**, v.24, n.2, 2008, p.19-26.

PIO VIANA, A.; PEREIRA, T.N.S.; PEREIRA, M.G.; SOUZA, M.M.; MALDONADO, F.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Diversidade entre genótipos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) e entre espécies de passifloras determinada por marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 25, p. 489-493. 2003.

PIO-RIBEIRO, G. e MARIANO, R.L.R.D. **Doenças do maracujazeiro (*Passiflora* spp.)**. In: Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas. 3.ed. São Paulo: Editora Agronômica Ceres, v. 2, p. 525-534. 1997.

PIO VIANA, A.; GONÇALVES, G. **Genética quantitativa aplicada ao melhoramento genético do maracujazeiro**. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA,

N.T.V.; BRAGA, M.F. (Eds.) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005.p. 243-274.

QUELLER, D. C.; STRASSMANN, J. E.; HUGHES, C. R. **Microsatellites and Kinship**. Trends in ecology and evolution, v. 8, n. 8, p. 285–288, 1993.

QUIRINO, T.R. Agricultura e meio ambiente: tendência. In: SILVEIRA, M.A.da; VILELA, S.L.O. **Globalização e sustentabilidade da agricultura**. Jaguariúna: CNPMA, 1998. p.109-138 (CNPMA. Documento,15).

RALLO, P.; DORADO, G.; MARTIN, A. Development of simple sequence repeats (SSRs) in olive tree (*Olea europaea* L .). **Theoretical Applied of Genetics**, v. 101, p. 984–989, 2000.

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

REZENDE, J.A.M. **Doenças de vírus e micoplasma do maracujazeiro no Brasil**. In: SÃO JOSÉ, A.R. (Ed.) Maracujá: produção e mercado. Vitória da Conquista: UESB p.116-125. 1994.

RONCATTO, G.; OLIVEIRA, J.C.; RUGGIERO, C.; NOGUEIRA FILHO, G.C.; CENTURION, M.A.P.C.; FERREIRA, F.R. Comportamento de maracujazeiros (*Passiflora* spp.) quanto à morte prematura. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.26, n.3, p.552-554, 2004.

RUGGIERO, C.; SÃO JOSÉ, A.R.; VOLPE, C.A.; OLIVEIRA, J.C. de; DURIGAN, J.F.; BAUMGARTNER, J.G.; SILVA, J.R.; NAKAMURA, K.; FERREIRA, M.E.; KAVATI, R.; PEREIRA, V. de P. **Maracujá para exportação: aspectos técnicos da produção**. Brasília, MAARA, Secretaria de Desenvolvimento Rural, Embrapa-SPI, 1996. 64p. (Série Publicações Técnicas FRUPEX, 19).

SANTOS;. C.H.B; CRUZ, C.D.; SIQUEIRA, D.L.DE;.PIMENTEL, L.D. Características físicas do maracujá-azedo em função do genótipo e massa do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.31 n.4, 2009.

SANTOS FILHO, H.P. e JUNQUEIRA, N.T. **Maracujá: Fitossanidade**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 86p. (Série Frutas do Brasil, 32). 2003.

SANTOS, L. F. et al. ISSR markers as a tool for the assessment of genetic diversity in *Passiflora*. **Biochemical genetics**, v. 49, n. 7–8, p. 540–54, Aug. 2011.

SCHOTSMANS, W.C. e FISCHER, G. 2011. **Passion fruit (*Passiflora edulis* Sims)**. p. 125-143. In: Elhadi M. Yahia (Ed.), Postharvest biology and technology of tropical and subtropical fruits. Vol 4, Ch. 7, Woodhead Publishing Series in Food Science, Technology and Nutrition, Woodhead Publishing Limited, Cambridge, UK.

SKIPP, R.A.; BEEVER, R.E.; SHARROCK, K.R.; RIKKERINK, E.H.A. e TEMPLETON, M.D. ***Colletotrichum***. In: KOHMOTO, K.; SINGH, U.S. e SINGH, R.P. (Ed.) Pathogenesis and host specificity in plant diseases. Oxford, Pergamon/Elsevier Sci. Ltd. public. vol. II, 1995. p. 119-242.

SÁNCHEZ, I.; ANGEL, F.; GRUM, M.; DUQYE, M.C.; LOBO, M. TOHME, J.; ROCA, W. Variability of chloroplast DNA in the genus *Passiflora* L. **Euphytica**, v. 106, p. 15–26, 1999.

SEGURA, S.; D'EECKENBRUGGE, G.C., LÓPEZ, L.; GRUM, M.; GUARINO, L. Mapping the potential distribution of five species of *Passiflora* in Andean. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, p. 555–566, 2003.

SEGURA, S. D.; COPPENS, G.; OCAMPO, H. Isozyme variation in *Passiflora* subgenera *Tacsonia* and *Manicata*. Relationships between cultivated and wild species. **Genetics**, v. 50, p. 417–427, 2002.

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

THE PLANT LIST. **The Plant List**. V. 1.1, 2013. Disponível em: <http://www.theplantlist.org/>. Acesso em: 20 Dez. 2016

TORRES, F.J.; PONTES, J. Estudo sobre o controle da bacteriose ou “morte precoce” (*Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae*) do maracujá amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*). **Fitopatologia Brasileira**, v.19, n.1, p.34-38, 1994.

ULMER T., MACDOUGAL J. M. **Passiflora: Passionflowers of the world.** Portland: Timber Press, 2004. 27 p.

WENDLAND, A. Avaliação de espécies de maracujazeiro (*Passiflora* spp.) à bacteriose e caracterização de *Xanthomonas* sp. pv. *passiflorae*. Londrina, 87p. Monografia (Graduação) – Universidade Estadual de Londrina. 1997.

YAMASHIRO, T.; CHAGAS, C.M. **Ocorrência de grave moléstia virótica em maracujá amarelo no Estado da Bahia.** In: Congresso Brasileiro de Fruticultura, Pelotas. Anais SBF, p. 915-917. 1979.

VANDERPLANK, J. **Passion flowers.** Massachusetts: MIT Press, 1996. 224 p.

VANDERPLANK, J. **Passion flowers.** 3ª ed. Cambridge: The MIT Press, 2000. 224 p.

VIANA, A. P. et al. Diversidade genética entre genótipos comerciais de maracujazeiro-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) e entre espécies de *Passifloras* nativas determinada por marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, n. 3, p. 489–493, 2003

VIANA, F.M.P.; FREIRE, F.C.O.; CARDOSO, J.E.; VIDAL, J.C. **Principais Doenças do Maracujazeiro na Região Nordeste e seu Controle.** Comunicado Técnico, n. 86. Fortaleza, CE. Outubro, 2003.

VIANA, F.M.P.; COSTA, A.F. **Doenças do maracujazeiro.** In: FREIRE, F.C.O.; CARDOSO, J.E.; VIANA, F.M.P. (Ed.) Doenças de fruteiras tropicais de interesse agroindustrial. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p. 270-291. 2004.

VIEIRA, M.L.C.; CARNEIRO, M.C. **Passiflora spp. Passionfruit.** In: LITZ, R. (Ed) *Biotechnology of Fruit and Nut Crops.* Oxford: CABI Publishing, pp. 436-453. 2004.

VIEIRA, M.L.C. et al. **Métodos biotecnológicos aplicados ao melhoramento genético do maracujá.** In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (Eds.) *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético.* Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 411-453.

WEISSENBAACH, J. et al. A second-generation linkage map of the human genome. **Nature**, v. 359, p. 794–801, 1992.

CAPÍTULO 1 – VARIABILIDADE GENÉTICA DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS SEUS RESPECTIVOS GENITORES DETERMINADA POR MARCADORES MICROSSATÉLITES

RESUMO

O gênero *Passiflora* compreende mais de 500 espécies que são utilizadas para fins alimentício, industrial, ornamental e farmacêutico. O maracujá azedo (*Passiflora edulis* Sims) possui baixa variabilidade genética para resistência a doenças, e a utilização de espécies silvestres na base de cruzamentos é uma alternativa promissora para introgressão de genes de resistência. O objetivo deste estudo foi caracterizar híbridos multiespecíficos e materiais silvestres com potencial de utilização como parentais nos programas de melhoramento genético, utilizando marcadores microsatélites. O DNA genômico de 33 acessos foi extraído e analisado através de 23 marcadores microsatélites, os quais foram utilizados para estimar a dissimilaridade genética entre os acessos. As matrizes de dissimilaridade genética foram utilizadas para análise de agrupamento pelo método de grupo de pares não ponderados (UPGMA), como critério de agrupamento e obtenção do gráfico de dispersão baseado em escala multidimensional, utilizando o método de coordenadas principais. A distância genética entre os acessos variaram de 0,067 a 1,00. Os marcadores indicaram variabilidade genética entre os acessos e também a eficiência da recuperação do genoma recorrente pelo programa de retrocruzamento. A estrutura genética mostrou tendência de agrupamento entre acessos silvestres de *P. hatschbachii* e *P. quadrifaria* e os acessos obtido pelo cruzamento entre estas espécies. O mesmo ocorreu para os acessos de *P. incarnata* e *P. edulis*. O conhecimento gerado pela caracterização molecular forneceu informações sobre a diversidade dos acessos e contribuiu para o trabalho os melhoristas na seleção de genitores.

Palavras-chave: SSR, análise de agrupamento, maracujá, espécies silvestres, melhoramento genético

ABSTRACT

The *Passiflora* genus comprises more than 500 species that are used for food, industrial, ornamental, and pharmaceutical purposes. The sour passion fruit (*Passiflora edulis* Sims) has low genetic variability for disease resistance, and the use of wild species in the cross-breeding basis is a promising alternative for introgression of resistance genes. The objective of this study was to characterize multispecific hybrids and wild materials with potential to be used as parents in passion fruit genetic breeding programs, using microsatellite markers. Genomic DNA from 33 accessions was extracted and analyzed using 23 microsatellite markers, which were used to estimate the genetic dissimilarities among accessions. The genetic dissimilarity matrices were used to perform clustering analysis by dendrogram using the Unweighted Pair-Group Method as grouping criterion and by graphic dispersion based on multidimensional scale, using the principal coordinates method. Genetic distances between accessions ranged from 0.067 to 1.00. The markers indicated genetic variability among the studied accessions and also the efficiency of the recurrent genome recovery within the backcross program. The genetic structure among the accessions shows the clustering tendency between the wild accessions of *P. hatschbachii* and *P. quadrifaria* and the accessions obtained by crossing between these species. The same occurred for *P. incarnata* and *P. edulis* accessions. The knowledge generated by the molecular characterization provided information on the diversity of accessions and contributed to the work of selection of parents.

Key-words: SSR, clustering analysis, passion fruit, wild species, genetic breeding

1.1 INTRODUÇÃO

Passiflora L. é considerado o maior gênero da família *Passifloraceae*, compreendendo aproximadamente 525 espécies (BERNACCI VITTA; BAKKER, 2003). A maioria das espécies são encontradas nas Américas, especialmente América do Sul, onde Colômbia e Brasil formam os maiores centros de diversidade, com cerca de 240 espécies nativas (BERNACCI et al., 2003; IMIG et al., 2016; ULMER e MACDOUGAL, 2004). A maioria das espécies é conhecida popularmente como maracujá e algumas possuem interesse comercial e farmacológico, sendo cultivadas em grande escala para consumo ou como ornamentais (IMIG et al., 2018). O gênero

Passiflora contêm o maior número de espécies dentro da família *Passifloraceae* e sua taxonomia reconhece cinco subgêneros: *Passiflora* sub. *Passiflora* ('n = 9'), *P.* sub. *Decaloba* (DC) Rchb. ('n = 6'), *P.* sub. *Astrophea* (DC) Mast. ('n = 12'), *P.* sub. *Deidamioides* (Harms) Killip (grupo ainda não claramente definido morfológicamente) (FEUILLET e MACDOUGAL, 2004; KROSNICK et al. 2009) e *P.* sub. *Tetrapathea* (DC) P. S. Green (KROSNICK et al., 2009).

O maracujá azedo (*Passiflora edulis* Sims) é uma espécie alógama com grande variabilidade de formas e cores de frutos, flores e plantas. Trata-se da espécie de maior importância econômica cultivada, seus frutos são comestíveis e amplamente utilizados na culinária, no preparo de bebidas alcoólicas e sucos (VANDERPLANK 1996). Além disso, tem importância medicinal, na fabricação de calmantes e as sementes trituradas são usadas como vermífugas (BERNACCI et al. 2003).

Com a expansão da cultura de maracujazeiro no Brasil, várias doenças como a bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*), a virose do endurecimento dos frutos (Cowpea aphid-borne mosaic vírus CABMV), antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*), nematóide das galhas (*Meloidogyne* spp), fusariose ou murcha (*Fusarium axysporum* f. sp. *passiflorae*) e podridão-do-pé (*Fusarium solani*) vêm provocando perdas expressivas (JUNQUEIRA et al. 2005). Assim, o desenvolvimento de variedades resistentes a doenças é estratégico para cultura pois reduz custos de produção, aumenta a qualidade mercadológica e contribui para preservação do ambiente e sustentabilidade da passicultura no país (QUIRINO, 1998).

Considerando a importância econômica e social dessa cultura, o programa de melhoramento genético da Embrapa Cerrados e parceiros realiza cruzamentos inter e intraespecíficos para obtenção de híbridos resistentes. Os cruzamentos foram realizados entre espécies compatíveis com a variedade comercial de *P. edulis*, com *Passiflora setacea* DC, *Passiflora quadrifaria* Vanderpl., *Passiflora incarnata* L., *P. caerulea* L., *P. hatschbachii* Cervi, entre outras, para a introdução de características desejáveis, especialmente visando a resistência a doenças. A caracterização molecular de acessos e genótipos utilizados no programa de melhoramento de *Passiflora* contribui para o melhor entendimento da diversidade e do background genético das plantas, informações cruciais para os melhoristas na seleção de genitores (SEGURA et al., 2002; VIANA et al., 2003).

A diversidade genética de *Passiflora* tem sido estudada através de descritores morfológicos (PLOTZE et al., 2005; VIANA et al., 2010; RAMAIYA et al., 2014;

OLIVEIRA et al., 2016; PÉREZ e D'EECKENBRUGGE, 2017), caracteres agronômicos (MELETTI et al., 2005; CERQUEIRA-SILVA et al., 2008; ABREU et al., 2009) e ecológicos (SEGURA et al., 2003). A detecção de polimorfismo do DNA em *Passiflora* spp. tem sido obtida com diferentes tipos de marcadores moleculares, como enzimas de restrição (cpDNA; YOCKTENG e NADOT, 2004; PAIKRAO et al., 2010), *Inter Simple Sequence Repeats* (ISRR; SANTOS et al., 2011, OLIVEIRA et al., 2019), *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD; FAJARDO et al., 1998; AUKAR et al., 2002; CROCHEMORE et al., 2003; BELLON et al., 2007; CERQUEIRA-SILVA et al., 2010; OLIVEIRA et al., 2019), *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP; SEGURA et al., 2002), *Internal Transcribed Spacer* (ITS; MUSCHNER et al., 2003; MÄDER et al., 2010; BELLON, 2014; RAMAIYA et al., 2014) e *Simple Sequence Repeats* (SSR/microsatélites; OLIVEIRA et al., 2005; CERQUEIRA-SILVA et al., 2012; CERQUEIRA-SILVA et al., 2014; PAIVA et al., 2014a; ARAYA et al., 2017).

Apesar da alta variabilidade encontrada nas avaliações morfológicas e agronômicas, bem como na maioria dos trabalhos com marcadores moleculares, o uso de marcadores microsatélites em *P. edulis*, em geral, tem apresentado baixos níveis de polimorfismo (OLIVEIRA et al., 2005; CERQUEIRA-SILVA et al., 2012, 2014; ORTIZ et al., 2012). A alta reprodutibilidade, codominância alto polimorfismo e multialelismo (LITT E LUTY, 1989; POWELL et al., 1996) são vantagens dos microsatélites quando comparado a outros tipos de marcadores moleculares. Até o ano de 2017, menos de 200 marcadores microsatélites estavam disponíveis para estudos genéticos em *P. edulis* (OLIVEIRA et al., 2005; OLIVEIRA, 2006; CERQUEIRA-SILVA et al., 2014), sendo a maioria baseada em repetições nucleotídicas imperfeitas e compostas (DOMANIÇ e PREPARATA, 2007 e LIM et al., 2013). Atualmente mais de 1000 marcadores microsatélites estão disponíveis para *P. edulis*, considerando o recente trabalho de Araya et al. (2017), no qual pares de primers para 816 regiões de microsatélites perfeitos foram desenvolvidos. A este novo conjunto de marcadores foi dado o prefixo "BrPe". Os microssatélites "BrPe" mostraram-se altamente polimórficos, com PIC (conteúdo de informação polimórfica), Ho (heterozigosidade observada) e número de alelos também elevado; além de apresentarem alta transferibilidade para outras espécies do gênero *Passiflora*, tendo potencial para ser utilizado em análises genéticas de grande variedade de espécies deste gênero (ARAYA et al., 2017).

Neste trabalho, objetivou-se realizar a caracterização molecular de 33 genótipos de maracujá, que incluem híbridos multiespecíficos e materiais silvestres potencialmente úteis como genitores em programas de melhoramento genético do maracujazeiro-azedo, através de marcadores microssatélites. O conhecimento gerado pela caracterização molecular visa fornecer informações sobre a diversidade dos genótipos e contribuir para o trabalho dos melhoristas na seleção de genitores.

1.2 MATERIAL E MÉTODOS

1.2.1 Extração de DNA e genotipagem

Folhas frescas de 33 acessos mantidos no banco de germoplasma da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, foram coletadas e o DNA genômico extraído por meio do método CTAB, com modificações (FALEIRO et al., 2003). O tecido vegetal fresco foi macerado com auxílio de uma barra de vidro e, em seguida, foram adicionados em cada amostra, 450 µL de tampão contendo Tris-HCl 100 µM (pH 8,3), CTAB 7%, EDTA 20 mM, NaCl 1,4 M. As amostras seguiram para banho-maria a 65 °C, por 30 minutos. A desproteinização foi realizada adicionando-se 400 µL de solução clorofórmio: álcool isoamílico (24:1); em seguida, as amostras foram agitadas para a formação de uma emulsão e, na sequência, centrifugadas a 5.000 rpm por cinco minutos, retirando-se, aproximadamente, 200 µL do sobrenadante que foi colocando em microtubos do tipo eppendorf de 2 mL. Foram adicionados ao sobrenadante 200 µL de isopropanol gelado (5°C), invertendo-se os microtubos para promover a precipitação do DNA. Em sucessão, os tubos colocados na geladeira, permanecendo por 30 minutos e, em continuidade, os tubos foram centrifugados a 7.000 rpm, por dez minutos, descartando-se o sobrenadante. O sedimento formado foi lavado, por duas vezes, com 200 µL de etanol a 70% e secado na temperatura do ar ambiente. Após completamente seco, o sedimento foi ressuscitado em 100 µL de água Milli Q, contendo RNase na concentração de 40 µL/mL.

A concentração de DNA foi estimada por eletroforese em gel de agarose a concentração de 1%, comparando-se as intensidades de fluorescência de cada amostra corada com brometo de etídio com diferentes padrões de DNA Lambda. Cada amostra foi, então, diluída para a concentração de 3,0 ng/µl.

Os acessos utilizados no presente estudo estão descritos na Tabela 1. Esses acessos representam um grupo de 18 híbridos interespecíficos, 11 plantas de diferentes espécies utilizadas como genitores (*P. amethystina* aff. “macrocarpa”, *P. caerulea* L., *P. edulis* Sims, *P. hatschbachii* Cervi, *P. incarnata* L., *P. quadrifaria* Vanderpl., *P. setacea* DC e *P. tholozanii* Sims), 1 acesso da matriz MSC (“Marília Seleção Cerrado”), e três acessos de *P. edulis* “roxo típica”. Esses acessos de *P. edulis* “roxo típica” são autocompatíveis, de filogenia pouco conhecida que produz frutos pequenos de casca roxa. Os 33 acessos foram genotipados com 23 marcadores microssatélites desenvolvidos por Araya et al. (2017). A escolha dos microssatélites foi feita com base na qualidade de amplificação e pelos valores de PIC (conteúdo de informação polimórfica) obtidos por Araya et al. (2017).

Tabela 1. Acessos do germoplasma de maracujá (*Passiflora* spp.) genotipados com marcadores microssatélites.

N	Acesso	Origem genética / Procedência
1	PL 3 x GA	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₃) / CPAC Campo
2	ML 1	(<i>P. edulis</i> x <i>P. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₅) / CPAC Telado
3	ML 2	[(<i>P. edulis</i> x <i>P. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₅) / CPAC Telado
4	PL 2	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₁) / CPAC Telado
5	MEAM-3	(<i>P. edulis</i> x <i>P. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₃) / CPAC Telado
6	GX DF	<i>P. edulis</i> / CPAC Telado
7	GX SB	<i>P. edulis</i> / CPAC
8	PL 6	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₂) / CPAC Telado
9	PL 1 MEAM-2	[(<i>P. edulis</i> x <i>P. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₁)] x <i>P. incarnata</i> / CPAC Telado
10	PL 4 (Longão flor azul)	(<i>P. edulis</i> x <i>P. incarnata</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₃) / CPAC Telado
11	PL 3	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₁) / CPAC Telado
12	PL 5	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₂) / CPAC Telado
13	LD3	<i>P. edulis</i> – flores com 3 estigmas / BAG 162
14	325	<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i> (RC ₄) / BAG167
15	LD4	<i>P. edulis</i> – flores com 4 estigmas / BAG 72
16	VAO	<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i> (RC ₅) / CPAC Telado
17	<i>P. caerulea</i>	Espécie silvestre / BAG 111
18	MEAM-1	[(<i>P. edulis</i> x <i>P. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₁)] x <i>P. incarnata</i> / BAG
19	<i>P. aff. amethystina</i>	Espécie silvestre / CPAC Telado
20	<i>P. edulis</i> x <i>P. incarnata</i>	(<i>P. edulis</i> x <i>P. incarnata</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₂) / BAG linha 10
21	<i>P. incarnata</i>	Espécie silvestre / BAG
22	Rosa Púrpura x <i>P. edulis</i>	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> / CPAC Telado
23	Rosa Púrpura	(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i> / BAG 84
24	<i>P. setacea</i> x <i>P. edulis</i>	<i>P. setacea</i> x <i>P. edulis</i> / CPAC Campo
25	<i>P. setacea</i>	Espécie silvestre / CPAC Campo
26	<i>P. hatschbachii</i>	Espécie silvestre / BAG 131
27	<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>	<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i> / BAG
28	<i>P. quadrifaria</i>	Espécie silvestre / CPAC Campo
29	<i>P. tholozanii</i>	BAG 97 / Manaus-Amazonas/ Brasil
30	MSC	<i>P. edulis</i> / CPAC Campo
31	<i>P. edulis</i> “roxo típica” (PL1)	Espécie silvestre / CPAC Campo

Tabela 1. Continuação

32	<i>P. edulis</i> "roxo típica" (PL2)	Espécie silvestre / CPAC Campo
33	<i>P. edulis</i> "roxo típica" (PL3)	Espécie silvestre / CPAC Campo

Nota. CPAC: Embrapa Cerrados; RC: retrocruzamento; BAG: Banco de germoplasma.



Figura 1. *P. aff. amethystina* (a), *P. caerulea* (b), *P. edulis* (c), *P. hatschbachii* (d), *P. incarnata* (e), *P. quadrifaria* (f), *P. setacea* (g), e *P. tholozanii* (h). Foto: Nilton T. V. Junqueira (a até f); Mara Cecília de M. Grisi (g) e Rich Hoyer (h).

1.2.2 Reação de PCR com marcadores microsatélites

Painéis Multiplex para avaliação simultânea de marcadores microsatélites foram desenhados com auxílio do programa Multiplex Manager (HOLLELEY e GEERTS, 2009). As reações de PCR foram realizadas com um volume final de final 5 μ L contendo 5 ng de DNA genômico, 1X QIAGEN Multiplex PCR Kit Master Mix (QIAGEN), 0.5X Q-Solution (QIAGEN), e 0.2 μ M de cada primer. As reações foram realizadas no termociclador modelo Veriti™ (APPLIED BIOSYSTEMS, USA) utilizando o seguinte programa de amplificação: 95 °C por 15 minutos; 35 ciclos a 94 °C por 30 segundos, 55, 57 ou 60 °C por 90 segundos, e 72 °C por 60 segundos; seguidos pela etapa final de extensão a 60 °C por 60 min. Adicionou-se ao produto da PCR 9 μ L de Formamida Hi-Di™ (APPLIED BIOSYSTEMS, USA) e 1 μ L de ROX-labeled de tamanho padrão à 1 μ L do produto da PCR e em seguida desnaturou-se a 94 °C por

5 minutos. O produto desnaturado foi injetado no sequenciador automático ABI3730 (APPLIED BIOSYSTEMS, USA). A identificação dos alelos de acordo com o tamanho e a genotipagem foram realizadas utilizando-se o software GeneMapper® v4.1 (APPLIED BIOSYSTEMS, USA). A binagem dos alelos foi realizada com o software Tandem (MATSCHINER E SALZBURGER, 2009).

Polimorfismo, número de alelos, heterozigotidades esperada e observada (H_e e H_o , respectivamente), valores de PIC, e outras estatísticas foram estimadas através do programa CERVUS (MARSHALL et al., 1998). Os valores de H_e foram determinados pela probabilidade de um indivíduo ser heterozigoto em um determinado loco de acordo com suas frequências alélicas.

Os dados de genotipagem gerados foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimadas as dissimilaridades genéticas entre os acessos com o auxílio do Programa Genes (CRUZ, 2013). As distâncias genéticas obtidas a partir dos marcadores microssatélites foram calculadas com auxílio do Programa Genes (CRUZ, 2006), baseando-se na seguinte fórmula:

$DG_{ij} = 1 - (NLC/NTL)$ sendo: DG_{ij} = Distância genética entre os acessos i e j ; NLC = Número de Locos Coincidentes; NTL = Número Total de locos.

O NLC é o somatório das coincidências alélicas de cada loco analisado, sendo que cada coincidência pode assumir o valor 1 (dois alelos coincidentes); 0,5 (um alelo coincidente) e 0 (nenhum alelo coincidente) para encontros (0 1) e (1 0).

A matriz de dissimilaridade genética foi utilizada para realizar análises de agrupamento por meio de dendrograma, utilizando-se o método do UPGMA (*Unweighted pairgroup method arithmetic average*) (SNEATH E SOKAL, 1973) como critério de agrupamento, com o auxílio do software GENES (CRUZ, 2013), e da dispersão gráfica baseada em escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais, com auxílio do Programa SAS (SAS INSTITUTE Inc., 2008) e Statistica (STATSOFT Inc, 2005).

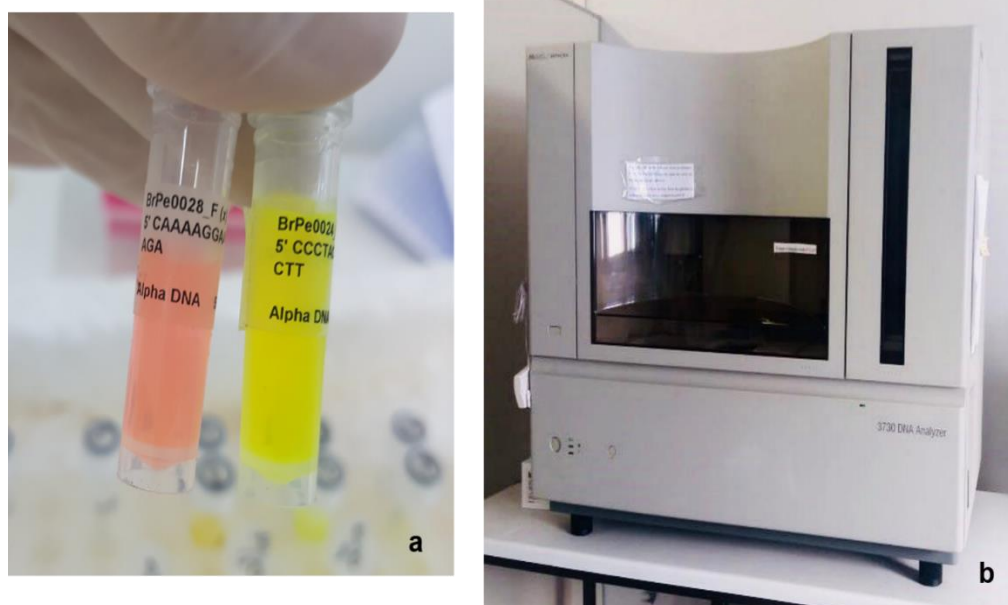


Figura 2. a) primers SSRs marcados com fluorescências 6-FAM e HEX. b) Sequenciador automático ABI3730, Brasília, DF, 2019. Fotos: Mara Grisi.

1.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 23 marcadores microssatélites foram polimórficos e permitiram a detecção de 147 alelos (tabela 2). O número de alelos observados para todos os marcadores variou de 2 a 10, com uma média de 6,39 alelos por loco. A heterozigozidade esperada (H_e) variou de 0,36 a 0,87, com uma média de 0,65. A heterozigozidade observada (H_o) variou entre 0,09 e 0,87, com média de 0,35. Os valores de PIC variaram de 0,32 a 0,83, com média de 0,59 (Tabela 2). Consideram-se os valores de PIC acima de 0,5 muito informativos; moderadamente informativos os compreendidos entre 0,25 e 0,5 e pouco informativos os inferiores a 0,25 (BOTSTEIN et al., 1980). O tamanho dos amplicons produzidos por cada marcador microssatélite está apresentado na tabela 2.

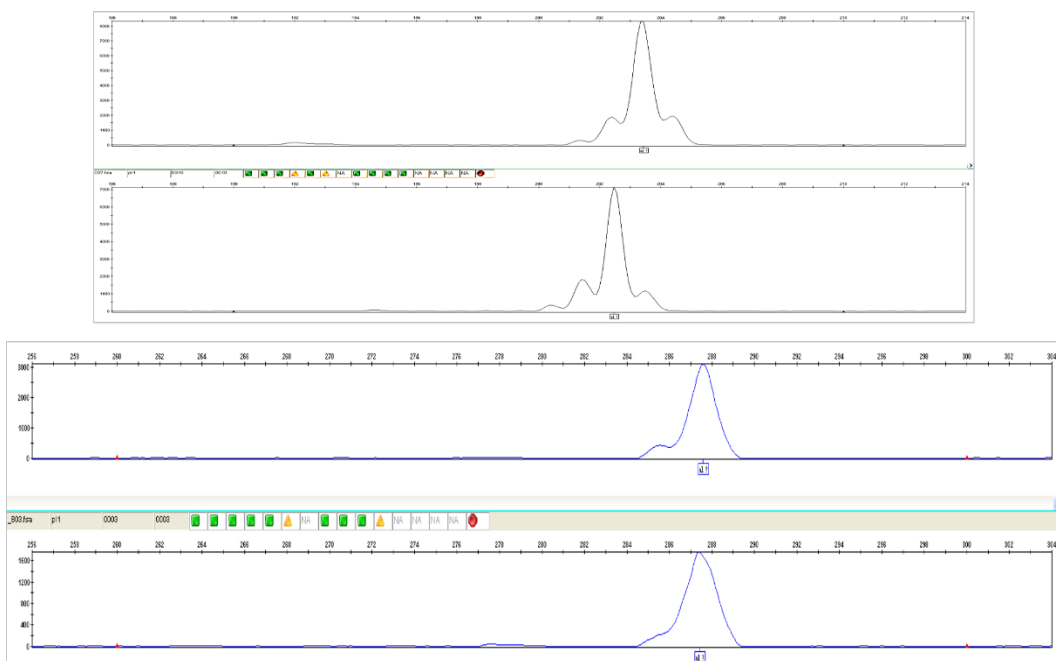


Figura 3. Identificação de alelos de acordo com tamanho e genotipagem com auxílio do programa GeneMapper® software v. 4.1 (Applied Biosystems, USA).

Tabela 2. Estatística descritiva do conjunto de marcadores de microssatélites.

#	Marcador	Sequência do primer 5'-3'	Motivo	Ta	Número de alelos	Tamanho do alelo (pb)	He	Ho	PIC
1	BrPe0032	F:TTGCACAATGACCAATGTTGT R:CTGAGCACCTTGTCAAAATACA	(AT) ₁₃	60 C	7	134-152	0.71	0.23	0.67
2	BrPe0028	F:CAAAAGGAACAGGGAAGA R:GAAAGAGAGAAAGACAGAGA	(TA) ₆	55 C	8	91-105	0.81	0.41	0.77
3	BrPe0024	F:CCCTACCTTTCTCTGCTT R:CATCTCCTCTATCTCCTTC	(TC) ₇	55 C	4	221-231	0.63	0.11	0.55
4	BrPe0031	F:AGGTCGGTGGGTGTGTTTAG R:CATTCAACTCCCCAAAAGGT	(TA) ₉	60 C	8	130-152	0.66	0.52	0.61
5	BrPe0014	F:AATATGGCTGGGAAAAC R:TTCTGTCTTTGGACCTT	(AG) ₇	57 C	3	214-222	0.36	0.19	0.32
6	BrPe0033	F:GCCATGAGAGACTTGGGAGA R:CGGTTGCCAAAAAGAAGAGA	(AT) ₈	60 C	6	232-252	0.77	0.12	0.71
7	BrPe0038	F:TTTCAACTTTTCTGTGTGC R:TGTTGTTGCTTGAAGGATG	(AT) ₆	60 C	6	152-168	0.65	0.23	0.60
8	BrPe0042	F:CATGCATTCAATTTGTTTTCTTG R:GATGCTGGGAAAAAGAGTGC	(AT) ₈	60 C	8	133-167	0.66	0.21	0.59
9	BrPe0003	F:CTTTCTCTCCCTATACCC R:CCCTCCATAATCACATAAC	(TC) ₁₁	55 C	8	273-295	0.77	0.30	0.72
10	BrPe0043	F:TCATACATGGATGTCAAATCGATAC R:CGGACCAAGAAAATTCAAA	(AT) ₈	60 C	3	199-207	0.47	0.39	0.41
11	BrPe0006	F:AAGGAAAAGAACAGCCTCA R:CGCTCTCAAATCAGTCAA	(TC) ₁₀	55 C	9	183-199	0.83	0.23	0.79
12	BrPe0002	F:AAAGCCCAGATGAAGTGAA R:GGCTCCAATCAGAAGTGT	(AG) ₁₂	55 C	6	160-182	0.72	0.34	0.67
13	BrPe0021	F:ACTTCTCATATTG R:GCTATGCCTTTTTG	(TA) ₇	55 C	8	147-171	0.66	0.22	0.61
14	BrPe0023	F:AGATACCACACCAATAG R:TTGGAGTTGTTGGGGA	(CT) ₇	55 C	3	116-120	0.48	0.09	0.42
15	BrPe0037	F:TGATAATGCAGCGAAAGAGC	(TG) ₆	60 C	9	214-238	0.80	0.87	0.76

Tabela 2. Continuação

		R:TCACACTCCATTTGCTCTGC							
16	BrPe0010	F:GAAGAAAAAAGGGCTTG R:GTTAGGGTTTGGAGGA	(TC) ₉	55 C	10	189-209	0.75	0.35	0.72
17	BrPe0001	F:GTTGAGAGATTGTGTTTG R:ATGGTAGAGGAGGAGAGA	(CT) ₁₄	55 C	5	149-159	0.61	0.56	0.52
18	BrPe0008	F:TTTTCAGCCTCCACTCTT R:TACACCACCAACTCAC	(AG) ₉	55 C	6	262-274	0.70	0.75	0.63
19	BrPe0025	F:CAAGGAACCAGAACAAGAAGAA R:GAAGAACAAGCCAGCCCA	(GA) ₆	55 C	9	108-130	0.87	0.75	0.83
20	BrPe0039	F:GCTGCTCCACTGTGAATGTC R:AACCTAGCCCCGTACAGTA	(AT) ₆	60°C	2	195-197	0.43	0.14	0.33
21	BrPe0050	F:TCAAGGGTATCTTTGGTGCTG R:AGCTTCAGCGAGACAAAACC	(TG) ₇	60 C	7	194-212	0.58	0.21	0.54
22	BrPe0013	F:GATCGAGGTGAGGTAAGT R:GGTTTGGCTTTAATGGAGG	(AG) ₈	55 C	7	161-179	0.55	0.62	0.51
23	BrPe0020	F:TAAAGCATCAGGTACAG R:TAGATAGATTTGACGGG	(GT) ₇	55 C	5	287-299	0.56	0.33	0.49
Média					6.39		0.65	0.35	0.59

Nota. F: *forward primer*; R: *reverse primer*; Ta: temperatura de anelamento; Ho: heterozigiosidade observada; He: heterozigiosidade esperada; PIC: *polymorphic information content*.

As dissimilaridades genéticas variaram de 0,067 a 1,00. A distância máxima (1,00) foi observada entre um acesso de *P. edulis* “roxo típica” e *P. caerulea* (Tabela 1; acessos 33 e 17, respectivamente); e entre os acessos ‘G X SB’, ‘PL1 MEAM-2’ e *P. incarnata* em relação ao acesso *P. hatschbachii* (Tabela 1; acessos 7, 9, 21 e 26, respectivamente). A menor distância ocorreu entre híbridos ‘PL 3 X GA’ (acesso 1) e ‘ML 2’ (acesso 3) em estágio de retrocruzamento RC₂ e RC₅, respectivamente (Tabela 1). A amplitude de valores de distância genética evidencia a análise de acessos com diferentes graus de dissimilaridade. Resultados similares foram verificados por Araya et al. (2017) em uma coleção de 28 acessos de seis espécies de *Passiflora* (*P. edulis*, *P. alata*, *P. maliformis*, *P. nitida*, *P. quadrangularis* e *P. setacea*) com base em marcadores SSR.

Análises de agrupamento e dispersão gráfica evidenciaram a divergência entre os genótipos (Figura 1). Além da divergência entre os genótipos, as análises de agrupamento mostraram a formação de quatro grupos de similaridade, considerando como o ponto de corte a distância genética de 0,75.

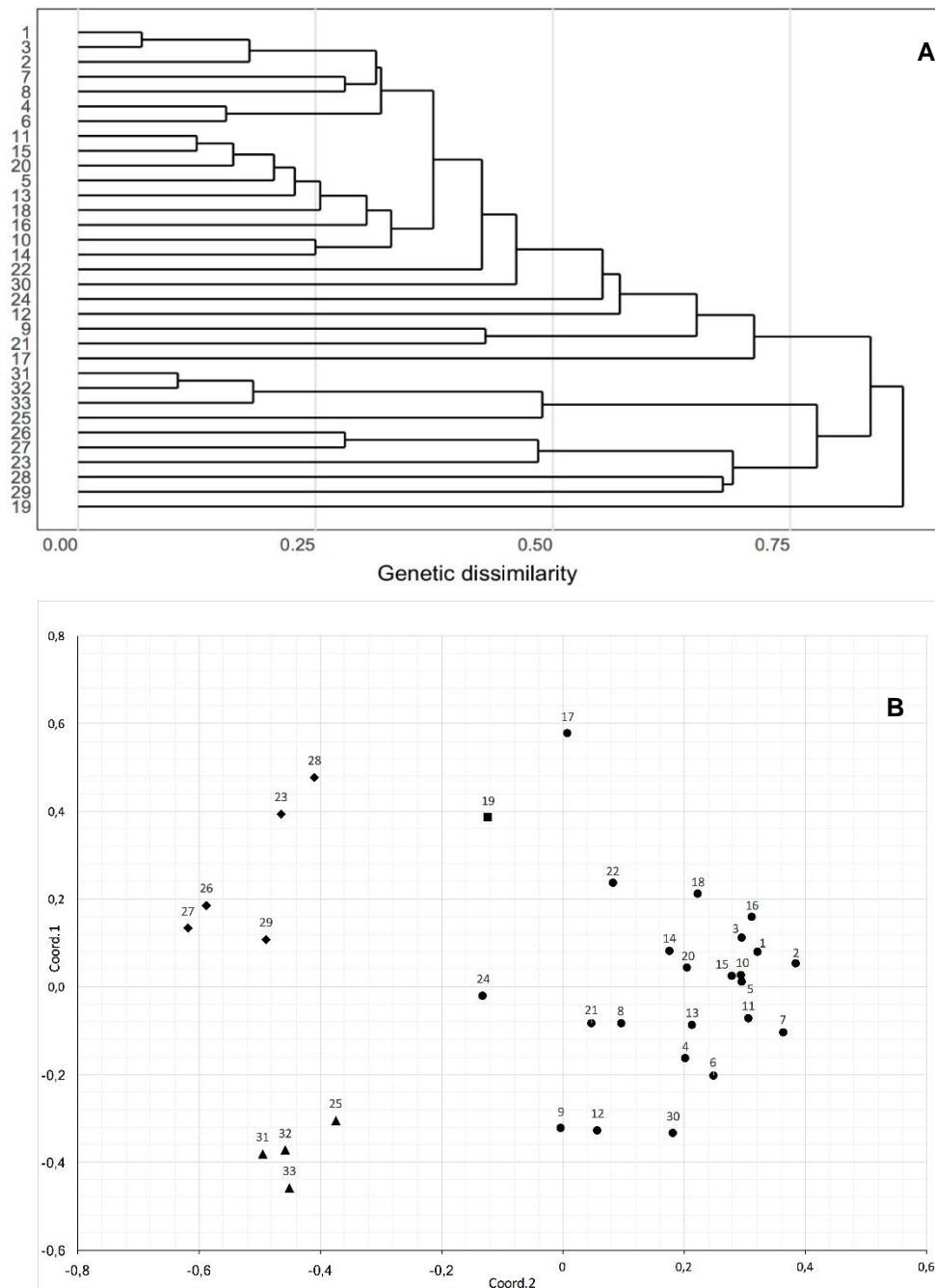


Figura 4. Análises de agrupamentos (A) dispersão gráfica (B) de 33 acessos de *Passiflora* spp., baseados na matriz dissimilaridade genética e utilizando 23 marcadores SSR. O método UPGMA foi utilizado como critério de agrupamento. O método de coordenadas principais foi utilizado na análise de dispersão gráfica. O coeficiente de correlação cofenética (r) foi de 0.85. Legenda: 1- PL 3 x GA2; 2- ML 1; 3- ML2; 4- PL2; 5- MEAM-3; 6- GX DF; 7- GX SB; 8- PL6; 9- PL 1 MEAM-2; 10- PL 4 (Longão flor azul); 11- PL 3; 12- PL 5; 13- LD3; 14- 325; 15- LD4; 16- VAO; 17- *P. caerulea*; 18- MEAM-1; 19- *P. aff. amethystina*; 20- *P. edulis* x *P. incarnata*; 21- *P. incarnata*; 22- Rosa Púrpura x *P. edulis*; 23- Rosa Púrpura; 24- *P. setacea* x *P. edulis*; 25- *P. setacea*; 26- *P. hatschbachii*; 27- *P. hatschbachii* x *P. quadrifaria*; 28- *P. quadrifaria*; 29- *P. tholozanii*; 30- MSC; 31- *P. edulis* “roxo típica” (PL1); 32- *P. edulis* “roxo típica” (PL2); 33- *P. edulis* “roxo típica” (PL3). Group 1 (●); group 2 (▲); group 3 (◆); and group 4 (■).

O coeficiente de correlação cofenética do dendrograma foi de boa magnitude ($r = 0,85$), evidenciando a consistência no ajuste entre a representação gráfica da similaridade genética e a sua matriz original, o que assegura que sejam realizadas inferências por meio da avaliação visual do dendrograma (Figura 4A).

O primeiro grupo é composto por acessos de maracujá-azedo oriundos de seleção entre e dentro de progênies. Essas progênies, por sua vez, foram obtidas a partir dos cruzamentos interespecíficos seguidos de retrocruzamentos com *P. edulis* comercial, e que, portanto, já possuem material genético próximo ao do genitor recorrente. Assim, plantas do grupo 1 são geneticamente próximas ao genitor recorrente (Tabela 1; acessos 1 a 16, 18 e 20; Figura 4). Esse resultado sugere a eficiência da recuperação do genoma recorrente dentro do programa de retrocruzamento. Os marcadores SSR evidenciaram a variabilidade genética entre os acessos. Também fazem parte do primeiro grupo o acesso MSC, uma variedade comercial de *P. edulis*, obtida por meio de seleção massal; o acesso da espécie *P. incarnata* e o acesso de *P. caerulea* (Tabela 1; acessos 30, 21 e 17, respectivamente; Figura 4). Musher et al. (2003) a partir de análises moleculares de filogenia em espécies de *Passiflora* utilizando polimorfismo de nrITS, trnL-trnF e rps4 mostraram o agrupamento de *P. edulis*, *P. incarnata*, *P. setacea* e *P. caerulea*. Paiva et al. (2014) também encontraram similaridade molecular entre *P. edulis* e *P. setacea* e; a partir de descritores morfológicos e quantitativos, encontraram similaridade entre *P. edulis* e *P. caerulea*.

Embora acessos de *P. edulis* “roxo típica” sejam classificados como *P. edulis* (Tabela 1; acessos 31,32,33) esses não foram agrupados dentro do grupo de *P. edulis* (Figura 4), e estão associados a um segundo grupo formado com o acesso de *P. setacea* (Tabela 1; acesso 25). Resultado similar foi encontrado por Araya et al., (2017). O agrupamento de acessos *P. edulis* Sims “amarelo” e *P. edulis* “roxo típica” foi observado utilizando sequências de DNA de cloroplasto; porém, ao analisar sequências ITS observou-se diferença filogenética entre eles (BELLON et al., 2014). Estes resultados sugerem que futuras investigações devem ser realizadas com a inclusão de uma amostra maior de acessos de *P. edulis*, incluindo acessos de *P. edulis* forma “flavicarpa” e acessos silvestres de *P. edulis* Sims. Análises recentes sobre o sistema reprodutivo de *P. edulis* “roxo típica” indicam que estes acessos são preferencialmente autocompatíveis enquanto a maioria dos acessos de *P. edulis* são

auto-incompatíveis e alógamos. Este fato poderia explicar a distância genética entre os acessos (ARAYA et al., 2017).

O terceiro grupo incluiu acessos de *P. quadrifaria*, *P. hatschbachii*, *P. tholozanii*, o híbrido *P. hatschbachii* x *P. quadrifaria* e a cultivar BRS Rosa Púrpura [(*P. hatschbachii* x *P. quadrifaria*) x *P. incarnata*] (Tabela 1; acessos 28, 26, 29, 27 e 23, respectivamente). Esse resultado confirma a hibridação e a genealogia desses híbridos. As espécies *P. tholozanii* e *P. quadrifaria* pertencem a superseção *Distephana*. O trabalho de revisão sistemática realizado por FEUILLET e MACDOUGAL (2003) incorporou ao subgênero *Passiflora*, o subgênero *Distephana*, atualmente considerado uma superseção.

O quarto e último grupo é formado por um único acesso da espécie *P. aff. amethystina* “macrocarpa”. A Árvore filogenética de 43 espécies de *Passiflora* baseada em sequências de DNA de cloroplasto e ITS obtida por BELLON (2014) agrupou três acessos de *P. amethystina* (*P. amethystina* “verdadeiro”, do Cerrado, *P. amethystina* “SP” de São Paulo e *P. aff. amethystina* “macrocarpa”) dentro de um grupo filogenético formado para o subgênero *Passiflora*, onde também foi agrupado um acesso de *P. caerulea*. Neste estudo, apesar do acesso *P. aff. amethystina* “macrocarpa” não ter agrupado com o acesso de *P. caerulea*, este último foi um dos que tiveram maior similaridade em relação a este acesso de *P. amethystina* (de 0,78), juntamente com o genótipo MEAM-1 e o acesso *P. tholozanii*. A *P. aff. amethystina* “macrocarpa”, é oriunda da Chapada dos Veadeiros, GO. Embora tenha características botânicas similares aquelas de *P. amethystina* comum, a sua antese é noturna e produz frutos grandes, com até 12 cm de comprimento, em comparação ao padrão de frutos de outros acessos de *P. amethystina*. O acesso desta espécie entrou no programa de melhoramento de maracujazeiro por apresentar alto grau de resistência às doenças foliares, exceto para a virose do endurecimento do fruto.

O conhecimento gerado neste estudo fornece informações sobre a diversidade dos híbridos multiespecíficos e seus respectivos genitores e contribui para o trabalho dos melhoristas na seleção dos melhores cruzamentos.

1.4 CONCLUSÃO

Os marcadores SSR demonstraram a alta variabilidade genética existente entre os acessos e indicaram a eficiência da recuperação do genoma recorrente no programa de retrocruzamento.

A estrutura genética entre os acessos mostrou a tendência de agrupamento entre os acessos de *P. hatschbachii*, *P. quadrifaria* e os acessos obtidos a partir dos cruzamentos envolvendo essas espécies. Resultados similares foram observados para os acessos de *P. incarnata* e *P. edulis*. Assim, a hibridação e genealogia desses acessos foram confirmadas.

1.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFIAS

ABREU, S. D. P. M.; PEIXOTO, J. R.; VILELA, N. T.; DE FIGUEIREDO, M. A. Características agronômicas de seis genótipos de maracujazeiro-azedo cultivados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.31, n.3, p.920-924, 2009.

ARAYA, S.; MARTINS, A. M.; JUNQUEIRA, N. T. V.; COSTA, A. M.; FALEIRO, F. G.; FERREIRA, M. E. Microsatellite marker development by partial sequencing of the sour passion fruit genome (*Passiflora edulis* Sims). **BMC Genomics**, v.18, p.1-19, 2017.

AUKAR, A. P. A., LEMOS, E. G. M., E OLIVEIRA, J. C. Genetic variations among passion fruit species using RAPD markers. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 24, n.3, p.738-740, 2002.

BELLON, G. Filogenia, variabilidade genética e caracterização de *Passiflora* silvestres, comerciais e híbridos interespecíficos como fontes de resistência a doenças (Dissertação de Doutorado, Universidade de Brasília, Brasília, Brasil), 2014.

BELLON, G.; FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, K. P.; JUNQUEIRA, N. T. V.; SANTOS, E. C.; BRAGA, M. F.; GUIMARÃES, C. T. Variabilidade genética de acessos silvestres e comerciais de *Passiflora edulis* Sims. com base em marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.29, n.1, p.124-127, 2007.

BERNACCI, L. C.; VITTA, F. A.; BAKKER, Y. V. **Passifloraceae**. In: WANDERLEY, M. G. L.; SHEPPERD, G. J.; GIULIETTI, A.M. (Eds.), Flora fanerogâmica do estado de São Paulo. São Paulo: Instituto de Botânica, p. 247-274, 2003.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, v.32, n.3, p.314-331, 1980.

CASTRO, A. P. G.; FALEIRO, F. G.; CARVALHO, D. D. C.; FONSECA, K. G.; VILELA, M. F.; JUNQUEIRA, N. T. V.; CARES, J.E. Genetic variability of *Passiflora* spp. from commercial fields in the Federal District, Brazil. **Ciência Rural**, v.41, n.6, p.996-1002, 2011.

CERQUEIRA-SILVA, C. B. M.; CARDOSO-SILVA, C. B.; SANTOS, E. S. L., CONCEIÇÃO, L. D. H. C. S.; PEREIRA, A. S.; OLIVEIRA, A. C.; CORRÊA, R. X. Genetic diversity in wild species of passion fruit (*Passiflora trintae*) based on molecular markers. **Genetics and Molecular Research**, v.9, n.4, p.2123-2130, 2010.

CERQUEIRA-SILVA, C. B. M.; MOREIRA, C. N.; FIGUEIRA, A. R.; CORRÊA, R. X.; OLIVEIRA, A. C. Detection of a resistance gradient to passion fruit woodiness virus and selection of “yellow” passion fruit plants under field conditions. **Genetic Molecular Research**, v.7, n.4, p.1209-1216, 2008.

CERQUEIRA-SILVA, C. B., SANTOS, E. S. L., VIEIRA, J. G. P., MORI, G. M., JESUS, O. N., CORRÊA, R. X., SOUZA, A. P. New microsatellite markers for wild and commercial species of *Passiflora* (*Passifloraceae*) and cross-amplification. **Applications in Plant Sciences**, v.2, n.2, p. 1-5, 2014.

CERQUEIRA-SILVA, C.B.; SANTOS, E. S. L; SOUZA, A. M.; MORI, G. M.; OLIVEIRA, E. J.; CORRÊA, R. X.; SOUZA, A. P. Development and characterization of microsatellite markers for the wild South American *Passiflora cincinnata* (*Passifloraceae*). **American Journal of Botany**, v.99, n.4, p.170-172, 2012.

CHEN, X.; TEMNYKH, S.; XU, Y.; CHO, T.G.; McCOUCH, S.E.. Development of a microsatellite framework map providing genomewide coverage in rice (*Oryza sativa* L.). **TAG Theoretical and Applied Genetics**, v. 95, n. 4, p. 553–567, 1997.

CROCHEMORE, M. L.; MOLINARI, H. B. C.; VIEIRA, L. G. E. Genetic diversity in passion fruit (*Passiflora* spp.) evaluated by RAPD markers. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v.46, n.4, p.521-527, 2003.

CRUZ, C. D. Genes-A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

DOMANIÇ, N. O.; PREPARATA, F. P. A novel approach to the detection of genomic approximate tandem repeats in the levenshtein metric. **Journal of Computational Biology**, v.14, n.7, p.873-891, 2007.

FAJARDO, D.; ANGEL, F.; GRUM, M.; TOHME, J.; LOBO, M.; ROCA, W. M.; SANCHEZ, I. Genetic variation analysis of the genus *Passiflora* L. using RAPD markers. **Euphytica**, v.101, n.3, p.341-347, 1998.

FALEIRO, F.G. **Marcadores genético-moleculares aplicados aos programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102p.

FALEIRO, F.G; FALEIRO, A.S.G.; CORDEIRO, M.C.R.; KARIA, C.T. **Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do cerrado**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003 (Comunicado Técnico N° 92) 6p. MAPA. Proteção de cultivares.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. **Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro – Desafios da pesquisa**. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (Eds.) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, p.187-210, 2005.

FEUILLET, C.; MACDOUGAL, J. M. A new infrageneric classification of *Passiflora* L. (*Passifloraceae*). **Passiflora**, v.13, p.34-38, 2003.

HOLLELEY, C. E.; GEERTS, P. G. Multiplex manager 1.0: A cross-platform computer program that plans and optimizes multiplex PCR. **BioTechniques**, v.46, n.7, p.511-517, 2009.

IMIG, D. C.; MILWARD-DE-AZEVEDO, M. A.; CERVI, A. C. *Passifloraceae sensu stricto* de Minas Gerais, Brasil *Passifloraceae sensu stricto* from Minas Gerais, Brazil. **Rodriguésia**, v.69, n.4, p.1701-1735, 2018.

JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; FALEIRO, F. G.; PEIXOTO, J. R.; BERNACCI, L. C. **Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças.** In FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (EDS.), Maracujá: Germoplasma e melhoramento genético, v. 1, p.81-108. Planaltina, DF, Brazil: Embrapa Cerrados, 2005.

KROSNICK, S. E.; FORD, A. J.; FREUDENSTEIN, J. V. Taxonomic revision of *Passiflora* subgenus *Tetrapathea* including the monotypic genera *Hollrungia* and *Tetrapathea* (*Passifloraceae*), and a new species of *Passiflora*. **Systematic Botany**, v.34, p.375-385, 2009.

LIM, K. G.; KWONG, C. K.; HSU, L. Y.; WIRAWAN, A. Review of tandem repeat search tools: A systematic approach to evaluating algorithmic performance. **Briefing in Bioinformatics**, v.14, p.67-81, 2013.

LITT, M.; LUTY, J. A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. **The American Journal of Human Genetics**, v.44, n.3, p.397-401, 1989.

MÄDER, G.; ZAMBERLAN, P. M.; FAGUNDES, N. J. R.; MAGNUS, T.; SALZANO, F. M.; BONATTO, S. L.; FREITAS, L. B. The use and limits of ITS data in the analysis of intraspecific variation in *Passiflora* L. (*Passifloraceae*). **Genetics and Molecular Biology**, v.33, n.1, 99-108, 2010.

MARSHALL, T. C.; SLATE, J.; KRUIK, L. E. B.; PEMBERTON, J. M. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. **Molecular Ecology**, v.7, n.5, p.639-655, 1998.

MATSCHINER, M.; SALZBURGER, W. TANDEM: integrating automated allele binning into genetics and genomics workflows. **Bioinformatics**, v.25, n.15, 1982-3, 2009.

MELETTI, L. M. M.; SOARES-SCOTT, M. D.; BERNACCI, L. C. Caracterização fenotípica de três seleções de maracujazeiro-roxo (*Passiflora edulis* Sims). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.27, n.2, p.268-272, 2005.

MUSCHNER, V. C.; LORENZ, A. P.; CERVI, A. C.; BONATTO, S. L.; SOUZA-CHIES, T. T.; SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. A first molecular phylogenetic analysis of

Passiflora (*Passifloraceae*). **American Journal of Botany**, v.90, n.8, p.1229-1238, 2003.

OLIVEIRA, E. J.; PÁDUA, J. G.; ZUCCHI, M. I.; CAMARGO, L. E.; FUNGARO, M. H. P.; VIEIRA, M. L. C. Development and characterization of microsatellite markers from the yellow passion fruit (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*). **Molecular Ecology Notes**, v.5, n.2, 331-333, 2005.

OLIVEIRA, E. J. Desenvolvimento e uso de marcadores microssatélites para construção e integração de mapas genéticos de maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.) (Dissertação de doutorado, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil), 2006.

OLIVEIRA, J. DA S.; FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; VIANA, M. L. Genetic and morphoagronomic diversity of *Passiflora* spp. based on quantitative measurements of flowers and fruits. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.39, n.1, e-003, 2016.

OLIVEIRA, J. DA S.; FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; FONSECA, K. G.; ARAYA, S. Genetic Variability of *Passiflora* spp. based on ISSR and RAPD. **Asian Journal of Science and Technology**, v.10, n.1, p.9375-9378, 2019.

ORTIZ, D. C.; BOHÓRQUEZ, A.; DUQUE, M. C.; TOHME, J.; CUÉLLAR, D.; MOSQUERA, V. T. Evaluating purple passion fruit (*Passiflora edulis* Sims) genetic variability in individuals from commercial plantations in Colombia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.59, n.6, p.1089-1099, 2012.

PAIKRAO, H. M.; PATIL, A. S.; GAIKWAD, V. J.; DHORE, R. D.; AMBULKAR, K.; AHIRKAR, K.; BANDE, S. N. Comparative phylogenetic analysis of *Passiflora* based on protein marker chloroplast expressed glutamine synthetase (ncpGS) and ribosomal protein S4 (rpS4). **Journal of Advanced Bioinformatics Applications and Research**, v.1, p.1-6, 2010.

PAIVA, C. L.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; SILVA, R. N. O.; OLIVEIRA, E. J. Genetic diversity of the genus *Passiflora* using the Ward-MLM strategy. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.36, n.2, 381-390, 2014b.

PAIVA, C.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; FREITAS, J. C. O.; SILVA, R. N. O.; OLIVEIRA, E. J. Genetic variability assessment in the genus *Passiflora* by SSR marker. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v.74, n.3, p.355-360, 2014a.

PERÉZ, J. O.; D'EECKENBRUGGE, G. C. Morphological characterization in the genus *Passiflora* L.: An approach to understanding its complex variability. **Plant Systematics and Evolution**, v.303, n.4, p.531-558, 2017.

PLOTZE, R. O.; FALVO, M.; PÁDUA, J. G.; BERNACCI, L. C.; VIEIRA, M. L. C.; OLIVEIRA, G. C. X.; BRUNO, O. M. Leaf shape analysis using the multiscale Minkowski fractal dimension, a new morphometric method: a study with *Passiflora* (*Passifloraceae*). **Canadian Journal of Botany**, v.83, p.287-301, 2005.

POWELL, W.; MORGANTE, M.; ANDRE, C.; HANAFEY, M.; VOGEL, S.; TINGEY, S.; RAFALSKI, A. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. **Molecular Breeding**, v.2, n.3, p.225-238, 1996.

QUIRINO, T. R. **Agricultura e meio ambiente: tendência**. In M. A. SILVEIRA, S. L. O. VILELA (Eds.). *Globalização e sustentabilidade da agricultura*, v.15, p.109-138, Jaguariúna, Brazil: CNPMA, 1998.

RAMAIYA, S. D.; BUJANG, J. S.; ZAKARIA, M. H. Genetic diversity in *Passiflora* Species assessed by morphological and ITS sequence analysis. **The Scientific World Journal**, p.1-11, 2014.

SANTOS, L. F.; OLIVEIRA, E. J.; SILVA, A. S.; CARVALHO, F. M.; COSTA, J. L.; PÁDUA, J. G. ISSR markers as a tool for the assessment of genetic diversity in *Passiflora*. **Biochemical Genetics**, v.49, 540-554., 2011.

SAMBROOK, J.; FRITSH, E. F.; MANIATIS, T. **Molecular Cloning – A Laboratory Manual**. 2.ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory, 1987. p. E.3-E.4.

SAS Institute Inc. (2008). **SAS user's guide: Statistic (Version 9.1.3)**. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc.

SEGURA, S.; D'EECKENBRUGGE, C. G.; BOHORQUEZ, A.; OLLITRAULT, P.;

TOHME, J. An AFLP diversity study of the genus *Passiflora* focusing on subgenus Tacsonia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.49, n.2, p.111-123, 2002.

SEGURA, S.; D'EECKENBRUGGE, C. G.; LÓPEZ, L.; GRUM, M.; GUARINO, L. Mapping the potencial distribution of five species of *Passiflora* in Andean countries. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.50, n.6, p.555-566, 2003.

StatSoft Inc. (2005). **Statistica for Windows (data analysis software system) (Version 7.1)**. Tulsa, Oklahoma: StatSoft Inc. Disponível em <http://www.statsoft.com>

ULMER, T.; MACDOUGAL, J.M. **Passiflora: Passion flowers of the world**. Portland: Timber Press, 2004.

VANDERPLANK, J. **Passion flowers**. Cambridge: MIT Press, 1996.

VIANA, A. J. C.; SOUZA, M. M.; ARAÚJO, I. S.; CORRÊA, R. X.; AHNERT, D. Genetic diversity in *Passiflora* species determined by morphological and molecular characteristics. **Biologia Plantarum**, v.54, n.3, p.535-538, 2010.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; SOUZA, M. M.; MALDONADO, J. F. M.; AMARAL, A. T. Genetic diversity among yellow passion fruit commercial genotypes and among *Passiflora* species using RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.25, n.3, p.489-493, 2003.

YOCKTENG, R.; NADOT, S. Phylogenetic relationships among *Passiflora* species based on the glutamine synthetase nuclear gene expressed in chloroplast (npsGS). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v.31, n.1, p.379-396, 2004.

CAPÍTULO 2 - RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E PRODUTIVIDADE INICIAL DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJAZEIRO

RESUMO

A utilização da variabilidade genética presente nas espécies silvestres para resistência a doenças nos programas de melhoramento de maracujazeiro torna-se possível através de hibridações interespecíficas, seguidas de ciclos de retrocruzamentos. Neste trabalho, objetivou-se avaliar a resistência à antracnose e produtividade inicial de híbridos multiespecíficos obtidos a partir de cruzamentos envolvendo 5 espécies de *Passiflora* seguidos por retrocruzamentos com genótipos comerciais de *P. edulis* “amarelo” em condições de campo no Distrito Federal. O experimento foi instalado no delineamento de blocos casualizados, com nove tratamentos, 4 repetições e 3 plantas por repetição. Foram realizadas avaliações de componentes primários de produtividade e características relacionadas à resistência à antracnose. Realizou-se análises de variância e estimativa de parâmetros genéticos com o auxílio do programa Selegen-REML/BLUP. Observou-se maior estimativa de ganho para número de frutos (19,92%) e maior redução para lesão no ramo (-29,20%). Ganhos satisfatórios foram obtidos para os demais caracteres avaliados. Plantas das progênies de híbridos tetraespecíficos PL3 x GA, PL5 x LD4 e PL2 x LD4 obtiveram melhores médias preditas, apresentando melhores resultados em relação aos híbridos biespecíficos e cultivares comerciais. As espécies silvestres mostraram elevado potencial para o melhoramento genético do maracujazeiro. As plantas superiores às cultivares BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado foram clonadas para serem avaliadas em novos ciclos de seleção e recombinação.

Palavras chave: *Passiflora edulis* Sims, espécies silvestres, resistência a doenças.

ABSTRACT

The use of genetic variability present in wild species for disease resistance in passion fruit breeding programs is possible through interspecific hybridizations, followed by backcrossing cycles. In this work, the objective was to evaluate the resistance to anthracnose and initial productivity of multispecific hybrids obtained from crosses

involving 5 species of *Passiflora* followed by backcrosses with commercial genotypes of *P. edulis* "yellow" under field conditions in the Federal District. The experiment was installed in a randomized block design, with nine treatments, 4 repetitions and 3 plants per repetition. Evaluations of primary productivity components and traits related to anthracnose resistance were carried out. Analysis of variance and estimation of genetic parameters were performed with the aid of the Selegen-REML / BLUP program. A higher estimate of gain was observed for the number of fruits (19.92%) and a greater reduction for injury in the branch (-29.20%). Satisfactory gains were obtained for the other evaluated traits. Plants of the progenies of tetra-specific hybrids PL3 x GA, PL5 x LD4 and PL2 x LD4 had better predicted means, presenting better results in relation to bispecific hybrids and commercial cultivars. The wild species showed high potential for the genetic improvement of passion fruit. Plants superior to the BRS Gigante Amarelo and BRS Sol do Cerrado cultivars were cloned to be evaluated in new selection and recombination cycles.

Key-words: *Passiflora edulis* Sims, wild species, disease resistance.

2.1 INTRODUÇÃO

No Brasil, as doenças e pragas constituem-se nos principais fatores que ameaçam a expansão e diminuem a produtividade dos cultivos de maracujá-azedo, provocando prejuízos expressivos e preceituando os produtores a usarem defensivos agrícolas de forma indiscriminada (BOUZA et al., 2014). As principais doenças que afetam a cultura do maracujazeiro são a bacteriose (causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*), a murcha de fusário (causada por *Fusarium oxysporum* f.sp. *passiflorae*), a virose do endurecimento dos frutos (causada por *Passionfruit woodiness virus* – PWV ou *Cowpea aphid-borne mosaic virus* – CABMV) e a antracnose (causada pelo fungo *Colletotrichum gloeosporioides*). Tais doenças, favorecidas por condições edafoclimáticas favoráveis, não podem ser controladas de forma eficaz pelos métodos curativos (JUNQUEIRA et al., 2006).

O fungo *C. gloeosporioides* possui uma ampla gama de hospedeiros, infectando mangueira, goiabeira, cajueiro, mamoeiro, jaqueira, certas anonáceas como pinha, biriba, condessa, cherimóia e fruteiras do grupo das Spondias como cajazeira, cajarana, umbu e seriguela (MENEZES, 2002). No Brasil, esta doença

constitui ainda um dos mais sérios problemas pós-colheita do maracujazeiro, pois pode até mesmo penetrar pela superfície intacta dos frutos e provocar lesões ou manchas escuras na casca, o que prejudica sua aparência e, conseqüentemente, sua comercialização (SANTOS FILHO; SANTOS, 2003). Além dos frutos, todos os demais órgãos aéreos da planta, como folhas, botões florais, gavinhas e ramos podem ser infectados. As lesões no limbo foliar provocam coalescência causando grande queda de folhas (GOES, 1998). Nos ramos e gavinhas afetados são produzidas manchas pardo-escuras de 4 a 6 mm que, posteriormente, se transformam em cancrios, expondo os tecidos lesionados (GOES, 1998). Nos experimentos conduzidos por Junqueira et al. (2006), o *C. gloeosporioides* foi o agente responsável pela morte precoce das plantas, antes mesmo do plantio completar dois anos de idade. Ainda que não haja registro de cultivares de maracujá com imunidade à antracnose, estudos realizados no Distrito Federal mostraram certo grau de resistência da cultivar Roxo-australiano na fase de pós-colheita, quando comparada com as variedades Maguari, Marília e Vermelho (JUNQUEIRA et al., 2003). Um maior nível de resistência à antracnose já foi relatado também nas cultivares BRS Rubi do Cerrado, BRS Sol do Cerrado e BRS Ouro Vermelho (BELLON, 2014).

A grande variabilidade do patógeno (MARTINS et al., 2007) associada ao reduzido número de cultivares disponíveis para os agricultores implica numa maior vulnerabilidade dos cultivos às doenças as quais, em conjunto, depreciam a qualidade do fruto e reduzem a produtividade e a longevidade da cultura. A utilização da variabilidade genética presente nas espécies silvestres para aproveitamento de características de interesse, como resistência à doenças, nos programas de melhoramento torna-se possível através de hibridações interespecíficas (JUNQUEIRA et al., 2005). Algumas espécies silvestres podem contribuir consideravelmente para o melhoramento genético por apresentarem resistência a doenças ou pragas além de outras características de interesse (FURHMMAN, 2014; BELLON, 2014). Várias delas têm sido citadas como potenciais fontes de resistência que podem contribuir para o controle de doenças causadas por fungos, bactérias e por alguns vírus (JUNQUEIRA et al., 2005; FUHRMANN et al., 2014).

O objetivo deste trabalho foi avaliar a resistência à antracnose sob ocorrência de inóculo natural no campo e produtividade inicial de progênies de irmãos completos de híbridos multiespecíficos obtidos a partir de cruzamentos envolvendo 5 espécies do gênero *Passiflora* seguidos por retrocruzamentos com genótipos comerciais de *P. edulis*, em condições de campo no Distrito Federal.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

Os híbridos multiespecíficos analisados no presente estudo foram obtidos por meio de cruzamentos envolvendo 5 espécies de maracujazeiro pertencentes ao banco de germoplasma Flor da Paixão, da Embrapa Cerrados (*P. hatschbachii*, *P. caerulea*, *P. quadrifaria*, *P. incarnata* e *P. edulis* “flavicarpa”; Figura 1). Os cruzamentos interespecíficos foram seguidos de retrocruzamentos utilizando sempre como genitor recorrente matrizes comerciais de *P. edulis* (GA e LD4). Trabalhos prévios de seleção nestas populações foram realizados para seleção de plantas de acordo com o desempenho agrônômico (dados não publicados). As matrizes GA e LD4 são utilizadas como genitoras recorrentes foram utilizadas como genitoras na obtenção das cultivares BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado, respectivamente.



Figura 1. *P. hatschbachii* (a), *P. quadrifaria* (b), *P. incarnata* (c), *P. aff. amethystina* “macrocarpa” (d), *P. caerulea* (e), *P. edulis* “flavicarpa”. Foto: Nilton T. V. Junqueira

Ao todo, 6 progênies de híbridos multiespecíficos foram obtidas. Como testemunhas foram avaliadas duas cultivares comerciais (BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado) e um tipo comum cultivado, totalizando 9 progênies avaliadas (Tabela 1).

Tabela 1. Relação de cultivares e híbridos multiespecíficos de maracujazeiro azedo (irmãos completos) avaliadas e suas respectivas origens genéticas, Brasília, 2017.

Pi	Híbrido	Origem genética
1	BRS Gigante Amarelo	<i>P. edulis</i>
2	BRS Sol do Cerrado	<i>P. edulis</i>
3	325 x LD4*	<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i> (RC ₅)
4	PL3 x GA*	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₃)
5	LD4 x PL5	<i>P. edulis</i> x [(<i>hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] (RC ₂)
6	PL4 x GA*	<i>P. edulis</i> x <i>P. incarnata</i> (RC ₃)
7	PL2 x LD4*	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₃)
8	PL5 x LD4*	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₂)
9	Tipo local (sem identidade)	<i>P. edulis</i>

Pi.: número da progênie. RC: retrocruzamento; *GA e LD4: matrizes utilizadas como genitoras na obtenção das cultivares BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado, respectivamente.

O experimento foi implantado em agosto de 2016 na área experimental da Embrapa Cerrados, em Planaltina-DF, situada a 15°36'19" de latitude Sul e 47°42'40" de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, em um latossolo vermelho distrófico típico, argiloso. A área está inserida no domínio morfoclimático do Cerrado, com clima tropical estacional (Aw) (NIMER, 1989).

As plantas foram obtidas via sementes em sacos de polietileno preto com capacidade para 1,2 L de substrato contendo a mistura de solo, areia e esterco na proporção 4:1:1, acrescida de calcário dolomítico e adubo 4-14-8. Após 30 dias realizou-se o desbaste deixando uma planta por vaso e aplicou-se 4 gramas de fertilizante de liberação lenta, na formulação 14:14:14. O plantio definitivo em campo foi realizado após 95 dias da semeadura. Para adubação da cova utilizou-se 5L de esterco de galinha poedeira, 500 g de superfosfato simples e 50 g de calcário dolomítico. A adubação de cobertura foi composta de 50g de cloreto de potássio e 50g de sulfato de amônia, mensalmente. Realizou-se o controle de formigas com três aplicações quinzenais de fipronil na dosagem 1ml/L e o manejo de plantas daninhas foi feito por meio de capinas manuais e aplicação de herbicida nas entrelinhas.

O ensaio foi conduzido em espaldeiras verticais de 1,80 metros em altura e

mourões distanciados 5 metros com 2 fios de arame liso na altura 1,4 e 1,8 metros, em relação ao solo. As plantas foram conduzidas em haste única, tutoradas por barbante até o arame. As mudas do tipo “Mudão” (SOUZA et al., 2014) foram implantadas em campo de acordo com o sistema preconizado por Junqueira et al. (2006), irrigadas por gotejamento, sendo um gotejador de vazão de quatro litros/hora/planta. O volume de água aplicado por planta inicialmente, foi de quatro litros por planta a cada dois dias, passando para 32 litros por planta quando estas entraram em produção plena. O espaçamento utilizado foi de 2,0 metros entre plantas e 3,0 metros entre fileiras. Não foram realizados o controle fitossanitário de doenças e nem foram aplicados fertilizantes foliares.

O delineamento experimental foi em blocos casualizados com 9 tratamentos (9 progênies), 4 repetições e 3 plantas úteis por repetição. Realizou-se o plantio das mudas em agosto de 2016 e as colheitas efetuadas durante o mês de janeiro a março de 2017. Avaliaram-se produtividade estimada (PROD) na primeira floração, número de frutos por planta (NF) na primeira floração, área lesada no fruto (LF), índice de desfolhamento (DESF) (Figura 4-A) e percentual de área lesada no ramo principal (LR) (Figura 5-B). As avaliações de resistência à antracnose foram feitas em junho de 2017, utilizando a metodologia proposta por Junqueira et al. (2006), na qual estimou-se o percentual de área lesada nos ramos conforme escala apresentada na Figura 5A, percentual de desfolhamento e de área lesada nos frutos pela antracnose. A condução, caracterização e avaliação das progênies ocorreram em experimento desbalanceado devido a morte de plantas ocasionada por doenças.

Os dados foram analisados com auxílio do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE e DUARTE, 2007). A análise seguiu o modelo estatístico $y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados a média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

Os seguintes componentes de variância foram estimados (REML individual):

σ_a^2 : variância genética aditiva

h_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos

$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2}$, em que σ_f^2 é a variância fenotípica.

h_{mp}^2 : herdabilidade da média das progênies $\rightarrow h_{mp}^2 = (0,25 \sigma_a^2) / [0,25 \sigma_a^2 + \sigma_p^2 /$

$b + (0,75 \sigma_a^2 + \sigma_e^2) / nb$]; em que b é o número de blocos; n é o número de parcelas; σ_a^2 é a variância genética aditiva; σ_p^2 é a variância genética entre progênies; e σ_e^2 é a variação ambiental.

Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies ($Ac_{prog} = \sqrt{h_{mp}^2}$)

Média: média geral do experimento $h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$

onde σ_a^2 = variância genética aditiva; e σ_e^2 = variância genética residual. Sendo seus resultados interpretados por herdabilidades de alta magnitude tendo $h_a^2 \geq 0,50$, herdabilidades de média magnitude $0,15 \leq h_a^2 < 0,50$ e herdabilidades de baixa magnitude, onde $h_a^2 < 0,15$.

Os dados originais de NF e PROD foram transformados para $\sqrt{x + 1}$ e de LR, LF e DESF para \sqrt{x} apresentando-se as médias originais.

Com base nos resultados de resistência à antracnose e produtividade, foi obtido um ranking das 10 melhores plantas (Top 10).



Figura 5-A. Lesões (antracnose) em ramos. **Figura 5-B.** Planta com aproximadamente 50% de desfolhamento. Fonte. Nilton Junqueira e Mara Grisi.

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

2.3.1 Estimativas de parâmetros genéticos pelo método de modelos mistos

As estimativas de herdabilidade individual h_a^2 variaram de 0,01 a 0,33 (Tabela 2). A herdabilidade individual para todos os caracteres foi baixa, com exceção de LR (moderada: 0,33, Tabela 2). Os maiores valores ocorreram para os caracteres LR e DESF (0,33 e 0,19, respectivamente, Tabela 2). A magnitude da herdabilidade demonstra a importância de se realizar a seleção de genótipos baseando-se em seus valores genéticos preditos e não em valores fenotípicos observados (OLIVEIRA, 2012).

Diferentes trabalhos de avaliação de progênies de maracujá azedo também apresentaram estimativas de baixa herdabilidade individual para os caracteres NF (ROCHA, 2014; FREITAS, 2014; SILVA et al., 2017) e PROD (FREITAS, 2014; SILVA et al., 2016; SILVA et al., 2017). Existem poucos trabalhos disponíveis de avaliação de antracnose em progênies de maracujá visando a seleção de progênies que abordam a estimação dos componentes de variância e fornecem informações com relação a herdabilidade. Os trabalhos existentes fornecem resultados de alta incidência e severidade da doença (BOUZA et al., 2009; JUNQUEIRA et al., 2003; COLLATO, 2010) em progênies obtidas por cruzamentos interespecíficos ou intraespecíficos bem como em progênies de cultivares comerciais. O que se observa, na maioria das vezes, são altos valores obtidos de coeficiente de variação, o que é esperado em experimentos com estes tipos de população e, portanto, dificultam a obtenção da estimativa da herdabilidade. Por esta razão, neste trabalho, optou-se pela utilização do método REML/BLUP.

Tabela 2. Estimativas dos componentes variância entre progênies de irmãos completos de maracujá azedo, variância genotípica individual (σ_a^2), variância fenotípica individual (σ_f^2), herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2), herdabilidade da média de progênies (h_{mp}^2), acurácia da seleção de progênies (Acprog) e média geral da população obtidas pelo procedimento REML, para 5 características avaliadas em 6 progênies de híbridos multiespecíficos de maracujá azedo e 3 cultivares comerciais. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

Componente de variância	NF (g)	PROD (ton-1 ha-1)	LF (%)	LR (%)	DESF (%)
σ_a^2	0,18	0,007	0,0002	0,01	0,001
σ_f^2	3,69	1,03	0,01	0,06	0,016

Tabela 2. Continuação

h^2_a	0,10	0,01	0,03	0,33	0,19
h^2_{mp}	0,39	0,07	0,18	0,71	0,56
A_{cprog}	0,62	0,28	0,42	0,84	0,74
Média	15,21	5,06	16,09	43,43	71,44

NF: número de fruto; PROD: produtividade; LF: lesão no fruto; LR: lesão no ramo; DESF: desfolha.

As estimativas de h^2_{mp} variaram de 0,07 a 0,71 (Tabela 2). Os maiores valores foram obtidos para LR (alta: 0,71), DESF (alta: 0,56) e NF (moderada: 0,39). A seleção feita com base nas informações das progênies é mais efetiva nestes casos. Viana et al. (2004), Moraes et al. (2005) e Santos et al. (2015) encontraram valores maiores de h^2_{mp} para NF (0,87, 0,92 e 0,82, respectivamente) em populações de maracujá azedo. O NF é um caractere de extrema importância para o melhoramento uma vez que está diretamente relacionado a produtividade. Santos et al. (2008) avaliaram 75 progênies de meio-irmão de maracujá azedo quanto ao vigor e incidência de verrugose, doença, também fúngica, que provoca sérios danos a cultura do maracujá. Os valores de herdabilidade estimada encontrados pelos autores foram de 9,49 e 20,77% para vigor da planta e resistência a verrugose, respectivamente. Altos valores de herdabilidade podem ocorrer em caracteres de pequena variância genética aditiva, desde que a influência do ambiente no caráter seja pequena (NEVES, 2006; GONÇALVES et al., 2007).

Os menores valores de h^2_{mp} , 0,07 e 0,18 foram estimados para PROD e LF, respectivamente (Tabela 2). Os estimadores BLUP são recomendados para caracteres de baixa herdabilidade e trazem valores consideráveis de ganho genético na seleção de indivíduos (FERREIRA et al., 2016). A herdabilidade pode variar de acordo com o caractere avaliado, o método de estimação, a diversidade na população, a unidade experimental considerada, o tamanho da amostra avaliada, o nível de endogamia da população, o número e tipos de ambientes considerados e a precisão na condução do experimento e na coleta de dados (HALLAUER E MIRANDA FILHO, 1988; BORÉM, 2005). Assim, estas estimativas não devem ser extrapoladas para outras populações (SANTOS et al., 2015).

Os valores de acurácia variaram de 0,28 a 0,84, sendo considerados valores de baixa a alta magnitude (Tabela 2). De acordo com Resende e Duarte (2007), este parâmetro refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos. Esta estatística varia de 0 a 1, e pode ser classificada como muito alta ($\check{r}_{gg} \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq \check{r}_{gg} < 0,90$), moderada ($0,50 \leq \check{r}_{gg} < 0,70$) e baixa ($\check{r}_{gg} < 0,50$). Os valores de acurácia para LR (0,84) e DESF (0,74) foram altos. De acordo com Santos et al. (2015), valores de acurácia maiores que 0,70 são suficientes para propiciar uma inferência precisa sobre o valor genético das progênies. Para NF o valor de acurácia foi moderado de 0,62 e para PROD e LF os valores foram baixos de 0,28 e 0,42, respectivamente (Tabela 2).

2.3.2 Seleção genotípica individual e seleção de progênies via BLUP

Os 20 melhores indivíduos foram identificados para todos os caracteres avaliados de acordo com os ganhos genéticos preditos e as novas estimativas das médias (Tabela 3). O valor genético predito diz respeito ao valor genético observado sem o efeito ambiental (OLIVEIRA, 2012). O ganho genético estimado equivale ao valor genético predito para o genótipo selecionado, e a nova média refere-se a média geral somada ao ganho genético (SANTOS et al., 2015). Para os caracteres LF, LR e DESF consideram-se os melhores indivíduos aqueles que possuem os menores valores estimados de ganho (Tabela 3).

Comparando-se as novas médias preditas com a média geral da população, observou-se maiores estimativas de ganho para os caracteres NF (19,92%) e LR (-29,20%; desejável) (Tabela 3). Ganhos menores, porém, satisfatórios, foram obtidos para os caracteres PROD (2,24%), LF (-3,08%) e DESF (-5,92%) (Tabela 3).

Observa-se que a produtividade estimada foi baixa, variando de 5,05 a 5,12 t ha⁻¹ entre os 20 indivíduos selecionados. Vale ressaltar que a produtividade foi estimada com dados do primeiro pico de produção, ou seja, da produção inicial, e que, além disso, não houve controle fitossanitário. Assim, a alta incidência de doenças, principalmente da antracnose, acarretou esta baixa produtividade.

Plantas da progênie PL3 x GA obtiveram melhores médias preditas para os caracteres NF (18,24 frutos), PROD (5,17 ton/ha) e LR (30,75%) (Tabela 3). Esta progênie é resultado do cruzamento envolvendo 4 espécies (*P. hatschbachii*, *P.*

quadrifaria, *P. incarnata* e *P. edulis* – híbrido tetraespecífico), e está em fase inicial de retrocruzamento (RC₂). Os acessos de *P. hatschbachii*, *P. quadrifaria* e *P. incarnata*, utilizados como parentais neste trabalho, apresentam espessura e casca fina (média de 0,45, 0,20 e 0,45cm, respectivamente). Este caractere é considerado importante para os programas de melhoramento de maracujá, uma vez que, quando desenvolvido para a agroindústria, o fruto precisa ter casca fina e cavidade interna completamente preenchida, o que confere maior rendimento de suco (FALEIRO et al., 2005). Entre as três espécies silvestres utilizadas como genitoras na obtenção desta progênie, a *P. incarnata* é a mais estudada, havendo, portanto, mais informações com relação a resistência a doenças. De acordo com Faleiro et al. (2005), esta espécie apresenta resistência a doenças e pragas, longevidade, maior adaptação a condições climáticas adversas, período de florescimento ampliado, maior concentração de componentes químicos interessantes para indústria farmacêutica. Oliveira et al. (1994) também observaram, em acessos desta espécie, resistência ao vírus do mosaico do maracujá roxo.

Souza et al. (2020) caracterizaram iniciadores RGA (*Resistente Genes Análogas*), em acessos de 79 espécies do gênero e 12 variedades, entre eles acessos de *P. incarnata* e *P. quadrifaria* também utilizados como genitores no presente estudo. Os marcadores RGA possuem regiões conservadas podendo representar sítios de relevância biológica na expressão fenotípica dos genes de resistência (BENT, 1996). Os autores encontraram um total de 10 combinações de primers que geraram produtos de amplificação tanto em *P. incarnata* como em *P. quadrifaria*, com potencial, portanto para identificar sequências relacionadas a genes de resistência a doenças nestas espécies. Grisi et al. (2019) objetivando caracterizar híbridos multiespecíficos e materiais silvestres de *Passiflora* através de marcadores SSR observaram que acessos de *P. hatschbachii*, *P. quadrifaria* e *P. incarnata* (os mesmos acessos utilizados neste trabalho como genitores na obtenção da progênie PL3 x GA) pertencem ao mesmo grupo de similaridade genética.

Para NF e PROD também destacou-se a progênie 325 x LD4 (progênie 3, Tabela 1) com médias preditas de 17,41 frutos e 5,17 ton/ha, respectivamente (Tabela 3). Esta progênie é resultado de cruzamentos envolvendo as espécies *P. caerulea* e *P. edulis* (híbrido biespecífico). A espécie *P. caerulea* é considerada como promissora fonte de resistência à *Xanthomonas axonopodis* p. *passiflorae* (OLIVEIRA E RUGGIERO, 1998, FALEIRO et al., 2005). O genitor feminino (325) é uma matriz

selecionada por Fuhrmann et al. (2014) por se destacar, entre progênies de híbridos interespecíficos, como o genótipo mais resistente à bacteriose, com maiores médias de MF (210,04g) e massa de polpa com semente (93,89g), e SST desejável (13,2°Brix). Já o genitor masculino, LD4, é uma matriz utilizada como genitora na obtenção da cultivar BRS Sol do Cerrado com predominância de flores com 4 estigmas e 4 carpelos.

Plantas das progênies PL5 x LD4 e BRS Sol do Cerrado obtiveram as melhores médias preditas para LF (15,68% e 15,59%, respectivamente; Tabela 3). A progênie PL5 x LD4 é resultado do cruzamento envolvendo as espécies *P. hatschbachii*, *P. quadrifaria*, *P. incarnata* e *P. edulis* e está em fase inicial de retrocruzamento (RC₂).

Finalmente, para DESF, plantas da progênie PL2 x LD4 apresentaram melhores médias preditas, de até 63,16% (redução de 5,92%; Tabela 3). Esta progênie também é resultado de cruzamentos envolvendo as espécies *P. hatschbachii*, *P. quadrifaria*, *P. incarnata* e *P. edulis*. De todos os sintomas de antracnose avaliados, o desfolhamento foi o mais severo.

Nota-se que indivíduos das progênies de híbridos tetraespecíficos foram superiores, para todos os caracteres avaliados, em relação às progênies de híbridos biespecíficos (Tabela 3). Além disso, observa-se que a matriz LD4, quando utilizada como genitor masculino leva a melhores resultados de ganho do que quando utilizada como genitor feminino. A obtenção de diferentes fontes de resistência advindas de um maior número de espécies utilizadas na obtenção destas progênies é uma possível causa dos resultados encontrados. As plantas que se destacaram na seleção individual foram clonadas para serem utilizadas nos próximos ciclos de retrocruzamento e recombinação.

Tabela 3. Estimativas de ganho genéticos percentuais e novas médias preditas estimada via REML/BLUP obtidos pelas 20 melhores plantas de uma população de maracujá azedo selecionadas para os caracteres número de frutos por planta (NF), produtividade estimada na primeira floração (PROD) em ton ha⁻¹, lesão no fruto (LF) em porcentagem, lesão no ramo (LR) em porcentagem e desfolhamento (DESF), em porcentagem. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

#	NF		PROD (ton ha ⁻¹)		LF %		LR %		DESF %	
	Ganho (%)	Nova Média / Pi	Ganho (%)	Nova Média / Pi	Ganho (%)	Nova Média / Pi	Ganho (%)	Nova Média / Pi	Ganho (%)	Nova Média / Pi
1	19,92	18,24 / 4	2,24	5,17 / 4	-3,08	15,59 / 2*	-29,20	30,75 / 4	-5,92	63,16 / 7
2	14,44	17,41 / 3	2,08	5,17 / 3	-2,54	15,68 / 8	-28,75	30,94 / 4	-5,27	64,07 / 2*
3	12,21	17,07 / 4	1,31	5,13 / 4	-2,28	15,72 / 2*	-24,69	32,71 / 4	-5,00	64,44 / 3
4	10,87	16,86 / 4	1,16	5,12 / 3	-1,87	15,79 / 2*	-24,51	32,79 / 2*	-4,65	64,93 / 2*
5	9,45	16,65 / 4	1,14	5,12 / 4	-1,72	15,81 / 5	-23,95	33,03 / 4	-4,49	65,15 / 7
6	7,48	16,35 / 6	0,92	5,11 / 4	-1,72	15,81 / 2*	-18,66	35,33 / 7	-4,42	65,25 / 7
7	6,27	16,16 / 9	0,91	5,11 / 6	-1,69	15,82 / 5	-18,49	35,40 / 1*	-4,37	65,32 / 8
8	5,63	16,07 / 3	0,53	5,09 / 3	-1,56	15,84 / 8	-16,66	36,20 / 3	-4,08	65,72 / 7
9	4,38	15,88 / 3	0,52	5,09 / 7	-1,26	15,89 / 5	-11,80	38,30 / 6	-3,84	66,06 / 2*
10	4,20	15,85 / 7	0,49	5,08 / 6	-1,05	15,92 / 8	-11,31	38,52 / 7	-3,57	66,45 / 1*
11	3,84	15,79 / 1*	0,48	5,08 / 3	-0,51	16,01 / 6	-8,52	39,73 / 6	-3,55	66,46 / 4
12	2,05	15,52 / 3	0,36	5,08 / 1*	-0,18	16,06 / 8	-6,26	40,71 / 2	-2,95	67,31 / 4
13	1,79	15,48 / 9	0,20	5,07 / 6	-0,15	16,07 / 5	-6,10	40,78 / 8	-2,82	67,49 / 6

Tabela 3. Continuação

14	1,14	15,38 / 6	0,13	5,07 / 6	-0,13	16,07 / 9*	-6,03	40,81 / 2*	-2,63	67,76 / 3
15	1,10	15,38 / 1*	0,09	5,06 / 1*	0,15	16,11 / 3	-5,08	41,22 / 8	-1,60	69,20 / 3
16	0,44	15,28 / 1*	0,01	5,06 / 2*	0,15	16,11 / 9	-3,07	42,10 / 1*	-0,93	70,14 / 2*
17	0,30	15,26 / 6	0,00	5,06 / 1*	0,23	16,13 / 9	-1,77	42,66 / 1*	-0,80	70,33 / 1*
18	0,23	15,24 / 1*	-0,02	5,06 / 1*	0,23	16,13 / 3	-1,59	42,74 / 3	-0,18	71,19 / 3
19	-0,45	15,14 / 6	-0,02	5,06 / 9	0,33	16,14 / 3	-1,38	42,83 / 7	0,83	72,60 / 6
20	-1,92	14,92 / 9	-0,10	5,05 / 2*	0,36	16,15 / 3	-1,18	42,92 / 2*	0,83	72,60 / 6

#: ordem; Pi: número da progênie a qual o indivíduo pertence: 1- BRS Gigante Amarelo, 2- BRS Sol do Cerrado, 3- 325 x LD4, 4- PL3 x GA, 5- LD4 X PL5, 6- PL4 X GA, 7- PL2 X LD4, 8- PL 5 X LD4, 9-Tipo Local. *testemunhas

Os ganhos obtidos pela seleção de progênies (Tabelas 4) foram consideravelmente menores do que os obtidos através da seleção individual. A progênie PL3 x GA destacou-se com maior ganho para NF (9,71%), PROD (1,04%) e LR (-20,33%). A progênie LD4 x PL5 apresentou maior ganho em relação as demais progênies para LF (-0,33%). A progênie PL2 x LD4 obteve maior ganho para DESF (-1,81%).

Tabela 4. Ordenação de 6 progênies de híbridos multiespecíficos de maracujá-azedo e 3 cultivares quanto aos ganhos genéticos e novas médias preditas estimada via REML/BLUP para os caracteres número de frutos (NF), produtividade estimada (PROD) na primeira floração em ton/ha, lesão nas folhas (LF) em porcentagem, lesão nos ramos (LR) em porcentagem e índice de desfolhamento (DESF) em porcentagem. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

#	NF		PROD		LF		LR		DESF	
	Ganho (%)	Nova Média / Pi	Ganho (%)	Nova Média / Pi	Ganho (%)	Nova Média / Pi	Ganho (%)	Nova Média / Pi	Ganho (%)	Nova Média / Pi
1	9,71	16,69 / 4	1,04	5,11 / 4	-0,33	0,16 / 5	-20,33	0,35 / 4	-1,81	0,70 / 7
2	4,91	15,96 / 3	0,79	5,10 / 3	-0,33	0,16 / 8	-8,33	0,40 / 2*	-1,33	0,70 / 2*
3	1,57	15,45 / 6	0,32	5,08 / 6	-0,33	0,16 / 2*	-4,33	0,42 / 7	-1,33	0,70 / 3
4	1,04	15,37 / 1*	0,08	5,06 / 1*	0,00	0,16 / 1*	-2,17	0,42 / 3	-0,24	0,71 / 8
5	0,38	15,27 / 9	-0,07	5,06 / 2*	0,00	0,16 / 3	-0,17	0,43 / 6	-0,24	0,71 / 1*
6	-2,29	14,86 / 7	-0,22	5,05 / 7	0,00	0,16 / 6	-0,17	0,43 / 1*	-0,24	0,71 / 4
7	-2,44	14,84 / 2*	-0,37	5,04 / 9*	0,00	0,16 / 4	1,83	0,44 / 8	0,24	0,72 / 6
8	-5,89	14,31 / 5	-0,68	5,03 / 5	0,00	0,16 / 9*	13,83	0,49 / 9*	1,93	0,73 / 5
9	-6,99	14,15 / 8	-0,88	5,02 / 8	0,33	0,16 / 7	20,00	0,52 / 5	2,89	0,74 / 9*

#: ordem, Pi: número da progênie a qual o indivíduo pertence: 1- BRS Gigante Amarelo, 2- BRS Sol do Cerrado, 3- 325 x LD4, 4- PL3 x GA, 5- LD4 X PL5, 6- PL4 X GA, 7- PL2 X LD4, 8- PL 5 X LD4, 9- Tipo Local. *testemunhas

Ao considerar a seleção simultânea para os caracteres massa de fruto (MF), número de frutos por planta (NF), índice de desfolhamento por antracnose (DESF) e área lesada no ramo principal (LR) das 10 melhores plantas (TOP 10) dentro de progênies avaliadas, a progênie 325 x LD4 se destacou com uma planta superior, seguida por uma planta da progênie PL2 x LD4 e três plantas da progênie PL3 x GA (Tabela 5). Essas plantas foram selecionadas e utilizadas como matrizes para continuidade dos ciclos de retrocruzamento e recombinação. Plantas das progênies

testemunhas BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado ficaram e 8^a e 10^a posição entre as TOP10.

Tabela 5. Seleção simultânea para os caracteres massa de fruto (MF) em gramas, número de frutos por planta (NF), índice de desfolhamento por antracnose (DESF) em porcentagem e área lesada no ramo principal (LR) em porcentagem, das 10 melhores plantas (TOP 10) dentro de progênes de irmãos completos de híbridos multiespecíficos e cultivares comerciais de maracujá azedo , Planaltina, DF, 2017.

Progênes	Planta (P), Repetição (R)	Top 10	MF (g)	NF	PROD (t ha ⁻¹)	DESF (%)	LR (%)
325 X LD4	P1R3	1 ^a	197,82	176	58,03	60	5
PL2 x LD4	P1R2	2 ^a	221,11	66	24,32	40	0
PL3 x GA	P1R4	3 ^a	169,15	59	16,63	15	5
PL3 x GA	P2R4	4 ^a	169,15	64	18,04	40	5
PL3 x GA	P3R4	5 ^a	169,15	79	22,27	90	10
325 x LD4	P3R1	6 ^a	197,82	31	10,22	40	40
PL4 x GA	P1R3	7 ^a	236,72	18	7,10	60	10
BRS Gigante Amarelo	P1R4	8 ^a	198,04	28	9,24	70	5
PL 2 x LD4	P2R2	9 ^a	221,11	21	7,73	40	0
BRS Sol do Cerrado	P3R3	10 ^a	267,46	18	8,02	50	30
Média	-	-	204,75	56	18,16	50,5	11

Junqueira et al. (2006a) avaliaram a severidade da antracnose em frutos maduros e na haste principal de maracujazeiro-azedo. Os autores verificaram que os frutos apresentaram de 11 a 30% da superfície coberta por lesões (LF), em média 78,2% de DESF e 86,1% em média de LR. Os autores concluíram que a propagação de plantas superiores de maracujá por estaquia contribuiu para melhorar o grau de resistência à antracnose. Nos experimentos conduzidos por Junqueira et al. (2006) o fungo *C. gloeosporioides* também foi o agente responsável pela morte precoce das plantas, antes mesmo do plantio completar dois anos de idade.

Resultados encontrados por Mendes et al. (2017), Martins et al. (2008), Sousa

(2014) e Bouza et al. (2014) ao avaliar a reação de progênies maracujá à antracnose indicam que a resistência à *C. gloeosporioides* em maracujá azedo é pouco encontrada nos materiais genéticos utilizados para programas de melhoramento, pois as progênies são classificadas, na maioria, com baixo grau de resistência. Martins et al. (2008) e Sousa et al. (2014) relatam que os diferentes níveis de reações ao fungo encontrado nos estudos podem ser um indicativo de resistência horizontal do maracujazeiro à doença, visto que independentemente dos parâmetros utilizados para avaliar a resistência dos genótipos ao fungo *C. gloeosporioides*, são observados diferentes níveis de resistência.

Os resultados mostram que as médias dos híbridos para todos os caracteres, com exceção de LF, foram superiores às das testemunhas BRS Gigante amarelo e BRS Sol do Cerrado. Essas cultivares são, atualmente, as mais utilizadas por produtores de maracujá em vários Estados do Brasil. As matrizes PL2, PL3 e PL5 podem ser consideradas as mais promissoras para obtenção de novas variedades mais produtivas e resistentes a antracnose. Essas matrizes contêm genes, possivelmente piramidados, de quatro espécies: *P. incarnata*, *P. hatsbachii*, *P. quadrifaria* e *P. edulis*.

A caracterização molecular dos acessos das espécies utilizadas como genitoras neste estudo juntamente com acessos de outras espécies do “Banco de Germoplasma de Maracujá Flor da Paixão” (Embrapa Cerrados) foi realizada por Grisi et al. (2019) utilizando-se marcadores microssatélites. Os autores observaram alta variabilidade genética entre os acessos, e altas dissimilaridades genética entre as espécies silvestres utilizadas neste estudo (*P. caerulea*, *P. incarnata*, *P. hatsbachii* e *P. quadrifaria*) em relação ao genitor recorrente *P. edulis* comercial (0,9, 0,81, 0,83, 0,80, respectivamente). A diversidade genética presente nesta população demonstra o potencial da mesma para o melhoramento, e seu uso nos programas como genitores permite a maximização não só dos ganhos genéticos, mas também da heterose.

As espécies silvestres utilizadas nos cruzamentos mostraram elevado potencial para o melhoramento genético do maracujazeiro. Assim, plantas iguais ou superiores às cultivares BRS Gigante amarelo e Sol do Cerrado em produtividade e resistência a antracnose, foram clonadas e retrocruzadas com as matrizes superiores de *P. edulis* comercial, para serem avaliadas em novos ciclos de recombinação.

2.4 CONCLUSÕES

Houve grande variabilidade dentro das progênies, com plantas de alto potencial de produtividade e resistência à antracnose. Assim, até a fase em que se encontram os experimentos, a seleção de plantas individuais é a melhor estratégia para se obter ganhos genéticos nos ciclos de seleção e recombinação dessa população.

Plantas das progênies de híbridos tetraespecíficos PL3 x GA, PL5 x LD4 e PL2 x LD4 obtiveram melhores médias preditas, apresentando melhores resultados em relação aos híbridos biespecíficos e cultivares comerciais. As espécies silvestres mostraram elevado potencial para o melhoramento genético do maracujazeiro.

2.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BELLON, G. Filogenia, variabilidade genética e caracterização de *Passiflora* silvestres, comerciais e híbridos interespecíficos como fontes de resistência a doenças. Dissertação de doutorado. Universidade de Brasília, 2014.

BENT, A. F. Plant disease resistance Genes: Function Meets Structure. **Plant Cell**, v. 8, n.10, 1757-1771, 1996.

BORÉM A. Glossário agrônomo. Universidade Federal de Viçosa, MG, 2005.

BOUZA, R.B.da; PIRES, M.deC.; PEIXOTO, J.R.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BLUM, L.E.B. Reação em progênies de maracujá-azedo à antracnose em condições de campo. **Bioscience Journal**, v. 30, n. 2, p. 571-581, 2014.

BOUZA, R.B.da. Reação em progênies de maracujá-azedo à antracnose, septoriose, cladosporiose e bacteriose em condições de campo e casa de vegetação. Dissertação mestrado. Universidade de Brasília, 2009.

COLATTO, U.L.D. Reação de progênies de maracujazeiro azedo à antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*), à verrugose (*Cladosporium herbarum*) e à bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*). Dissertação de mestrado, Universidade de Brasília, 2010.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. **Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro – desafios da pesquisa** In: Faleiro, F.G.; Junqueira, N.T.V.; Braga, M.F. (Eds.) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 187- 210.

FERREIRA, C. C. Desempenho agrônômico e reação de genótipos de maracujazeiro às doenças fúngica, à bacteriose e à virose do endurecimento do fruto sob condições de campo e casa de vegetação. Dissertação doutorado, Universidade de Brasília, 2016.

FREITAS, J.C.deO. Cruzamentos interespecíficos em *Passiflora* visando resistência a doença. Dissertação de doutorado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2014.

FUHRMANN, E.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BLUM, L. E. B.; BRAGA, M. W.; BELLON, G.; JUNQUEIRA, K. P. Reação de híbridos interespecíficos de *Passiflora* spp. à *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*. **Ciência Rural** (UFSC. Impresso), v.44, p.1404 - 1410, 2014.

GOES, A. **Doenças fúngicas da parte aérea da cultura do maracujá**. In: Simpósio Brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro. Jaboticabal. Anais. Jaboticabal: FUNEP, p. 208-216. 1998.

GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; BEZERRA NETO, F.V.; PEREIRA, M.G., PEREIRA, T.N.S. Selection and heritability in the prediction of genetic gain in yellow passion fruit. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.2, 193-198, 2007.

GRISI, M.C.M.; FALEIRO, F.G.F.; JUNQUEIRA, N.T.V.; OLIVEIRA, J.daS. Genetic variability of passion fruit multispecific hybrids and their respective wild parents determined by microsatellite markers. **Journal of Agricultural Science**; v.11, n.10, p.302-312, 2019.

HALLAUER, A.R., MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. 2nd ed. Ames: Iowa State University Press, 1998.

JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; FALEIRO, F.G.; PEIXOTO, J.R. BERNACCI, L.C. Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (Eds.) **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 81-108.

JUNQUEIRA, N.T.V. et al. **Uso de espécies silvestres de *Passiflora* no pré-melhoramento do maracujazeiro**. In: LOPES, M.A.; FÁVERO, A.P.; FERREIRA, M.A.J.F.; FALEIRO, F.G. (Eds.) Curso Internacional de pré-melhoramento de plantas. Brasília: Embrapa, 2006. p. 133-137.

JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; FALEIRO, F.G.; PEIXOTO, J.R. BERNACCI, L.C. **Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças**. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (Eds.) **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF, 2005.

JUNQUEIRA, N.T.V.; SHARMA R.D.; RITZINGER, C.H.S.P. Manejo da bacteriose e de nematóides em maracujazeiro (compact disc). In: **Simpósio Brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro**, Campos dos Goytacazes, 2003. Palestras: Cluster Informática, 2003.

JUNQUEIRA, N.T.V.; LAGE, D.A. da C.; BRAGA, M.F.; PEIXOTO, J.R.; BORGES, T.A., ANDRADE, S.R.M. Reação a doenças e produtividade de um clone de maracujazeiro-azedo propagado por estaquia e enxertia em estacas herbáceas de passiflora silvestre. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.28, p.97-100, 2006.

MARTINS, I.; PEIXOTO, J. R.; ÁVILA Z. R.; MELLO, S. C. M.; PÁDUA, R.R.de. Esporulação de *Colletotrichum gloeosporioides* em meios líquidos. Botucatu: **Summa Phytopathologica**, 2007.

MENDES, I.R.N.; ASCARI, J.P.; BATISTTI, M.; ARAÚJO, D.V.de; KRAUSE, W. Reação de famílias de irmãos completos de maracujazeiro azedo à antracnose em condições de ambiente protegido. **Ciência Agrícola**, v.15, n.2, p. 37-44, 2017.

MARTINS, I.; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; MELLO, S. C. M. Reação de genótipos de maracujazeiro-amarelo ao *Colletotrichum gloeosporioides*. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, p. 639- 643, 2008.

MENEZES, M. Aspectos biológicos e taxonômicos de espécies do gênero *Colletotrichum*. **Fitopatologia Brasileira**, v. 27, p. 523-524, 2002.

NEVES, L.G. Alternativas de seleção, predição de ganho genético, estimativas de correlação e coeficiente de repetibilidade em maracujazeiro amarelo. Dissertação de Doutorado. Universidade Federal de Viçosa, 2006.

OLIVEIRA EJ, FRAIFE FILHO GA, FREITAS JPX, DANTAS JLL, RESENDE MDV. Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnoly**, v. 12, n.3., 2012.

OLIVEIRA, J.C.; NAKAMURA, K.; MAURO, A.O.; CENTURION, M.A.P.C. **Aspectos gerais do melhoramento do maracujazeiro**. In: SÃO JOSÉ, A.R. (Ed.). Maracujá: produção e mercado. Vitória da Conquista: UESB, 1994. p. 27-37.

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

ROCHA, M.R.da Selection strategies in genetic improvement of yellow passion fruit. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Viçosa, MG, Brazil, 2014

SANTOS FILHO, H. P.; SANTOS, C. C. F. dos. Doenças causadas por fungos. In: SANTOS FILHO, H. P.; JUNQUEIRA, N. T. V. (Ed.). **Frutas do Brasil: maracujá fitossanidade**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p. 12-21.

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

SANTOS, C.E.M.dos; PISSIONI, L.L.M.; MORGADO, M.A.D.; CRUZ, C.D.; BRUCKNER, C.H. Estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo quanto ao vigor e incidência de verrugose. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.30, n.2, 2008.

SILVA, F.H.L.; MUÑOZ, P.R.; VINCENT; C.I., VIANA; A.P. Generating relevant information for breeding *Passiflora edulis*: genetic parameters and population structure. **Euphytica**, v. 208, n.3, pp 609–619, 2016.

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

SOUZA, M. A.; ZACARONI, A. B.; JUNQUEIRA, N. T. V.; FALEIRO, F. G.; TEIXEIRA, L.P.; SUSSEL, A. A. B. Produtividade e custo de produção de mudas de maracujazeiro-azedo tipo ‘mudão’. **Cadernos de Agroecologia**, v.9, n. 3, 2014.

VIANA, A.P.; PEREIRA, T.N.S.; PEREIRA, M.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T.do; SOUZA, M.M.de; MALDONADO, J.F.M. Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro-amarelo. **Revista Ceres**, v.51, p. 541-551, 2004.

SOUZA, L.N.B.de; DIAS, N.D.S.C.; SANTANA, V.deO.; SILVEIRA, L.A.; MEIRA, M.R.; SANTOS, E.S.L.dos; FALEIRO, F.G.; CERQUEIRA-SILVA, C.B.M. Amplification test and selection of markers analogue to resistance genes in species and commercial varieties of *Passiflora* spp. **Multi-science Jornal**, v.3, n.1, p.65-71, 2020.

OLIVEIRA, J.C.; RUGGIERO, C. Aspecto sobre o melhoramento do maracujazeiro amarelo. Simpósio Brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro. **Anais Jaboticabal**, Funep, pp 291-310, 1998.

SANTOS, C.E.M.DOS; BRUCKNER, C.H.B.; CRUZ, C.D.; SIQUEIRA, D.L.DE; PIMENTEL, L.D. Características físicas do maracujá-azedo em função do genótipo e massa do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.31 n.4, 2009.

CAPÍTULO 3 - CARACTERÍSTICAS DE FRUTOS DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJAZEIRO

RESUMO

A utilização da variabilidade genética presente em algumas espécies silvestres visando o aproveitamento de características de interesse nos programas de melhoramento torna-se possível através de hibridações interespecíficas. A manutenção ou melhoria das características relacionadas à qualidade dos frutos tem grande importância e por isso torna-se necessário a recuperação do genoma recorrente através de ciclos de retrocruzamentos com matrizes comerciais. Neste trabalho, objetivou-se avaliar sete caracteres relacionados à qualidade de frutos de híbridos multiespecíficos de maracujazeiro. O experimento foi instalado em delineamento de blocos casualizados, com nove tratamentos, 4 repetições e 3 plantas por repetição. Realizou-se análises de variância e estimativa de parâmetros genéticos com o auxílio do programa Selegen-REML/BLUP. Foram selecionadas as 20 melhores plantas para todos os caracteres avaliados de acordo com os ganhos genéticos preditos e as novas estimativas das médias. Ganhos genéticos foram expressivos para os principais caracteres avaliados de qualidade de fruto. Para maioria dos caracteres, as plantas obtidas de cruzamentos multiespecíficos se destacaram com maiores valores de médias preditas em relação às testemunhas. Essas plantas pertencem às progênies PL4 x GA, 325 x LD4 e PL5 x LD4. As plantas superiores às testemunhas em qualidade de fruto foram clonadas e retrocruzadas com as matrizes superiores de *P. edulis* comercial, para serem avaliadas em novos ciclos de seleção e recombinação.

Palavras chaves: *Passiflora* spp., qualidade de frutos, espécies silvestres, melhoramento genético

ABSTRACT

The use of genetic variability present in some wild species in order to take advantage of characteristics of interest in breeding programs is made possible through interspecific hybridizations. The maintenance or improvement of the characteristics

related to the quality of the fruits is of great importance and that is why it is necessary to recover the recurrent genome through cycles of backcrosses with commercial matrices. In this work, we aimed to evaluate seven characters related to fruit quality of multispecific passion fruit hybrids. The experiment was installed in a randomized block design, with nine treatments, 4 repetitions and 3 plants per repetition. Analysis of variance and estimation of genetic parameters were performed with the aid of the Selegen-REML / BLUP program. The 20 best plants were selected for all traits evaluated according to the predicted genetic gains and new estimates of the means. Genetic gains were significant for the main characters evaluated for fruit quality. For most of the characters, the plants obtained from multispecific crosses stood out with higher values of predicted means in relation to the controls. These plants belong to the PL4 x GA, 325 x LD4 and PL5 x LD4 progenies. Plants superior to the controls in fruit quality were cloned and backcrossed with the superior matrices of commercial *P. edulis*, to be evaluated in new selection and recombination cycles.

Key-words: *Passiflora* spp., fruit quality, wild species, genetic improvement

3.1 INTRODUÇÃO

A utilização da variabilidade genética presente nas espécies silvestres para aproveitamento de características de interesse nos programas de melhoramento torna-se possível através de hibridações interespecíficas (JUNQUEIRA et al., 2005). A manutenção ou melhoria das características físico-químicas de frutos dos híbridos obtidos tem grande importância dentro dos programas de melhoramento genético do maracujazeiro. É importante selecionar plantas que produzam frutos que expressem características físico-químicas capazes de atender às exigências do mercado a que se destina (BRUCKNER, 2011).

Para as indústrias de processamento, os frutos devem ter valores elevados de rendimento de suco, de sólidos solúveis totais e acidez total titulável (MELLETTI et al., 2002; ABREU et al., 2009). Ao consumo in natura interessa poder adquirir frutas atrativas, de maior tamanho, elevada concentração de sólidos solúveis totais e baixa acidez total titulável, de forma que garanta o sabor da mesma (BRUCKNER, 2011).

Segundo Ferraz et al. (2002), na maioria dos casos, os fruticultores produzem

predominantemente para o mercado in natura, onde, em geral, conseguem melhor preço e vendem os excedentes para a agroindústria. Por outro lado, a produção exclusiva ou predominante para a agroindústria exige parceria entre o produtor e a indústria, com o estabelecimento de fidelidade, qualidade, prazo de entrega, volume, variedade e preço da matéria-prima, firmados em contratos de garantia de compra e venda (PIMENTEL et al., 2009).

No mercado interno, o maracujá é comercializado principalmente in natura, com extração doméstica da polpa e utilizado no preparo de refrescos, doces, sorvetes, dentre outros (PIMENTEL et al., 2009). Por outro lado, no mercado externo, o maracujá é consumido exclusivamente na forma de suco industrializado. O produto é exportado principalmente como suco concentrado, ao qual se procede a diluição ou formulação como mistura com outros sucos nos países compradores.

Desta forma, os programas de melhoramento visam a obtenção de frutos com dupla aptidão, focando no maior rendimento de polpa, porém preservando as qualidades exigidas pelo mercado in natura, de maior tamanho de fruto. A dificuldade no processo de seleção está no fato de que o rendimento de polpa é um caractere que está negativamente correlacionado com o tamanho de fruto, sendo que os frutos mais pesados e maiores possuem maior espessura de casca, que por sua vez possuem menor rendimento de polpa, como mostra os estudos realizados por Negreiros et al. (2007); Gonçalves et al. (2008) e Santos et al. (2009). Assim, embora o rendimento de suco seja importante tanto para indústria como para o consumo in natura, o melhorista deve considerar no processo de seleção a obtenção de frutas atrativas para o mercado in natura.

Na seleção de maracujá, as principais características físico-químicas de frutos a serem avaliadas são: tamanho do fruto, massa do fruto, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, relação comprimento/diâmetro do fruto, espessura da casca, massa da polpa, sólidos solúveis totais, acidez total titulável, relação SST/ATT (FORTALEZA et al., 2005; HAFLE et al., 2010).

Nos programas de melhoramento genético se faz necessário a utilização de metodologias específicas que traduzam fielmente a herdabilidade dos genitores a serem selecionados, resultando em plantas sucessoras produtivas e que obtenham qualidade padrão de frutos (ASSUNÇÃO et al., 2015). Portanto, uma alternativa para seleção de plantas perenes e/ou semi perenes, como o maracujazeiro azedo, é a utilização de valores genéticos preditos pela metodologia REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). A metodologia

REML/BLUP tem sido utilizada com sucesso no melhoramento genético de algumas espécies frutíferas como umbuzeiro (OLIVEIRA et al., 2004), cupuaçuzeiro (ALVES et al., 2010) e açaizeiro (FARIAS NETO et al., 2011).

Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a qualidade de frutos de progênes de irmãos completos de híbridos multiespecíficos obtidos a partir de cruzamentos envolvendo 5 espécies do gênero *Passiflora* (*P. hatschbachii*, *P. caerulea*, *P. quadrifaria*, *P. incarnata* e *P. edulis* “flavicarpa”) seguidos por retrocruzamentos com genótipos comerciais de *P. edulis*, em condições de campo no Distrito Federal

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Os híbridos multiespecíficos analisados no presente estudo foram obtidos por meio de cruzamentos envolvendo 5 espécies de maracujazeiro pertencentes ao banco de germoplasma Flor da Paixão, da Embrapa Cerrados (*P. hatschbachii*, *P. caerulea*, *P. quadrifaria*, *P. incarnata* e *P. edulis* “flavicarpa”). Os cruzamentos interespecíficos foram seguidos de retrocruzamentos utilizando sempre como genitor recorrente matrizes comerciais de *P. edulis* (GA e LD4). Trabalhos prévios de seleção nestas populações foram realizados para seleção de plantas de acordo com o desempenho agrônômico (dados não publicados). As matrizes GA e LD4, utilizadas como genitoras recorrentes, são plantas de *P. edulis* utilizadas como genitoras na obtenção das cultivares BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado, respectivamente.

O experimento foi implantado em agosto de 2016, na área experimental da Embrapa Cerrados, DF, em Planaltina-DF, situada a 15°36'19" de latitude Sul e 47°42'40" de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, em um latossolo vermelho distrófico típico, argiloso. A área está inserida no domínio morfoclimático do Cerrado, com clima tropical estacional (Aw) (NIMER, 1989).

As plantas foram obtidas via sementes em sacos de polietileno preto com capacidade para 1,2 L de substrato contendo a mistura de solo, areia e esterco na proporção 4:1:1, acrescida de calcário e adubo 4-14-8. Após 30, dias realizou-se o desbaste deixando uma planta por vaso e aplicou-se 4 gramas de fertilizante de liberação lenta, na formulação 14:14:14. O transplante foi realizado após 95 dias da semeadura. Para adubação da cova utilizou-se 5 L de esterco de galinha poedeira, 500g de superfosfato simples e 50 g de calcário dolomítico Filler. A adubação de

cobertura foi composta de 50 g de cloreto de potássio e 50 g de sulfato de amônia, mensalmente. Realizou-se o controle de formigas com três aplicações quinzenais de fipronil na dosagem 1 ml/L e o manejo de plantas daninhas foi feito por meio de capinas manuais e aplicação de herbicida Gramoxone® nas entrelinhas.

O ensaio foi conduzido em espaldeiras verticais de 1,80 metros em altura e mourões distanciados três metros com dois fios de arame liso na altura 1,4 e 1,8 metros, em relação ao solo. As plantas foram conduzidas em haste única, tutoradas por barbante até o arame. As mudas do tipo “Mudão” (SOUZA et al., 2014) foram implantadas em campo de acordo com o sistema preconizado por Junqueira et al. (2006), irrigadas por gotejamento por meio de gotejadores de vazão de quatro litros/hora. Inicialmente, cada plantas recebeu quatro litros de água a cada dois dias, passando para 32 litros a cada dois dias quando entraram em produção plena.

O espaçamento foi de 2,0 metros entre plantas e 3,0 metros entre fileiras e a condução das plantas efetuada conforme descrito Junqueira et al. (2006). Não foi realizada polinização artificial e nem controle fitossanitário para doenças.

O delineamento experimental foi em blocos casualizados com 9 tratamentos (9 progênies), 4 repetições e 3 plantas por repetição. As colheitas foram efetuadas durante os meses de janeiro a março de 2017. Determinaram-se em 10 frutos maduros por parcela, a massa de frutos (MF) em gramas, rendimento de polpa (RP) em porcentagem, comprimento e diâmetro dos frutos (CF e DF, respectivamente), espessura de casca (EC), teor de sólidos solúveis totais (SST) e pH da polpa.

Tabela 1. Relação de cultivares comerciais (testemunhas) e híbridos multiespecíficos de maracujazeiro azedo (irmãos completos) avaliadas e suas respectivas origens genéticas, Brasília, 2017.

Pi	Híbrido	Origem genética
1	BRS Gigante Amarelo	<i>P. edulis</i>
2	BRS Sol do Cerrado	<i>P. edulis</i>
3	325 x LD4 *	<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i> (RC ₅)
4	PL3 x GA*	[(<i>P. hatsbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₃)
5	LD4 x PL5	<i>P. edulis</i> x [(<i>P. setacea</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] (RC ₂)

Tabela 1. Continuação

6	PL4 x GA*	<i>P. edulis</i> x <i>P. incarnata</i> (RC ₃)
7	PL2 x LD4*	[(<i>P. hatsbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₃)
8	PL5 x LD4*	[(<i>P. hatsbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₂)
9	Tipo local	<i>P. edulis</i>

Pi.: número da progênie. RC: retrocruzamento; *GA e LD4: matrizes utilizadas como genitoras na obtenção das cultivares BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado, respectivamente.

A condução, caracterização e avaliação das progênies ocorreram em experimento desbalanceado devido a morte de plantas ocasionada por doenças.

Os dados foram analisados com auxílio do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE E DUARTE, 2007). A análise seguiu o modelo estatístico $y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados a média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

Os seguintes componentes de variância foram estimados (REML individual):

σ_a^2 : variância genética aditiva

h_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos $h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2}$, em que σ_f^2 é a variância fenotípica.

h_{mp}^2 : herdabilidade da média das progênies $\rightarrow h_{mp}^2 = (0,25 \sigma_a^2) / [0,25 \sigma_a^2 + \sigma_p^2 / b + (0,75 \sigma_a^2 + \sigma_e^2) / nb]$; em que b é o número de blocos; n é o número de parcelas; σ_a^2 é a variância genética aditiva; σ_p^2 é a variância genética entre progênies; e σ_e^2 é a variação ambiental.

Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa ($Ac_{prog} = \sqrt{h_{mp}^2}$)

Média: média geral do experimento $h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$

onde σ_a^2 = variância genética aditiva; e σ_e^2 = variância genética residual. Sendo seus resultados interpretados por herdabilidades de alta magnitude tendo $h_a^2 \geq 0,50$, herdabilidades de média magnitude $0,15 \leq h_a^2 < 0,50$ e herdabilidades de baixa magnitude, onde $h_a^2 < 0,15$.

Os dados originais de RP (%) foram transformados para \sqrt{x} apresentando-se as médias originais.

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.1 Estimativas de parâmetros genéticos pelo método de modelos mistos

As estimativas de herdabilidade individual h_a^2 variaram de 0,034 a 0,87 (Tabela 2). A herdabilidade individual para todos os caracteres MF (67%), DL (75%), DT (58%) e pH (50%) foi alta (Tabela 2). Estas características são consideradas importantes para o mercado in natura, devendo a seleção, neste caso, ser feita no sentido de aumentar as médias das populações nos programas de melhoramento do maracujazeiro. Assunção et al. (2015) avaliaram oito cultivares comerciais de maracujazeiro e também encontraram valores de alta magnitude de herdabilidade individual para os caracteres MF (87%) e DL (65%). Desta forma, a seleção individual para esses caracteres é beneficiada pelo excelente controle genético, garantindo, a nível de indivíduo, ganhos genéticos.

Para os caracteres RP e EC a herdabilidade individual foi moderada, de 0,28 e 0,38, respectivamente. Assunção et al (2015) encontraram valores de herdabilidade individual moderada para as características DT, EC, DL e pH, variando entre 16,3% e 41,5%, e ressaltam que os resultados de herdabilidade moderada não indicam ineficiência para seleção, mas proporcionariam menores ganhos por ciclo.

Apenas para o caractere SST a herdabilidade individual foi baixa (0,005), inferindo-se baixa herança do caráter na próxima população. Krause et al. (2012) observaram herdabilidade moderada para de 0,36 para sólidos solúveis. No entanto, é importante frisar que os valores de herdabilidade são intrínsecos à cada população.

Para todos os caracteres, com exceção do SST, a acurácia foi de alta magnitude (MF: 0,92; RP: 0,82, EC: 0,86, DL: 0,93, DT: 0,91 e pH: 0,89), inferindo-se que houve alta correlação entre o valor genético predito e o valor genético verdadeiro. Assunção et al. (2015) encontraram alta acurácia para os caracteres MF (93,4%) e DL (81,0%) ao avaliarem cultivares comerciais de maracujazeiro. Para SST a acurácia foi

baixa (0,18) inferindo que os valores genéticos preditos e a herdabilidade apresentaram baixa confiança para seleção.

Tabela 2. Estimativas dos componentes variância entre progênies de irmãos completos de maracujá azedo, variância genotípica individual (σ^2_a), variância fenotípica individual (σ^2_f), herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a), herdabilidade da média de progênies (h^2_{mp}), acurácia da seleção de progênies (A_{cprog}) e média geral da população obtidas pelo procedimento REML, para 7 características avaliadas em 6 progênies de híbridos multiespecíficos de maracujá azedo e 3 cultivares comerciais. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

Componente de variância	MF (g)	SST °BRIX	RP (%)	EC (cm)	DL (cm)	DT (cm)	pH
σ^2_a	1.008,6	0,0065	0,0007	0,003	0,2886	0,1027	0,0029
σ^2_f	3.002,5	2,2147	0,0051	0,016	0,7621	0,3547	0,0117
h^2_a	0,67	0,005	0,28	0,38	0,75	0,58	0,50
A_{cprog}	0,92	0,18	0,82	0,86	0,93	0,91	0,89
Média	207,23	12,24	22,00	0,69	9,58	7,97	2,91

Nota: MF: massa de frutos em gramas; RP: rendimento de polpa em porcentagem, DL e DT: comprimento e diâmetro dos frutos, respectivamente) em cm; EC: espessura de casca, SST: teor de sólidos solúveis totais em °Brix; e pH da polpa.

3.3.2 Seleção genotípica individual via BLUP

Os 20 melhores indivíduos foram identificados para todos os caracteres avaliados de acordo com os ganhos genéticos preditos e as novas estimativas das médias (Tabela 3). O valor genético predito diz respeito ao valor genético observado sem o efeito ambiental (OLIVEIRA, 2012). O ganho genético estimado equivale ao valor genético predito para o genótipo selecionado, e a nova média refere-se a média geral somada ao ganho genético (SANTOS et al., 2015). Para os caracteres pH e EC consideram-se os melhores indivíduos aqueles que possuem os menores valores estimados de ganho (Tabela 3).

Os ganhos genéticos preditos foram expressivos para maioria dos caracteres MF (44,41%), RP (17,58%), EC (-15,37%, redução desejável), DL (17,22%) e DT (9,83%). (Tabela 3). Para BRIX e pH os ganhos foram menores, de 0,20% e -3,74, respectivamente.

A progênie PL4 x GA (híbrido tetraespecífico em estágio inicial de retrocruzamento - RC₃) apresentou uma planta com maior estimativa de média predita para MF (299,26 g) representando ganho de 44,41%. A mesma progênie destacou-se para os caracteres DL com nova média predita de 11,23 cm (ganho de 17,22%). Para o caractere DT, uma planta desta progênie destacou-se em segundo lugar com média predita de 8,67 cm (ganho de 8,8%). A testemunha BRS Sol do Cerrado obteve a melhor média predita para DT (8,75 cm), representando um ganho de 9,83%. Os caracteres MF, DL e DT são de extrema relevância para seleção visando o mercado in natura. Assim, a seleção individual dentro da progênie PL4 x GA é interessante para o melhoramento visando frutos maiores e mais pesados.

Krause et al. (2012) avaliaram 111 famílias de irmãos completos de maracujazeiro e observaram ganhos genéticos preditos menores de 5,90% para MF, 2,74% para DL e 1,41% para DT. Silva et al. (2009), ao avaliar 26 progênies de meios-irmãos de maracujazeiro, observaram ganhos genéticos preditos de 3,18% para MF, 0,47% para DL e 1,36% para DT. Assunção et al. (2015) avaliaram 8 progênies de irmãos completos de maracujazeiro obtidos a partir do cruzamento entre diferentes cultivares comerciais e obtiveram ganhos genéticos preditos através do índice de seleção 'Mulamba e Mock' de 1,77% para MF, 3,75% para DL e 1,62 para DT (visando a seleção para indústria); e de 13,4% para MF, 2,65 para DL e 2,82 para DT (visando a seleção para mercado in natura). Estes resultados indicam, como esperado, que os ganhos de seleção em populações obtidas a partir de cruzamentos intraespecíficos são menores em relação aos ganhos obtidos em populações advindas de cruzamentos interespecíficos, uma vez que espera-se que estas populações possuam maior variabilidade genética.

Furhman (2011) trabalhando com progênies de híbridos interespecíficos de maracujá, observou valores de MF de 210,04 g para a progênie de híbridos biespecíficos entre *P. caerulea* x *P. edulis* em estágio RC₄ de retrocruzamento. Neste trabalho avançou-se mais um ciclo de retrocruzamento deste material (progênie 325 x LD4 - RC₅) e obteve-se, na seleção de 20 melhores plantas, um indivíduo com média predita para MF superior a obtida por Furhman (2011), com 277,62 gramas e ganho de 33,97%. Este resultado é esperado já que o avanço de retrocruzamentos recupera as características de qualidade de fruto presentes na cultivar comercial. A espécie *P. caerulea* é considerada como promissora fonte de resistência à *Xanthomonas*

axonopodis p. *passiflorae* (OLIVEIRA e RUGGIERO, 1998, FALEIRO et al., 2005, FUHRMANN et al., 2014). O genitor feminino 325 (*P. caerulea* x *P. edulis* – RC₄) é uma matriz selecionada por Fuhrmann et al. (2014) por se destacar, entre progênies de híbridos interespecíficos, como o genótipo mais resistente à bacteriose, com maiores médias de MF (210,04g) e massa de polpa com semente (93,89g), e SST desejável (13,2°Brix).

A progênie 325 x LD4 (híbrido biespecífico - RC₅) apresentou uma planta com melhor média predita para °BRIX (12,26), com ganho de 0,20%. Uma planta desta progênie também ficou em 2ª posição entre as 20 melhores plantas selecionadas para o caractere RP, com nova média predita de 24,91% (ganho de 13,21%), ficando atrás apenas de uma planta da progênie 'Tipo Local' usada como testemunha, que por sua vez obteve ganho de 17,58%. Com relação ao °BRIX, Furhmman (2011) obteve maiores valores em híbridos biespecíficos entre *P. caerulea* x *P. edulis* em estágio RC₄ e RC₅, de 13,2 e 13,6 respectivamente. Segundo Nascimento et al. (2003), para a indústria, são necessários 11 kg de frutos entre 11°BRIX e 12 °BRIX para obtenção de 1kg de suco concentrado a 50 °BRIX. Assim, quanto maior o valor de sólidos solúveis totais, menor a quantidade de frutos necessária para concentração do suco.

A testemunha 'Tipo Local' apresentou maiores estimativas de média para EC de 58%, representando uma redução de 15,37%. RP e EC são caracteres negativamente correlacionados. O "Tipo Local" é uma progênie de baixa produtividade e com frutos pequenos, não sendo um material viável para o mercado in natura.

Por fim, para o caractere pH a progênie PL5 x LD4 destacou-se com uma planta que apresentou média predita de 2,8, representando uma redução de 3,74% neste caractere. A acidez da polpa de maracujá azedo pode variar entre 3 e 5%. A indústria exige uma taxa de acidez média entre 2,5 e 3,0.

Tabela 3. Estimativas de ganho genéticos percentuais e novas médias preditas estimada via REML/BLUP obtidos pelos 20 melhores genótipos de maracujá azedo selecionados para os caracteres massa de frutos (MF) em gramas, rendimento de polpa (RP) em porcentagem, comprimento e diâmetro dos frutos (CF e DF, respectivamente), espessura de casca (EC), teor de sólidos solúveis totais (SST) em °Brix e pH da polpa.. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

Ordem	MF		BRIX		RP %		EC		DL		DT		pH	
	Ganho (%)	Nova Média/ Pi	Ganho (%)	Nova Média/ Pi	Ganho (%)	Nova Média/ Pi	Ganho (%)	Nova Média/ Pi	Ganho (%)	Nova Média/ Pi	Ganho (%)	Nova Média/ Pi	Ganho (%)	Nova Média/ Pi
1	44,41	299,26 / 6	0,20	12,26/ 3	17,58	25,87/ 9*	-15,37	0,58/ 9*	17,22	11,23/ 6	9,83	8,75/ 2*	-3,74	2,80/ 8
2	41,46	293,16/ 2*	0,17	12,26/ 3	13,21	24,91/ 3	-14,94	0,59/ 9*	12,53	10,78/ 6	8,80	8,67/ 6	-2,72	2,83/1*
3	36,60	283,08/ 2*	0,14	12,26/ 7	7,65	23,68/ 3	-12,58	0,60/ 9*	11,33	10,67/ 5	6,88	8,52/ 8	-2,49	2,84/ 5
4	33,97	277,62/ 3	0,14	12,26/ 2*	6,98	23,54/ 9*	-11,56	0,61/ 7	11,11	10,64/ 2*	6,68	8,50/ 3	-2,43	2,84/ 2
5	18,76	246,11/ 7	0,13	12,26/ 6	6,03	23,33/ 9*	-10,79	0,62 / 8	9,81	10,52/ 7	6,37	8,48/ 2*	-2,42	2,84/ 1*
6	16,09	240,56/ 2*	0,10	12,25/ 6	5,71	23,26/ 2*	-9,01	0,63/ 7	9,65	10,50/ 5	6,33	8,47/ 5	-2,27	2,84/ 5
7	15,06	238,44/ 8	0,09	12,25/ 7	5,71	23,26/ 9*	-8,12	0,63/ 4	9,63	10,50/ 3	6,27	8,47/ 2*	-1,91	2,85/ 5
8	14,91	238,13/ 2*	0,08	12,25/ 3	4,06	22,89/ 3	-7,67	0,64/ 9	7,15	10,27/ 5	5,14	8,38/ 7	-1,91	2,85/ 3
9	14,85	238,00/ 5	0,07	12,25/ 2*	3,87	22,85/ 3	-6,16	0,65/ 7	6,61	10,21/ 8	3,51	8,25/ 8	-1,89	2,85/ 5
10	14,42	237,11/ 8	0,05	12,25/ 6	3,07	22,68/ 2*	-6,16	0,65/ 5	4,26	9,99/ 2*	2,75	8,19/ 2*	-1,76	2,86/ 2*
11	12,46	233,04/ 7	0,05	12,25/ 7	2,10	22,46/ 7	-6,00	0,65 / 8	4,01	9,96/ 6	2,57	8,17/ 6	-1,75	2,86/ 3
12	10,57	229,13/ 5	0,05	12,25/ 6	2,08	22,46/ 1*	-5,56	0,65/ 7	3,77	9,94/ 2*	2,11	8,14/ 5	-1,69	2,86/ 2*
13	9,30	226,51/ 6	0,05	12,25/ 7	1,77	22,39/ 7	-4,89	0,66/ 2*	3,70	9,93/ 4	1,42	8,08/ 3	-1,30	2,87/ 8
14	6,46	220,61/ 5	0,04	12,24/ 3	1,62	22,36/ 2*	-4,73	0,66/ 8	1,75	9,75/ 7	1,07	8,06/ 5	-1,24	2,87/ 7
15	6,22	220,12/ 6	0,02	12,24/ 2*	0,58	22,13/ 4	-3,64	0,66/ 8	1,26	9,70/ 1*	1,04	8,05/ 6	-1,02	2,88/ 7
16	2,08	211,54/ 3	0,02	12,24/ 1*	-0,76	21,83/ 4	-2,69	0,67/ 1*	0,16	9,60/ 8	0,97	8,05/ 1*	-1,02	2,88/ 7
17	1,10	209,50/ 7	-0,02	12,24/ 1	-0,93	21,80/ 4	-2,65	0,67/ 2*	-0,05	9,57/ 8	0,97	8,05/ 3	-0,95	2,88/ 1*
18	-1,66	203,80/ 1*	-0,02	12,24/ 8	-1,15	21,75/ 1*	0,39	0,69/ 5	-0,27	9,55/ 7	0,65	8,02/ 6	-0,55	2,89/ 8
19	-3,34	200,30/ 1	-0,02	12,24/ 9*	-1,51	21,67/ 1*	2,75	0,71/ 3	-0,85	9,50/ 6	0,54	8,01/ 8	-0,46	2,90/ 2*
20	-3,75	199,45/ 1	-0,02	12,24/ 5	-2,27	21,50/ 7	2,94	0,71/ 5	-1,32	9,45/ 2*	0,46	8,01/ 7	0,03	2,91/ 3

Pi: número da progênie a qual o indivíduo pertence: 1- BRS Gigante Amarelo, 2- BRS Sol do Cerrado, 3- 325 x LD4, 4- PL3 x GA, 5- LD4 X PL5, 6- PL4 X GA, 7- PL2 X LD4, 8- PL 5 X LD4, 9-.Tipo Local. *testemunhas

As plantas semelhantes ou superiores às cultivares BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado em qualidade de fruto foram clonadas e retrocruzadas com as matrizes superiores de *P. edulis* comercial, para serem avaliadas em novos ciclos de seleção e recombinação.

3.4 CONCLUSÕES

Ganhos genéticos foram expressivos para os principais caracteres avaliados de qualidade de fruto.

Para maioria dos caracteres, as plantas obtidas de cruzamentos multiespecíficos se destacaram com maiores valores de médias preditas em relação às cultivares comerciais (testemunhas).

Na seleção de 20 melhores indivíduos da população avaliada, destacaram-se plantas com maiores médias preditas pertencentes às progênies PL4 x GA (para massa de fruto, diâmetro longitudinal e transversal), 325 x LD4 (para SST) e PL5 x LD4 (para pH).

As testemunhas BRS Sol do Cerrado e 'Tipo local' apresentaram plantas com maiores médias preditas para diâmetro transversal e rendimento de polpa, respectivamente.

3.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, S.P.M.; PEIXOTO, J.R.; JUNQUEIRA, N.T.; SOUSA, M.A.F. Características físico-químicas de cinco genótipos de maracujazeiro azedo cultivados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Fruticultura**. v.31, p.487-491, 2009.

ALVES, M. A. et al. Avaliação e seleção de progênies de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*), em Belém, Pará. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 32, n.1, p. 204-212, 2010.

ASSUNÇÃO, M.P.; KRAUSE, W.; DALLACORT, R.; SANTOS, P.R.J.dos; NEVES, L.G. Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP. **Revista Caatinga**, v. 28, n. 2, pp. 57-63, 2015.

BRUCKNER, C.H. Fundamentos do melhoramento de fruteiras. Viçosa: Editora UFV, 2011. 72p.

COSTA, A.F.S. da; COSTA, A.N.da. Polo de Maracujá no Estado do Espírito Santo: Importância socioeconômica e potencialidades. In: COSTA, A.F.S.da; COSTA, A.N.da. **Tecnologias para produção de maracujá**. Vitória-ES: INCAPER, p.13-20. 2005.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. **Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro – desafios da pesquisa** In: Faleiro, F.G.; Junqueira, N.T.V.; Braga, M.F. (Eds.) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 187- 210.

FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, M. S. P. Seleção simultânea em progênies de açaizeiro irrigado para produção e peso do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 33, n. 2, p. 532-539, 2011.

FERRAZ, M.A.; SILVA, C.A.B.; VILELA, P.S. Caracterização da agroindústria de frutas em Minas Gerais. **Boletim Técnico FEAMG/UFV**, 2002.

FORTALEZA, J.M.; PEIXOTO, J.R.; JUNQUEIRA, N.T.V.; OLIVEIRA, A.T.; RANGEL, L.E.P. Características físicas e químicas em nove genótipos de maracujá- 11 azedo cultivado sob três níveis de adubação potássica. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 27: 124-127, 2005.

FUHRMANN, E. Produtividade, características físico-químicas e análise da reação de híbridos interespecíficos de maracujazeiro-azedo à bacteriose. Dissertação de mestrado. Universidade de Brasília/ Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2011. 91 p.

GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; REIS L.S.dos; BEZERRA NETO, F.V.; AMARAL JUNIOR, A.T., REIS, L.S.dos. Correlações fenotípicas e genético-aditivas em maracujá amarelo pelo delieamento I. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, n.5, p.1413-1418, 2008.

HAFLE, O.M.; COSTA, A.C.; SANTOS, V.M.; SANTOS, V.A.; MOREIRA, R.A. Características físicas e químicas do maracujá-amarelo tratado com cera e

armazenado em condição ambiente. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. 5: 341-346, 2010.

JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; FALEIRO, F.G.; PEIXOTO, J.R. BERNACCI, L.C. **Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças**. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (Eds.) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina, DF: EmbrapaCerrados, 2005. p. 81-108.

JUNQUEIRA, N. T. V.; FALEIRO, F. G.; BRAGA, M. F.; PEIXOTO, J. R. Uso de espécies silvestres de Passiflora no pré-melhoramento do maracujá. In: Curso Internacional de PréMelhoramento de Plantas: **Anais/Org.** LOPES, M.A.; FÁVERO, A.P.; FERREIRA, M.A.J.F.; FALEIRO, F.G. – Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2006. p.133-137. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia / Documentos n 185)

KRAUSE, W.; SOUZA, R.S.DE; NEVES, L.G.; CARVALHO, M.L.DAS.; VIANA, A.P.; FALEIRO, F.G. Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.1, p.51-57, 2012.

LIMA, A. de A.; CARDOSO, C.E.L.; SOUZA, J. da S.; PIRES, M. de M. Comercialização do maracujazeiro. EMBRAPA-CNPMF. **Boletim**, 29, 2006.

MELETTI, L.M.M.; SOARES-SCOTT, M.D.; BERNACCI, L.C.; AZEVEDO, F.J.A. Desempenho das cultivares IAC – 273 e IAC – 277 de maracujazeiro-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg) em pomares comerciais. In: Reunião Técnica de Pesquisa em maracujazeiro amarelo, 3., 2002, Viçosa. **Anais Viçosa**: SBF, 2002. p. 166-167.

NASCIMENTO, W.M.O.; TOMÉ, A.T.; OLIVEIRA, M.S.P; MÜLLER, C.H. CARVALHO, J.E.U. Seleção de progênies de maracujazeiro-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) quanto à qualidade de frutos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.25, n.1, p.186-88, 2003.

NEGREIROS JRdaS, ÁLVARES VdaS, BRUCKNER CH, MORGADO MAD'O, CRUZ, CD (2007) Relação entre características físicas e o rendimento de polpa de maracujá-amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.29, n.3, p.546-549, 2007.

NIMER, E. **Climatologia do Brasil**. 2 ed. Secretaria de planejamento e coordenação da presidência da república, Fundação Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, Rio de Janeiro, 1969.

OLIVEIRA, V. R.; RESENDE, M.D.V.de; NASCIMENTO, C.E.deS.; DRUMOND, M.A.; SANTOS, C.A.F. Variabilidade genética de procedências e progênies de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 26, n. 1, p. 53-56, 2004.

OLIVEIRA EJ, FRAIFE FILHO GA, FREITAS JPX, DANTAS JLL, RESENDE MDV (2012) Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnol**y, v.12, n.3, p.191-198, 2012.

OLIVEIRA, J.C.; RUGGIERO, C. Aspecto sobre o melhoramento do maracujazeiro amarelo. Simpósio Brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro. **Anais Jaboticabal**, Funep, p.291-310, 1998.

PIMENTEL, L.D.; SANTOS, C.E.M.; FERREIRA, A.C.C.; MARTINS, A.A.; WAGNER JUNIOR, A.; BRUCKNER, C.H. Custo de produção e rentabilidade do maracujazeiro no mercado agroindustrial da Zona da Mata Mineira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.31, n.2, p.397-407, 2009.

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

SANTOS, C.H.B; CRUZ, C.D.; SIQUEIRA, D.L.DE; PIMENTEL, L.D. Características físicas do maracujá-azedo em função do genótipo e massa do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.31 n.4, 2009.

SANTOS, E.A.; VIANA, A.P.; FREITAS, J.C.deO.; RODRIGUES, D.L.; TAVARES, R.F.; PAIVA, C.L.; SOUZA, M.M. Genotype selection by REML/BLUP methodology in

a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. **Euphytica**, v.204, n.1, p.1–11, 2015.

SILVA, M.G.M., VIANA, A.P., GONÇALVES, G.M., JÚNIOR, A.T.A., PEREIRA, M.G. Intrapopulation recurrent selection in yellow passion fruit: alternative to accumulate genetic gains. **Ciência Agrotécnica**, v.33, n.1, p.170–176, 2009.

SOUZA, M. A.; ZACARONI, A. B.; JUNQUEIRA, N. T. V.; FALEIRO, F. G.; TEIXEIRA, L.P.; SUSSEL, A. A. B. Produtividade e custo de produção de mudas de maracujazeiro-azedo tipo ‘mudão’. **Cadernos de Agroecologia**, v.9, n.3, 2014.

CAPÍTULO 4 – SELEÇÃO GENOTÍPICA DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJÁ AZEDO PARA PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE FRUTO NA SEGUNDA ETAPA DE SELEÇÃO

RESUMO

Os programas de melhoramento de maracujá-azedo no Brasil têm adotado como estratégia a introgressão de genes de resistência a doenças nas variedades comerciais, através de cruzamentos interespecíficos. A manutenção ou melhoria das características relacionadas à produtividade e qualidade dos frutos tem grande importância e por isso torna-se necessário a recuperação do genoma recorrente através de ciclos de retrocruzamentos com matrizes comerciais. Este trabalho objetivou avaliar 11 progênies de híbridos multiespecíficos, obtidos a partir de cruzamentos envolvendo sete espécies do gênero *Passiflora* L., além de 4 cultivares comerciais. O ensaio foi conduzido em blocos casualizados com seis repetições e três plantas por parcela. Foram avaliados 7 caracteres relacionados a qualidade de frutos, número de frutos, produtividade e índice de desfolha por bacteriose. Diferentes índices de seleção foram aplicados para determinação da estratégia seletiva mais adequada no incremento simultâneo de massa, número de frutos e produtividade. A seleção genotípica individual proporcionou altos ganhos para número de frutos e produtividade (85,22% e 74,88%, respectivamente). Plantas da progênie 325 x VAO apresentaram menor índice de desfolhamento por bacteriose e melhores médias preditas para número de frutos e produtividade. As progênies 325 x LD4, PL3 x LD4 e testemunhas CSB-Marília e BRS-Gigante amarelo apresentaram plantas com melhores médias preditas para caracteres relacionados a qualidade de fruto. Neste trabalho, os índices de seleção aditivo e multiplicativo podem ser considerados mais adequados por proporcionarem, maiores ganhos para número de frutos e produtividade. A análise pelo método REML/BLUP mostrou-se adequada para predição de ganhos com boas perspectivas para o melhoramento genético do maracujá-azedo.

Palavras chave: modelos mistos, melhoramento genético, parâmetros genéticos, híbridos multiespecíficos, *Passiflora* spp.

ABSTRACT

The breeding programs of passion fruit in Brazil have adopted as a strategy the introgression of disease resistance genes in commercial varieties, through interspecific crosses. The maintenance or improvement of the characteristics related to the quality of the fruits is of great importance and that is why it is necessary to recover the recurrent genome through cycles of backcrosses with commercial matrices. This work aimed to evaluate 11 progenies of multispecific hybrids, obtained from crosses involving seven species of the genus *Passiflora* L., in addition to 4 commercial cultivars. The test was conducted in randomized blocks with six replications and three plants per plot. Seven characters related to fruit quality, number of fruits, productivity and defoliation index by bacteriosis were evaluated. Different selection indexes were applied to determine the most appropriate selective strategy in the simultaneous increase of mass, number of fruits and productivity. Individual genotypic selection provided high gains for number of fruits and productivity (85.22% and 74.88%, respectively). Plants from the 325 x VAO progeny showed lower bacterial defoliation index and better means predicted for number of fruits and productivity. The progenies 325 x LD4, PL3 x LD4 and controls CSB-Marília and BRS-Gigante Amarelo showed plants with better means predicted for characters related to fruit quality. In this work, the indices of additive and multiplicative selection can be considered more adequate as they provide greater gains for the number of fruits and productivity. The analysis using the REML / BLUP method proved to be adequate for predicting gains with good prospects for the genetic improvement of passion fruit.

Key-words: mixed models, genetic breeding, genetic parameters, multispecific hybrids, *Passiflora* spp.

4.1 INTRODUÇÃO

O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de maracujá (*Passiflora edulis* Sims). Em 2016, a produtividade média brasileira foi de 14,1 ton/ha (IBGE, 2016), entretanto, o potencial da cultura pode ultrapassar a produtividade de 40 t ha⁻¹ ano⁻¹ em condições de campo e 75 t ha⁻¹ ano⁻¹, em cultivos de maracujá em estufa no Distrito Federal (FALEIRO et al., 2019a). A baixa produtividade média brasileira está relacionada a questões fitossanitárias, manejo inadequado da cultura e

não utilização de cultivares melhoradas e adaptadas às condições edafoclimáticas de cada região do país (PIMENTEL et al., 2008, FALEIRO et al., 2019b). Assim, os programas de melhoramento genético de maracujá visam a obtenção de novas cultivares, mais produtivas e, principalmente, resistentes a pragas e patógenos.

Uma das estratégias adotadas pelos programas de melhoramento de maracujá da Embrapa e parceiros tem sido a realização de cruzamentos interespecíficos para introgressão de genes de resistência, presentes nas espécies silvestres e nas variedades comerciais (FALEIRO et al., 2011). No entanto, as espécies silvestres possuem algumas características agrônômicas indesejáveis, tornando-se necessária estratégias iniciais de pré-melhoramento e um processo de seleção entre e dentro das progênies obtidas no sentido de recuperar as características agrônômicas do genoma recorrente, mantendo-se os genes de resistência a pragas e doenças (FALEIRO et al., 2011). Assim, é importante selecionar plantas que produzam frutos que expressem características físico-químicas capazes de atender às exigências do mercado a que se destina (BRUCKNER, 2011). Para as indústrias de processamento, os frutos devem ter valores elevados de rendimento de suco, de sólidos solúveis totais e acidez total titulável (MELLETTI et al., 2002; ABREU et al., 2009). Ao consumo in natura interessa poder adquirir frutas atrativas, de maior tamanho, elevada concentração de sólidos solúveis totais e baixa acidez total titulável, de forma que garanta o sabor da mesma (BRUCKNER, 2011).

Entre as principais doenças do maracujazeiro, destaca-se a bacteriose causada por *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae* (MELETTI et al., 2005). A bacteriose ataca a parte aérea da planta, podendo originar intensa desfolha, seca de ponteiros e, conseqüentemente, morte prematura das plantas (LIMA, 2004). Algumas espécies de passifloras comportam-se como resistentes em relação às principais doenças da parte aérea (virose, bacteriose e antracnose), em condições de campo, no Distrito Federal (JUNQUEIRA et al., 2005).

A alta variabilidade genética presente nas progênies de cruzamentos interespecíficos contribui para o aumento da eficiência de seleção, porém, seu sucesso dependerá também da acurácia do método utilizado (SANTOS et al., 2015). No caso dos experimentos realizados com híbridos interespecíficos, a taxa de mortalidade de plantas é alta e, conseqüentemente, nem sempre se tem o mesmo número de indivíduos por tratamento. Assim, na maioria das vezes, a condução,

caracterização e avaliação das progênes ocorre em experimentos desbalanceados (OLIVEIRA et al., 2013). Nestas situações, para se estimar os parâmetros genéticos e prever valores genotípicos, o método de modelos mistos REML/BLUP (Máxima verossimilhança restrita / valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado) é o mais indicado, visto que pode ser aplicado em dados desbalanceados (KALIL-FILHO et al., 2000). A avaliação genética baseada em modelos mistos REML/BLUP apresenta grande potencial no aumento do progresso genético e da acurácia do processo de seleção (FREITAS et al., 2013) e, adicionalmente, esse modelo usa a informação do pedigree, considerando assim, o parentesco e a endogamia (Mrode, 2005). Devido às suas vantagens, a sua utilização tem crescido expressivamente na estimação de parâmetros genéticos e seleção de genótipos em espécies fruteiras como mamão (OLIVEIRA et al., 2012), açaí (TEIXEIRA et al., 2012), goiaba (QUINTAL et al., 2017), pêssego (BRUNA et al., 2012), coco (FARIAS NETO et al., 2009), maracujá (ASSUNÇÃO, 2014, SILVA et al., 2014; SANTOS et al., 2015, SILVA et al., 2016; FERREIRA et al., 2013 e 2016), entre outras culturas.

A seleção de genótipos superiores deve ser realizada considerando múltiplos caracteres simultaneamente, uma vez que as cultivares de mérito econômico aliam caracteres de interesse do agricultor e do consumidor (RODRIGUES et al., 2011). A seleção simultânea pode ser realizada por diferentes métodos, sendo que os índices de seleção têm sido frequentemente utilizados em fruteiras (TEIXEIRA et al., 2012, SILVA E VIANA, 2012, ATROCH et al., 2010, PAIVA et al., 2007, FREITAS et al., 2012, SILVA et al., 2009). Estes índices são obtidos como combinações lineares das medidas de diversos caracteres, podendo ser eficientes, uma vez que, permitem a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuem diferentes pesos aos caracteres estudados e valorizam atributos julgados de maior importância pelo pesquisador (FALCONER, 1987). Tais índices são geralmente construídos a partir das estimativas de parâmetros genéticos e médias fenotípicas obtidas pelo método da análise de variância (PEDROZO et al., 2009). No entanto, a construção de índices através de componentes de variância estimados por REML e valores genéticos preditos por BLUP pode resultar em um processo de seleção mais acurado (REZENDE, 2002b). O índice de seleção via modelos mistos para prever ganhos genéticos pode ser obtido por três diferentes abordagens, sendo: aditivo ou clássico

(SMITH, 1936; Hazel, 1943), multiplicativo (SUBANDI et al., 1973) e com base na soma de postos (MULAMBA e MOCK, 1978).

Este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e obter valores genotípicos preditos para 7 caracteres físicos de frutos, número de frutos, produtividade e índice de desfolha por bacteriose, bem como identificar e comparar a eficiência de três índices de seleção no incremento simultâneo de componentes da produção, em uma população composta por 11 progênies de híbridos multiespecíficos de maracujá azedo e 4 cultivares comerciais.

4.2 MATERIAIS E MÉTODOS

Um total de 11 progênies de irmãos completos foram obtidas a partir de cruzamentos interespecíficos envolvendo seis espécies silvestres (*P. alata* Curtis silvestre, *P. aff. amethystina* “macrocarpa”, *P. caerulea* L., *P. hastschbachii* Cervi, *P. incarnata* L., *P. quadrifaria* Vanderpl.) e matrizes comerciais de *P. edulis* Sims, utilizadas como genitores recorrentes (Tabela 1). Esses híbridos multiespecíficos (híbridos obtidos a partir do cruzamento entre duas ou mais espécies) foram selecionados ao longo do programa de melhoramento de maracujá da Embrapa e parceiros, por apresentarem bons graus de resistência a doenças, boa produtividade e/ou qualidade física de frutos. Como testemunhas foram avaliadas quatro cultivares comerciais: BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado, SCS 437 Catarina e MSC-Marília (Tabela 1).

Tabela 1. Relação de cultivares e híbridos multiespecíficos avaliados e suas respectivas origens genéticas.

#	Genótipo	Origem genética / Planta
---	----------	--------------------------

1	BRS Gigante Amarelo	<i>P. edulis</i> / 1 a 12
2	BRS Sol do Cerrado	<i>P. edulis</i> / 13 a 18
3	SCS 437 Catarina	<i>P. edulis</i> / 19 a 24
4	PL3 x GA x LD4	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₄) / 25 a 33
5	ML1 x LD4	(<i>P. edulis</i> x <i>P. cf. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₆) / 34 a 40
6	LD4 x ML 1	<i>P. edulis</i> x (<i>P. edulis</i> x <i>P. cf. amethystina</i>) (RC ₆) / 41 a 51
7	ML 1 x VAO	[(<i>P. edulis</i> x <i>P. cf. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₅)] x (<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i>) (RC ₅) / 52 a 64
8	VAO x ML 1	(<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i>) (RC ₅) x [(<i>P. edulis</i> x <i>P. cf. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₅)] / 65 a 76
9	VAO x 325	(<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i>) (RC ₆) x (<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i>) (RC ₅) / 77 a 90
10	325 x VAO	(<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i>) (RC ₅) x (<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i>) (RC ₆) / 91 a 103
11	PL4 x LD4	[(<i>P. edulis</i> x <i>P. incarnata</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₃)] x [(<i>P. edulis</i> x <i>P. cf. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₅)] / 104 a 108
12	PL3 x LD4	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₂) / 109 a 115
13	M Rubi x ML 1	[(<i>P. alata</i> x <i>P. edulis</i> “roxo”) x <i>P. edulis</i>] x [(<i>P. edulis</i> x <i>P. cf. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₅)] / 116 a 123
14	MSC-Marília	<i>P. edulis</i> / 124 a 133
15	325 x LD4	<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i> (RC ₆) / 134 a 145

RC: retrocruzamento

O ensaio foi instalado no início de outubro de 2017 na área experimental da Embrapa Cerrados, em Planaltina, DF (15°36'19''S, 47°42'40''W, 1.007 m de altitude), em um latossolo vermelho distrófico típico, argiloso. A área está inserida no domínio morfoclimático do Cerrado, com clima tropical estacional (Aw). A condução das plantas foi realizada em espaldeiras verticais de 1,80 metros em altura e mourões distanciados 5 metros com dois fios de arame liso na altura de 1,4 e 1,8 metros, em relação ao solo. As mudas do tipo “mudão” (SOUZA et al., 2014) foram implantadas em campo de acordo com o sistema preconizado por Junqueira et al. (2006), com espaçamento de 2 metros entre plantas e três metros entre fileiras. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com seis repetições, e três plantas úteis por parcela.

A colheita e avaliação de frutos foram realizadas no período de março a abril de 2018 (primeiro período de floração). Um total de 5 frutos por planta foram avaliados para os seguintes caracteres: massa de fruto (MF), em g; diâmetros transversal do fruto (DT), em cm; diâmetro longitudinal do fruto (DL), em cm; espessura da casca (EC), em cm; rendimento de polpa (RP), em porcentagem, massa de polpa sem

semente (MPSS), em g; teor de sólidos solúveis (SST), em ° Brix. Determinara-se também, na primeira safra, o número de frutos por planta (NF), a produtividade estimada (PROD) em ton/ha, e o índice de desfolha causada por bacteriose (DESF), em porcentagem. A ocorrência da bacteriose se deu sob ocorrência de inóculo natural no campo.

Os dados foram analisados com auxílio do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE E DUARTE, 2007). A análise seguiu o modelo estatístico $y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados a média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

Os seguintes componentes de variância foram estimados (REML individual):

σ^2_a : variância genética aditiva

h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos ($h^2_a = \sigma^2_a / \sigma^2_f$), em que σ^2_f é a variância fenotípica

h^2_{mp} : herdabilidade da média das progêneses $\rightarrow h^2_{mp} = (0,25 \sigma^2_a) / [0,25 \sigma^2_a + \sigma^2_p / b + (0,75 \sigma^2_a + \sigma^2_e) / nb]$; em que b é o número de blocos; n é o número de parcelas; σ^2_a é a variância genética aditiva; σ^2_p é a variância genética entre progêneses; σ^2_e é a variação ambiental.

Acprog: acurácia da seleção de progêneses, assumindo sobrevivência completa ($Acprog = \sqrt{h^2_{mp}}$)

Média: média geral do experimento

Foram considerados os caracteres MF, NF e PROD para construção dos índices de seleção aditivo (IA), multiplicativo (IM), e com base na soma de postos (ISP), obtidos a partir da metodologia REML/BLUP, apresentados a seguir:

$IA = ((p \times NF) \times (VG \times NF)) + ((p \times MF) \times (VG \times MF)) + ((p \times PROD) \times (VG \times PROD))$

$IM = (VG \times NF) \times (VG \times MF) \times (VG \times PROD)$

$ISP = (r \times VG \times NF) + (r \times VG \times MF) + (r \times VG \times PROD)$

Em que: p : peso econômico estabelecido para o caractere; VG : valor genotípico predito; r : posto do genótipo.

No caso do índice aditivo, o peso econômico utilizado foi a razão da correlação genética entre o caráter selecionado e a produção de frutos, por meio da somatória

de todas as correlações dos caracteres que compõem o índice e a produção de frutos, conforme Resende (2002).

As estimativas da predição dos ganhos de seleção, utilizando-se os índices, foram obtidas com base na média dos valores genotípicos preditos dos indivíduos, sendo selecionadas as 3 melhores progênies.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.3.1 Estimativas de parâmetros genéticos e correlações genotípicas pelo método de modelos mistos

As estimativas de herdabilidade individual (h^2_a) variaram de 0,007 a 0,503 (Tabela 2). A herdabilidade individual para todos os caracteres foi baixa, com exceção de EC, considerando-se a classificação proposta por Batheria et al. (2006): alta ($>0,50$), moderada (0,30 a 0,50) e baixa ($<0,30$). Os maiores valores ocorreram para os caracteres DL, EC e NF, onde atingiram 0,24, 0,5 e 0,24, respectivamente (Tabela 2). Diferentes trabalhos de avaliação de progênies de maracujá azedo também apresentaram estimativas de baixa herdabilidade individual para os caracteres MF (Rocha, 2014; Freitas, 2014; Santos et al., 2015; SILVA et al., 2017); SST (ROCHA, 2014; FREITAS, 2014); NF (ROCHA, 2014; FREITAS, 2014; SILVA et al., 2017); PROD (FREITAS, 2014; SILVA et al., 2016; SILVA et al. 2017), DT, DL e EC (ROCHA, 2014; SANTOS et al., 2015). Os resultados de baixa h^2_a obtidos indicam a necessidade de adoção de métodos de seleção mais elaborados, como o teste de progênies. A magnitude da herdabilidade demonstra a importância de se realizar a seleção de genótipos baseando-se em seus valores genéticos preditos e não em valores fenotípicos observados (OLIVEIRA, 2012).

Apenas para EC, a h^2_a estimada em 0,503 foi moderada (Tabela 2). Resultados similares para este caractere em progênies de maracujá azedo foram obtidos por Silva, et al. (2012) e Silva et al. (2016) (0,5 e 0,42, respectivamente). Assim, a seleção baseada em valores fenotípicos e estratégias simples como a seleção massal para EC pode ser bem-sucedida. A espessura de casca é um caractere importante, tanto para a indústria de suco concentrado, quanto para o mercado da fruta in natura, por

ser inversamente proporcional ao rendimento do suco (VIANA et al., 2004; NEGREIROS et al., 2007).

Tabela 2. Estimativas dos componentes variância entre progênies de irmãos completos de maracujá azedo, variância genotípica individual (σ^2_a), variância fenotípica individual (σ^2_f), herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a), herdabilidade da média de progênies (h^2_{mp}), acurácia da seleção de progênies (A_{cprog}) e média geral da população obtidas pelo procedimento REML, para dez características avaliadas em 11 progênies de híbridos multiespecíficos de maracujá azedo e 4 cultivares comerciais. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

	MF	DT	DL	EC	RP	MPSS	SST	NF	PROD	DESF
	(g)	(cm)	(cm)	(cm)	(%)	(g)	(°Brix)		t ha-1	%
σ^2_a	112,62	0,06	0,14	0,008	0.0001	28,95	0,021	16,12	2,146	0,006
σ^2_f	2929,3	2,24	1,18	0,033	0.0224	373,3	5,77	131,43	22,64	0,063
h^2_a	0,077	0,05	0,24	0,503	0,015	0,155	0,007	0,245	0,189	0,205
h^2_{mp}	0,355	0,32	0,67	0,848	0,121	0,496	0,049	0,689	0,605	0,538
A_{cprog}	0,59	0,57	0,82	0,92	0,35	0,70	0,22	0,83	0,78	0,73
Média	202,53	7,88	9,68	0,63	0,42	58,55	9,18	16,29	5,75	0,31

MF: massa de fruto; DT: diâmetro transversal do fruto; DL: diâmetro longitudinal do fruto; EC: espessura da casca; RP: rendimento de polpa; PPSS: massa de polpa sem semente; SST: teor de sólidos solúveis; NF: número de frutos; PROD: produtividade estimada; DESF: índice de desfolha.

Ao considerar a herdabilidade da média das progênies (h^2_{mp}), observam-se valores superiores aos valores obtidos para h^2_a . As estimativas de h^2_{mp} variaram de 0,049 a 0,85, sendo que os maiores valores foram obtidos para DL, EC e NF (Tabela 2; 0,67, 0,85 e 0,69, respectivamente). Nestes casos, a seleção pode ser mais efetiva utilizando-se as informações das progênies. Viana et al. (2004), Moraes et al. (2005) e Santos et al. (2015) encontraram altos valores de h^2_{mp} para NF (0,87, 0,92 e 0,82, respectivamente) em populações de maracujá azedo. O NF é um caractere de extrema importância para o melhoramento uma vez que está diretamente relacionado a produtividade. A EC e DL também são caracteres relevantes a serem considerados no processo de seleção, pois possuem correlação negativa com RP, e NF, de -0,88 e -0,23, respectivamente (Tabela 3). Considerando-se que RP apresentou baixo valor

de herdabilidade, a seleção indireta para este caractere, com base na EC, torna-se uma estratégia interessante na seleção de progênies superiores para RP.

Os menores valores de h^2_{mp} , 0,049 e 0,121, foram estimados para SST e RP, respectivamente (Tabela 2). As estimativas de valores de baixa magnitude de herdabilidade podem ocorrer devido ao efeito ambiental no caractere. Ferreira et al. (2016) salientam que os estimadores BLUP são recomendados para caracteres de baixa herdabilidade e que trazem valores consideráveis de ganho genético na seleção de indivíduos. A herdabilidade é uma propriedade não somente de um caractere, mas também da população e das circunstâncias de ambientes às quais os indivíduos estão sujeitos, podendo o seu valor ser afetado se houver alteração dos componentes das variâncias genéticas e fenotípicas (FALCONER, 1981). Portanto, esse parâmetro pode variar de acordo com o caractere avaliado, o método de estimação, a diversidade na população, a unidade experimental considerada, o tamanho da amostra avaliada, o nível de endogamia da população, o número e tipos de ambientes considerados e a precisão na condução do experimento e na coleta de dados (HALLAUER E MIRANDA FILHO, 1988; BORÉM, 2005). Desta forma, estas estimativas não devem ser extrapoladas para outras populações (SANTOS et al., 2015).

Os valores de acurácia variaram de 0,22 a 0,92, sendo considerados valores de baixa a muito alta magnitude (Tabela 2). De acordo com Resende e Duarte (2007), este parâmetro refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos. Os autores também ressaltam que a acurácia é tanto mais alta quanto menores forem os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos e os valores genéticos estimados ou preditos. Esta estatística varia de 0 a 1, e pode ser classificada como muito alta ($\check{r}_{gg} \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq \check{r}_{gg} < 0,90$), moderada ($0,50 \leq \check{r}_{gg} < 0,70$) e baixa ($\check{r}_{gg} < 0,50$). A qualidade da avaliação genotípica deve ser inferida preferencialmente com base na acurácia. O valor de acurácia de 0,92 para EC foi muito alto (Tabela 2). Valores considerados altos foram obtidos para DL, NF, PROD e DESF (0,82, 0,83, 0,78 e 0,73, respectivamente), enquanto estimativas de baixa e moderada magnitude foram observadas para MF, DT, RP e SST 0,59, 0,57, 0,35 e 0,22, respectivamente (Tabela 2). Valores de acurácia acima de 0,90 só são possíveis para caracteres com alta herdabilidade (RESENDE E DUARTE, 2007). Valores de

acurácia maiores que 0,70 são suficientes para propiciar uma inferência precisa sobre o valor genético das progênies (SANTOS et al., 2015).

Verificaram-se correlações significativas e positivas entre os caracteres MF x DT (0,78), MF x EC (0,64); PROD x NF (0,96), PROD x DT (0,47) e EC x DT (0,57). Correlações significativas e altamente negativas foram observadas entre RP x MF (-0,49), RP x EC (-0,88), DESF x PPSS (-0,53) e DESF x DT (-0,53) (Tabela 3). Freitas et al (2012) também obtiveram resultados similares tanto para as correlações positivas como para as negativas entre os mesmos caracteres avaliados neste estudo, ao analisar progênies de maracujá azedo, com exceção de DESF. Os resultados de correlação demonstram que frutos de maracujazeiro de maior massa possuem maior dimensão transversal, maior espessura de casca e menor rendimento de polpa. Observação semelhante foi feita por Oliveira et al (2008) e Freitas et al. (2012), na análise de progênies de maracujá azedo, mostrando que estas relações são estáveis, independente da origem genética do material. Assim, a seleção feita no sentido de se obter frutos maiores e mais pesados, pode se tornar um problema, principalmente quando destinado a indústria, devido à alta resposta correlacionada, no sentido inverso, para RP.

Tabela 3. Estimativas de correlações genotípicas entre nove caracteres avaliados em 11 progênies de híbridos multiespecíficos de maracujá-azedo e 4 cultivares. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

Caractere	Correlações									
	SST	DT	DL	EC	PPSS	NF	PROD	DESF	RP	
MF	0,30	0,78**	0,36	0,64*	0,61	0,12	0,36	-0,17	-0,49*	
SST		0,25	0,46	-0,07	0,68**	-0,3*	-0,23	-0,13	0,12	
DT			0,1	0,57**	0,48	0,29	0,47*	-0,03	-0,34**	
DL				0,19	0,24	-	0,23*	-0,14*	0,36	-0,04
EC					-0,13	0,18	0,34	0,38	-0,88**	
PPSS						-0,16	-0,01	-0,53*	0,15	
NF							0,96**	-0,37	-0,03	
PROD								-0,39	-0,15	

Tabela 3. Continuação

DESF	-0,33*
------	--------

**, *: significativa a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste T, respectivamente.

4.3.2 Seleção genotípica individual e seleção de progênies via BLUP

Os 30 melhores indivíduos foram identificados para todos os caracteres avaliados de acordo com os ganhos genéticos preditos e as novas estimativas das médias (Tabela 4). O valor genético predito diz respeito ao valor genético observado sem o efeito ambiental (OLIVEIRA, 2012). O ganho genético estimado equivale ao valor genético predito para o genótipo selecionado, e a nova média refere-se a média geral somada ao ganho genético (SANTOS et al., 2015).

Comparando-se as novas médias preditas com a média geral da população, observou-se maiores estimativas de ganho para os caracteres NF e PROD de até 85,22 e 74,88%, respectivamente (Tabela 4). Ganhos menores, porém satisfatórios, foram obtidos para os caracteres MF (10,55%), DT (10,56%), DL (9,94%), RP (5,79%), PPSS (18,64%), SST (0,67%). Para os caracteres EC e DESF, consideram-se os melhores indivíduos aqueles que possuem os menores valores estimados de ganho: 1,77% e -0,10%, respectivamente (Tabela 4).

As plantas 95, 97 e 100 da progênie 325 x VAO (progênie 10; Tabela 1) obtiveram melhores médias preditas para os caracteres considerados mais relevantes dentro do programa de melhoramento: DESF (31%), NF (30,17 frutos) e PROD (10,06 ton/ha), respectivamente (Tabela 4). A progênie 10 foi obtida do cruzamento envolvendo as espécies *P. caerulea* e *P. edulis* (híbrido biespecífico). A espécie *P. caerulea* é considerada como promissora fonte de resistência à *Xanthomonas axonopodis* pv. *Passiflorae* (OLIVEIRA e RUGGIERO, 1998, FALEIRO et al., 2005, FUHRMANN et al., 2014). O genitor feminino (325) da progênie 10 é uma matriz selecionada por Fuhrmann et al. (2014) por se destacar, entre progênies de híbridos interespecíficos, como o genótipo mais resistentes à bacteriose, com maiores médias de MF (210,04g) e massa de polpa com semente (93,89g), e SST desejável (13,2°Brix). Já o genitor masculino da progênie 10 (VAO) é a planta P1R3 selecionada dentro da progênie obtida pelo cruzamento entre 325 x LD4 (Tabela 5, do Capítulo 2). Essa planta, propagada por estaquia, se destacou entre progênies de híbridos

interespecíficos, ficando em 1ª posição no ranking dos melhores indivíduos (Tabela 5, Cap. 2), considerando os caracteres de tolerância à antracnose, MF e NF (dados não publicados). Assim, alelos favoráveis para os caracteres de resistência à bacteriose (DESF), NF e PROD presentes nos genitores, possivelmente, foram transmitidos para os indivíduos superiores da progênie 10.

Os indivíduos 134, 138 e 139 da progênie 325 x LD4 (Progênie 15, Tabela 1) apresentaram melhores médias preditas para MF, PPSS e DT (Tabela 4; 223,9g, 69,47g e 8,71cm, respectivamente). Esta progênie, assim como a progênie 10, foi obtida a partir cruzamento envolvendo as espécies *P. caerulea* e *P. edulis*. Como já dito anteriormente, o genitor feminino da progênie, matriz 325, possui resistência à bacteriose. Já o genitor masculino LD4 é uma matriz com predominância de flores com 4 estigmas e 4 carpelos, e um dos genitores da cultivar BRS Sol do Cerrado. Esashika (2018) observou que frutos formados por flores tetracarpelares apresentam massa de fruto, massa de polpa e diâmetro transversal, 20%, 40% e 10% superiores às médias estimadas para frutos de flores tricarpelares, respectivamente. Assim, os resultados obtidos pelos indivíduos 134, 138 e 139 da progênie 15 sugerem que alelos favoráveis para MF, PPSS e DT foram obtidos nos ciclos de retrocruzamento com o genitor recorrente LD4. Apesar dos caracteres MF e DT apresentarem correlação negativa com RP (tabela 3), esses indivíduos, bem como a própria progênie 15, apresentaram médias satisfatórias para RP, com valores acima de 40% (Tabelas 4 e 5).

Os indivíduos 111 e 113 da progênie PL3 x LD4 (progênie 12; Tabela 1) obtiveram melhores estimativas de RP (45%) e de EC (0,64 cm), respectivamente (Tabela 4). Esta progênie é resultado do cruzamento envolvendo 4 espécies (*P. hatschbachii*, *P. quadrifaria*, *P. incarnata* e *P. edulis* – um híbrido tetraespecífico), e está em fase inicial de retrocruzamento (RC₂). Os acessos de *P. hatschbachii*, *P. quadrifaria* e *P. incarnata*, utilizados como parentais neste trabalho, apresentam EC fina (média de 0,45, 0,20 e 0,45cm, respectivamente). Este caractere é considerado importante para os programas de melhoramento de maracujá, uma vez que, quando desenvolvido para a agroindústria, o fruto precisa ter casca fina e cavidade interna completamente preenchida, o que confere maior rendimento de suco (FALEIRO et al., 2005). A correlação entre EC e RP foi negativa e muito alta (Tabela 6; -0,88), indicando que é possível a seleção indireta para RP, com base na EC.

Com relação as testemunhas, indivíduos das progênies CSB-Marília e BRS-Gigante amarelo destacaram-se com relação a DL e SST, respectivamente. A planta 124 da progênie 14, CSB-Marília (Tabela 1), obteve maior média para DL (10,65cm; ganho de 9,94%) (Tabela 4). De acordo com Freitas et al. (2012), o DL está negativamente correlacionado com NF (-0,61). Neste estudo, a correlação entre DL e NF também foi negativa e significativa a 1% de probabilidade, estimada em -0,23 (Tabela 3). Assim, apesar de apresentar médias maiores de DL, a progênie 14 obteve média de NF considerada baixa em relação a maioria das progênies (2,77), ficando em antepenúltima posição (Tabela 6).

Com relação ao SST, a planta 3 da progênie BRS-Gigante amarelo (Tabela 1), apresentou maior média, com 9,24 °Brix. No entanto, é importante observar que, o ganho para SST foi de apenas 0,67%, sendo que as médias verificadas entre os 30 melhores genótipos variaram pouco, entre 9,21 e 9,24. A média geral da população de SST (9,18 °Brix) é considerada baixa, uma vez que, valores acima de 13 °Brix são desejáveis tanto para indústria como para o mercado de frutos in natura (Tabela 2). O conteúdo de sólidos solúveis aumenta conforme o desenvolvimento do fruto e varia de acordo com a cultivar, a região, a safra, o manejo do pomar e a localização do fruto na planta (Crisosto et al., 1995). A infecção por patógenos pode reduzir o teor de SST em frutos. Em frutos de laranja 'Pera Rio', por exemplo, a doença "huanglongbing" reduz os teores de sólidos solúveis totais (Silva, et al., 2005). Fisher et al., (2010) encontraram correlação negativa (-0,12) entre incidência de doenças fúngicas em pêssago e teor de sólidos solúveis totais. Santos et al. (2005) verificaram que a infecção por oídio em melão reduziu em 22,2% o teor de SST. Valores baixos de SST (8,9 a 12,9) também foram obtidos por Fuhrmann (2011) ao avaliar progênies de híbridos interespecíficos de maracujá azedo atacadas por diferentes patógenos. Assim, embora a correlação negativa entre SST e DESF não ter sido significativa (Tabela 3), os baixos valores de SST encontrados na população avaliada podem ter relação com a ocorrência de bacteriose e outras doenças, uma vez que não foi realizado controle de doenças.

Os resultados mostram que as médias dos híbridos para os principais caracteres de importância agrônômica foram superiores às das testemunhas, sendo que os híbridos listados em 1º lugar no ranking pertencem às progênies 10, 12 e 15 (Tabela 4). Indivíduos da progênie 325 x VAO (*P. caerulea* x *P. edulis*- RC6)

apresentaram aumento na produtividade estimada de até 49,21 e 54,48%, em relação as cultivares BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado, respectivamente, considerando as médias genóticas preditas. Essas cultivares são, atualmente, as mais utilizadas por produtores de maracujá em vários Estados do Brasil. Assim, as matrizes 325 e VAO podem ser consideradas as mais promissoras para obtenção de novas variedades mais produtivas.

Tabela 4. Estimativas de ganho genéticos percentuais e novas médias preditas estimados via REML/BLUP obtidos pelos 30 melhores genótipos de maracujá azedo selecionados para nove caracteres morfoagronômicos. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

#	MF (g)		DT (cm)		DL (cm)		EC (cm)		RP (%)		PPSS (g)		SST (°BRIX)		NF		PROD (t ha ⁻¹)		DESF (%)	
	Ganho (%)	Nova Média /Pi	Ganho (%)	Nova Média /Pi	Ganho (%)	Nova Média /Pi	Ganho (%)	Nova Média /Pi	Ganho (%)	Nova Média /Pi	Ganho (%)	Nova Média /Pi	Ganho (%)	Nova Média /Pi	Ganho (%)	Nova Média /Pi	Ganho (%)	Nova Média /Pi	Ganho (%)	Nova Média /Pi
1	10,55	223,90 / 15	10,56	8,71 / 15	9,94	10,65 / 14*	1,77	0,64 / 12	5,79	44,59 / 12	18,64	69,47 / 15	0,67	9,24 / 1*	85,22	30,17/ 10	74,88	10,06/ 10	-0,10	0,31/ 10
2	9,63	222,03 / 15	7,56	8,48 / 15	9,33	10,59 / 14*	2,03	0,64 / 12	4,10	43,89 / 12	18,46	69,37 / 15	0,64	9,24 / 1*	80,09	29,33/ 10	74,86	10,06/ 10	0,19	0,31/ 4
3	9,19	221,15 / 15	6,49	8,39 / 15	9,01	10,56 / 14*	2,30	0,65 / 12	3,51	43,64 / 12	17,65	68,89 / 15	0,62	9,23 / 1*	77,33	28,88/ 10	73,10	9,95/ 10	0,42	0,31/ 15
4	8,97	220,69 / 15	5,91	8,35 / 15	8,74	10,53 / 14*	2,54	0,65 / 5	3,11	43,47 / 12	17,14	68,59 / 15	0,61	9,23 / 5	74,59	28,44/ 10	71,44	9,86/ 10	0,65	0,31/ 6
5	8,76	220,28 / 15	5,53	8,32 / 15	8,54	10,51 / 14*	2,77	0,65 / 12	2,87	43,37 / 12	16,80	68,3 / 9/ 2*	0,59	9,23 / 1*	71,57	27,95/ 10	70,02	9,78/ 10	0,90	0,31/ 1*
6	8,62	220,00 / 15	5,26	8,30/ 15	8,39	10,50 / 13	3,00	0,65 / 4	2,70	43,30/ 12	16,11	67,99 / 15	0,58	9,23 / 1*	69,42	27,59/ 10	67,55	9,64/ 10	1,13	0,31/ 4
7	8,52	219,78 / 15	5,07	8,28/ 15	8,20	10,48 / 12	3,22	0,65 / 12	2,54	43,23/ 12	15,61	67,70 / 15	0,57	9,23 / 5	67,82	27,33/ 12	65,11	9,50/ 12	1,35	0,31/ 15
8	8,42	219,58 / 15	4,91	8,27/ 15	8,02	10,46 / 14*	3,44	0,65 / 1*	2,40	43,17/ 6	15,20	67,46 / 6	0,55	9,23 / 13	65,88	27,02/ 10	62,79	9,36/ 10	1,58	0,31/ 7
9	8,27	219,27 / 14*	4,79	8,26/ 15	7,86	10,45 / 14*	3,66	0,65 / 4	2,28	43,12/ 6	14,84	67,25 / 6	0,54	9,23 / 13	63,99	26,71/ 8	60,95	9,26/ 7	1,81	0,31/ 15
10	8,14	219,01 / 15	4,70	8,25/ 15	7,73	10,43 / 7	3,88	0,66 / 4	2,18	43,08/ 6	14,53	67,07 / 15	0,52	9,23 / 1*	61,53	26,31/ 10	59,06	9,15/ 10	2,03	0,32/ 10
11	8,01	218,75 / 15	4,58	8,24/ 15	7,57	10,42 / 13	4,09	0,66 / 6	2,09	43,04/ 6	14,26	66,91 / 15	0,51	9,22 / 1*	59,42	25,97/ 10	57,49	9,06/ 15	2,26	0,32/ 10
12	7,88	218,48 / 15	4,43	8,23/ 15	7,40	10,40 / 7	4,29	0,66 / 5	2,02	43,01/ 7	14,03	66,77 / 15	0,50	9,22 / 13	57,61	25,67/ 7	55,58	8,95/ 10	2,48	0,32/ 12
13	7,75	218,22 / 15	4,22	8,21 / 8	7,26	10,39 / 14*	4,52	0,66 / 3*	1,95	42,98/ 8	13,82	66,65 / 15	0,49	9,22 / 5	55,96	25,40/ 10	53,88	8,85/ 10	2,71	0,32/ 1*
14	7,63	217,98 / 14*	4,02	8,20 / 8	7,13	10,37 / 7	4,74	0,66 / 11	1,87	42,95/ 6	13,62	66,53 / 15	0,48	9,22 / 1*	54,53	25,17/ 12	52,42	8,77/ 10	2,94	0,32/ 12
15	7,50	217,73 / 14*	3,85	8,19 / 8	7,01	10,36 / 7	4,94	0,66 / 6	1,83	42,93/ 6	13,44	66,42 / 1*	0,48	9,22 / 6	53,28	24,97/ 10	51,06	8,69/ 15	3,13	0,32/ 15
16	7,32	217,35 / 14*	3,68	8,17 / 7	6,89	10,35 / 7	5,17	0,66 / 1*	1,78	42,91/ 6	13,27	66,32 / 2*	0,47	9,22 / 6	52,14	24,78/ 10	49,80	8,61/ 6	3,35	0,32/ 115
17	7,15	217,01 / 2*	3,53	8,16 / 7	6,75	10,34 / 14*	5,37	0,66 / 6	1,73	42,89/ 6	13,10	66,22 / 6	0,46	9,22 / 1*	51,04	24,60 / 8	48,67	8,55/ 10	3,58	0,32/ 15
18	6,96	216,63 / 10	3,40	8,15 / 9	6,62	10,32 / 13	5,58	0,67 / 5	1,68	42,87/ 9	12,91	66,11 / 2*	0,46	9,22 / 1*	49,96	24,42 / 8	47,64	8,49/ 15	3,81	0,32/ 15

Tabela 4. Continuação

19	6,78	216,26 / 14*	3,28	8,14 / 8	6,50	10,31 / 13	5,78	0,67 / 6	1,64	42,85/ 6	12,71	66,00 / 14	0,45	9,22 / 6	48,98	24,27 / 8	46,72	8,44/ 9	4,03	0,32/ 15
20	6,60	215,89 / 10	3,17	8,13 / 8	6,37	10,30 / 7	5,99	0,67 / 11	1,61	42,83/ 5	12,54	65,90 / 15	0,44	9,22 / 13	48,09	24,12 / 9	45,78	8,38/ 15	4,26	0,32/ 15
21	6,43	215,55 / 2*	3,07	8,12 / 10	6,25	10,29 / 7	6,21	0,67 / 11	1,57	42,82/ 11	12,37	65,8 0/ 2*	0,44	9,22 / 5	47,25	23,98 / 8	44,93	8,33/ 15	4,48	0,32/ 1*
22	6,26	215,21 / 1*	2,97	8,12 / 7	6,13	10,28 / 14*	6,40	0,67 / 6	1,52	42,80 / 11	12,21	65,71 / 14	0,43	9,22 / 15	46,41	23,85 / 8	44,05	8,28 / 8	4,71	0,32/ 1*
23	6,10	214,89 / 7	2,88	8,11 / 8	6,03	10,27 / 6	6,61	0,67 / 6	1,49	42,78 / 11	12,07	65,62 / 15	0,42	9,22 / 13	45,54	23,71 / 12	43,18	8,23 / 15	4,94	0,32/ 6
24	5,95	214,59 / 7	2,80	8,10 / 3*	5,93	10,26 / 12	6,81	0,67 / 8	1,45	42,77 / 11	11,93	65,54 / 1*	0,42	9,22 / 15	44,68	23,57 / 6	42,37	8,19 / 7	5,16	0,33/ 1*
25	5,81	214,30 / 2*	2,73	8,10 / 8	5,84	10,25 / 12	7,00	0,68 / 7	1,42	42,76 / 5	11,80	65,47 / 6	0,41	9,22/ 6	43,88	23,43 / 8	41,60	8,14 / 8	5,39	0,33/ 4
26	5,67	214,02 / 14*	2,66	8,09 / 1*	5,75	10,24 / 6	7,21	0,68 / 12	1,40	42,74 / 5	11,68	65,40 / 1*	0,41	9,21/ 1*	43,11	23,31 / 7	40,87	8,10 / 7	5,65	0,33/ 12
27	5,55	213,76 / 14	2,59	8,09 / 1*	5,65	10,23 / 13	7,42	0,68 / 9	1,35	42,73 / 5	11,55	65,32 / 6	0,40	9,21/ 6	42,35	23,19 / 8	40,19	8,06 / 15	5,84	0,33/ 6
28	5,43	213,52 / 1*	2,53	8,08 / 1*	5,54	10,22 / 7	7,62	0,68 / 6	1,33	42,72 / 11	11,42	65,24 / 14*	0,40	9,21 / 2*	41,62	23,07 / 15	39,54	8,02 / 12	6,10	0,33/ 6
29	5,31	213,29 / 10	2,47	8,08 / 8	5,44	10,21 / 6	7,81	0,68 / 15	1,30	42,71 / 5	11,29	65,17 / 5	0,39	9,21 / 15	40,89	22,95 / 7	38,94	7,99 / 15	6,32	0,33/ 10
30	5,20	213,07 / 14*	2,42	8,07 / 3	5,35	10,20 / 8	8,00	0,68 / 5	1,28	42,69 / 5	11,14	65,08 / 1*	0,39	9,21 / 6	40,20	22,84 / 9	38,37	7,96 / 12	6,55	0,33/ 10

Nota. #: ordem; Pi: número da progênie a qual o indivíduo pertence: 1- BRS Gigante Amarelo, 2- BRS Sol do Cerrado, 3- SCS 437 Catarina, 4- PL3 x GA, 5- ML1 x LD4, 6- LD4 x ML1, 7- ML1 x VAO, 8- VAO x ML1, 9- VAO X 352, 10- 325 X VAO, 11- PL4 X LD4, 12- PL3 X LD4, 13- M Rubi x ML1, 14- MSC Marília, 15- 325 x LD4. *testemunhas. MF: massa de fruto; DT: diâmetro transversal do fruto; DL: diâmetro longitudinal do fruto; EC: espessura da casca; RP: rendimento de polpa; PPSS: massa de polpa sem semente; SST: teor de sólidos solúveis; NF: número de frutos; PROD: produtividade estimada; DESF: índice de desfolha.

Os ganhos obtidos pela seleção de progênes (Tabelas 5 e 6) foram consideravelmente menores do que os obtidos através da seleção individual. A progênie 15 destacou-se com maiores ganhos para MF (6,99%), DT (3,97%), e com menor ganho (desejável) para DESF (0%).

A progênie 10 apresentou maiores ganhos em relação as demais progênes para NF (46,66%) e PROD (44,93%). A progênie 12 obteve maior ganho para RP (2,11%) e por fim, a progênie 14 obteve maiores ganhos para DL (6,12%) (Tabelas 5 e 6).

Tabela 5. Ordenação de 11 progênies de híbridos multiespecíficos de maracujá-azedo e 4 cultivares quanto aos ganhos genéticos e novas médias preditas estimados via REML/BLUP para os caracteres massa de fruto (MF), diâmetro transversal e longitudinal (DT e DL, respectivamente), espessura de casca (EC) e rendimento de polpa (RP). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

#	MF (g)			DT (cm)			DL (cm)			EC (cm)			RP (%)		
	Pi	Ganho (%)	Nova Média	Pi	Ganho (%)	Nova Média	Pi	Ganho (%)	Nova Média	Pi	Ganho (%)	Nova média	Pi	Ganho (%)	Nova média
1	15	6,99	216,69	15	3,97	8,1945	14*	6,12	10,27	12	0	0,73	12	2,11	0,43
2	14*	4,99	212,64	8	2,43	8,0731	13	4,68	10,13	6	1,55	0,73	6	1,56	0,43
3	2*	3,88	210,39	7	1,76	8,0208	7	4,19	10,09	5	2,73	0,73	11	1,20	0,43
4	10	3,12	208,85	3*	1,42	7,9941	6	3,49	10,02	4	4,04	0,72	5	1,02	0,42
5	7	2,59	207,78	13	1,20	7,9762	12	3,07	9,98	11	5,57	0,72	8	0,83	0,42
6	1*	2,21	207,00	9	1,04	7,9641	15	2,58	9,93	1*	7,2	0,71	1*	0,71	0,42
7	6	1,89	206,35	10	0,93	7,9554	8	2,21	9,89	3*	8,41	0,70	3*	0,61	0,42
8	13	1,60	205,78	1*	0,85	7,9487	5	1,91	9,86	8	9,84	0,69	4	0,52	0,42
9	9	1,35	205,27	2*	0,75	7,9409	3*	1,67	9,84	2*	11,2	0,68	2*	0,45	0,42
10	3	1,12	204,80	6	0,65	7,9333	2*	1,47	9,82	7	12,63	0,67	15	0,35	0,42
11	8	0,91	204,37	5	0,56	7,9259	11	1,20	9,80	9	14,17	0,66	9	0,28	0,42
12	5	0,71	203,97	14*	0,43	7,9157	1*	0,94	9,77	14*	15	0,65	13	0,21	0,42
13	12	0,48	203,50	12	0,30	7,9052	10	0,69	9,75	15	16,04	0,64	7	0,16	0,42
14	11	0,24	203,02	11	0,16	7,8944	9	0,33	9,71	13	16,93	0,64	14*	0,07	0,42
15	4	0,00	202,53	4	0,00	7,8815	4	0,00	9,68	10	17,06	0,63	10	0,00	0,42

Nota. #: ordem; Pi: número da progênie a qual o indivíduo pertence: 1- BRS Gigante Amarelo, 2- BRS Sol do Cerrado, 3- SCS 437 Catarina, 4- PL3 x GA, 5- ML1 x LD4, 6- LD4 x ML1, 7- ML1 x VAO, 8- VAO x ML1, 9- VAO X 352, 10- 325 X VAO, 11- PL4 X LD4, 12- PL3 X LD4, 13- M Rubi x ML1, 14- MSC Marília, 15- 325 x LD4. *testemunhas. MF: massa de fruto; DT: diâmetro transversal do fruto; DL: diâmetro longitudinal do fruto; EC: espessura da casca; RP: rendimento de polpa; PPSS: massa de polpa sem semente; SST: teor de sólidos solúveis; NF: número de frutos; PROD: produtividade estimada; DESF: índice de desfolha.

Tabela 6. Ordenação de 11 progênies de híbridos multiespecíficos de maracujá-azedo e 4 cultivares quanto aos ganhos genéticos e novas médias preditas estimados via REML/BLUP para os caracteres número de frutos (NF), massa de fruto (MF), produtividade estimada na safrinha (PROD) e índice de desfolha (DESF). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

Ordem	NF			MF			PROD			DESF		
	Pi	Ganho (%)	Nova Média	Prog.	Ganho (%)	Nova Média	Pi	Ganho (%)	Nova média	Pi	Ganho (%)	Nova média
1	10	46,66	23,88	15	6,99	216,69	10	44,93	8,33	15	0,00	30,92
2	8	33,43	21,73	14*	4,99	212,64	15	33,22	7,66	1*	1,42	31,36
3	12	28,25	20,89	2*	3,87	210,38	12	26,48	7,27	10	2,74	31,77
4	15	23,65	20,14	10	3,11	208,84	8	22,32	7,03	12	4,19	32,21
5	7	19,97	19,54	7	2,59	207,78	7	19,30	6,86	2*	5,81	32,71
6	9	17,36	19,11	1*	2,20	207,00	9	16,65	6,70	11	7,71	33,31
7	1*	14,61	18,66	6	1,88	206,35	6	14,15	6,56	6	9,77	33,94
8	6	12,50	18,32	13	1,60	205,77	1*	11,70	6,42	4	12,32	34,74
9	5	10,16	17,94	9	1,35	205,27	2*	9,45	6,29	5	15,19	35,62
10	4	8,05	17,60	3*	1,12	204,80	5	7,37	6,17	7	17,52	36,35
11	11	6,09	17,28	8	0,90	204,36	14*	5,51	6,06	8	19,68	37,02
12	2*	4,42	17,00	5	0,71	203,97	4	3,87	5,97	14*	21,97	37,73
13	14*	2,77	16,73	12	0,47	203,49	13	2,47	5,89	9	24,74	38,59
14	13	1,32	16,50	11	0,24	203,02	3*	1,19	5,81	3*	28,61	39,78
15	3*	0,00	16,28	4	0	202,53	11	0,00	5,75	13	39,84	43,26

Nota. Pi: número da progênie a qual o indivíduo pertence: 1- BRS Gigante Amarelo, 2- BRS Sol do Cerrado, 3- SCS 437 Catarina, 4- PL3 x GA, 5- ML1 x LD4, 6- LD4 x ML1, 7- ML1 x VAO, 8- VAO x ML1, 9- VAO X 352, 10- 325 X VAO, 11- PL4 X LD4, 12- PL3 X LD4, 13- M Rubi x ML1, 14- MSC Marília, 15- 325 x LD4. *testemunhas

4.3.3 Seleção simultânea e ganhos genéticos via índices de seleção

As estimativas da predição dos ganhos de seleção simultânea através dos índices de seleção (IA, IM e ISP), considerando uma intensidade de seleção de 20%, estão apresentadas na Tabela 7. Os pesos econômicos dos caracteres utilizados na obtenção do IA foram: 11,83 para MF; 100 para NF, e 95,72 para PROD, valores

esses, referentes as estimativas de correlação entre os caracteres que compõem o índice e a produção de frutos (Tabela 3).

Pelo índice IA e IM, as progênies 15, 10 e 8 se destacaram, nesta ordem, como as melhores para seleção simultânea (Tabela 7). Os ganhos observados considerando a seleção destas três progênies foram de 3,68, 34,58 e 33,49 para MF, NF e PROD, respectivamente. Silva et al. 2017; Gonçalves et al (2007), Freitas et al. (2012) e Silva et al. (2012) encontraram ganhos satisfatórios para NF, em progênies de maracujá azedo, pelo índice IA. Pelo índice ISP, as progênies 15, 10 e 7 se destacaram, nesta ordem, como as melhores para seleção simultânea. Este índice proporcionou ganhos similares aos obtidos pelos demais índices, com ganhos de 4,24, 30,09, 32,48% no MF, NF e PROD, respectivamente (Tabela 7). Silva et al. (2017) ao avaliar progênies de irmãos completos de maracujá azedo no terceiro ciclo de seleção recorrente, obtiveram ganhos menores para MF, NF e PROD (0,69, 22,35 e 10,15%, respectivamente), utilizando o mesmo índice ISP. Os autores observaram que os ganhos de seleção aumentam com o avanço da seleção recorrente para os principais caracteres, e que o ISP foi o mais adequado entre os índices para seleção de progênies de maracujá azedo. Freitas et al. (2012), Gonçalves et al. (2007), e Silva et al. (2012) analisaram diferentes índices de seleção em populações de maracujá azedo e, também obtiveram os melhores ganhos genéticos preditos pelo índice ISP. Ressalta-se que estes autores consideraram na construção do índice um número maior de caracteres utilizados neste estudo. Neste trabalho, os índices IA e IM podem ser considerados mais adequados por proporcionarem, maiores ganhos para NF e PROD.

Observou-se que, ao se utilizar os índices de seleção simultânea, as progênies 7 e 8 ganharam evidência. Essas progênies são resultado de cruzamentos envolvendo três espécies: *P. amethystina*, *P. edulis* e *P. caerulea*. O genitor feminino e masculino da progênie 7 e 8, respectivamente (ML1) é um híbrido biespecífico, com genes de *P. edulis* e *P. aff. amethystina*, que é susceptível, mas apresenta boa tolerância à virose, e tem resistência moderada à bacteriose e à antracnose, e boa produção de frutos, porém, com baixo rendimento de polpa e brix (dados não publicados). Já o genitor masculino e feminino da progênie 7 e 8, respectivamente, VAO, como dito anteriormente, é uma planta selecionada por se destacar entre progênies de híbridos interespecíficos, ficando em 1ª posição no ranking dos melhores indivíduos, considerando os caracteres de tolerância à antracnose, MF e NF (dados não

publicados), conforme apresentado na Tabela 5 do capítulo 2. Assim, além dos genitores da progênie 10, os genitores das progênies 15, 8 e 7 são considerados promissores para obtenção de novas variedades.

Tabela 7. Estimativas das novas médias preditas e dos ganhos percentuais da melhor progênie selecionada com base na seleção simultânea dos caracteres número de frutos (NF), massa de fruto (MF) e produtividade estimada (PROD), obtidos através dos índices de aditivo (IA), multiplicativo (IM) e de soma de postos (ISP), estimados via REML/BLUP. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

Caractere	Índice de seleção					
	IA		IM		ISP	
	Ganho %	Nova Média	Ganho %	Nova Média	Ganho %	Nova Média
MF	3,68	209,69	3,68	209,69	4,24	210,82
NF	34,58	21,86	34,58	21,86	30,09	21,15
PROD	33,49	7,67	33,49	7,67	32,48	7,62

Identificaram-se matrizes consideradas promissoras para obtenção de novas variedades.

O conhecimento gerado a respeito da natureza dos parâmetros genéticos de caracteres de importância econômica do maracujazeiro através da metodologia REML/BLUP contribuirá no desenvolvimento de estratégias para continuidade do programa de melhoramento do maracujazeiro azedo da Embrapa e parceiros.

4.4 CONCLUSÃO

A seleção genotípica individual possibilita a obtenção de altos ganhos genéticos para número de frutos e produtividade e ganhos satisfatórios para todos os demais caracteres avaliados.

Entre os três índices de seleção simultânea testados, os índices aditivo e multiplicativo mostraram-se mais adequados para seleção de progênies superiores de irmãos completos na população avaliada.

4.5 REFERÊNCIAS

ATROCH, A.L.; NASCIMENTO FILHO, F.J.do; RESENDE, M.D.V.de; LOPES, R.; CLEMENT, C.R. Evaluation and selection of half sib progenies of guarana. **Revista de Ciências Agrárias**, v.53, p.123-130, 2010.

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

BORÉM, A. **Glossário agrônomo**. Universidade Federal de Viçosa, - M.G., 2005.

BRUNA, E.D.; MORETO, A.L.; DALBÓ, M.A. Repeatability in the selection of clones of peach for the south coastal region of the state of Santa Catarina, Brazil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.34, n.1, 2012.

CRISOSTO, C.H.; MITCHELL, F.G.; JOHNSON, R.S. Factors in fresh market stone fruit quality. **Postharvest News and Information**, Wallingford, v.6, p. 17-21, 1995.

ESASHIKA, D.A.S. Phenology and morphometry of flowers and fruits of *Passiflora* spp. species and hybrids aiming to genetic breeding. Dissertação de doutorado, Universidade de Brasília, 2018.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. Imprensa Universitária, Viçosa, 1987.

FALEIRO, F.G.; FERNANDES, P.C.C.; GONTIJO, G.M.; MENDES, A.C.S.; COSTA, A.M.; JUNQUEIRA, N.T.V. **Experiências de sucesso de produtores de maracujá no DF**. In: FALEIRO, FG, ROCHA, FEC, GONTIJO, GM, ROCHA, LCT (eds) Maracujá: prospecção de demandas para pesquisa, extensão rural e políticas públicas baseadas na adoção e no impacto de tecnologias. Expedição Safra Brasília – Maracujá. 2nd edn. Emater, Brasília, DF, pp 256-269, 2019a.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. **Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro – desafios da pesquisa**. In: Faleiro FG, Junqueira NTV, Braga MF (eds) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina,DF: Embrapa Cerrados, p. 187-210, 2005.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; PEIXOTO, J.R. **Pré-melhoramento do maracujá**. In: LOPES, M.A.; FAVERO, A.P.; FERREIRA, M.A.J.F.; FALEIRO, F.G.; FOLLE, S.M.; GUIMARÃES, E.P. (eds) Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, DF, pp 550-570, 2011.

FALEIRO, F.G.; ROCHA, F.E.C.; GONTIJO, G.M.; ROCHA, L.C.T. **Maracujá: prospecção de demandas para pesquisa, extensão rural e políticas públicas baseadas na adoção e no impacto de tecnologias. Expedição Safra Brasília – Maracujá**. Emater, Brasília, DF, 2019.

FARIAS NETO, J.T.; LINS, P.M.P.; RESENDE, M.D.V.; MULLER, A.A. Genetic selection in hybrid progenies of coconut palm. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.31, n.1, p. , 2009.

FERREIRA, R.T.; VIANA, A.P.; SILVA, F.H.L.; SANTOS, E.A.; SANTOS J.O. Intrapopulation recurrent selection in sour passion fruit by mixed models **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.38, n. 1, p., 2016a.

FERREIRA, R.T.; VIANA, A.P.; SILVA, F.H.L.; SANTOS, E.A.; SANTOS, J.O. Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.38, n.1, p. 158-166, 2016b.

FISCHER, I.H.; ARRUDA M.C.de; ALMEIDA, A.M.de; MONTES, S.M.N.M. Postharvest diseases and physicochemical characteristics of ‘Régis’ peach produced in Presidente Prudente-SP. **Semina: Ciências Agrárias**, v.31, n3, p. 627-632, 2010.

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

com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.48, n.11, p. 1464-1471, 2013.

FREITAS, J.C.deO. Cruzamentos interespecíficos em Passiflora visando resistência a doença. Dissertação de doutorado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2014

FREITAS, J.P.X.; OLIVEIRA, E.J.de; JESUS, O.N.de; CRUZ NETO, A.J.da; SANTOS, L.R. Development of a base population for recurrent selection in yellow passion fruit using selection indexes. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.47, n.3, 2012.

FREITAS, J.P.X.; OLIVEIRA E.J.; JESUS O.N.; NETO A.J.C.; SANTOS L.R. Development of a base population for recurrent selection in yellow passion fruit using selection indexes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p. 393–401, 2012.

FUHRMANN, E. Reação de híbridos interespecíficos de maracujazeiro à bacteriose e características físico-químicas de frutos. Dissertação de Mestrado, Universidade de Brasília, 2011.

FUHRMANN, E.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BLUM, L.E.B.; BRAGA, M.W., BELLON, G., JUNQUEIRA, K.P. Reação de híbridos interespecíficos de Passiflora spp. à Xanthomonas axonopodis pv. passiflorae. **Ciência Rural**, v.44, p. 1404-1410, 2014.

GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; BEZERRA NETO, F.V.; PEREIRA, M.G.; PEREIRA, T.N.S. Selection and heritability in the prediction of genetic gain in yellow passion fruit. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.42, n.2, p.193-198, 2007.

GRISI, M.C.M.; FALEIRO, F.G.F.; JUNQUEIRA, N.T.V.; OLIVEIRA, J.daS. Genetic variability of passion fruit multispecific hybrids and their respective wild parents determined by microsatellite markers. **Journal of Agricultural Science**; v.11, n.10, p.302-312, 2019.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd ed. Ames: Iowa State University Press, 1988.

HAZEL, L.N. The genetics basics for constructing selections indexes. **Genetics**, v.28, p. 476-490, 1943.

IBGE (2016) Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Banco de dados agregados: produção agrícola municipal. <http://www.sidra.ibge.gov>. Acesso em 08 Jul 2019.

JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; FALEIRO, F.G.; PEIXOTO, J.R.; BERNACCI, L.C. **Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças**. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (eds) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, p. 81-108, 2005.

JUNQUEIRA, N.T.V.; LAGE, D.AdaC., BRAGA, M.F.; PEIXOTO, J.R.; BORGES, T.A.; ANDRADE, S.R.M. Reação a doenças e produtividade de um clone de maracujazeiro-azedo propagado por estaquia e enxertia em estacas herbáceas de passiflora silvestre. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.28, p. 97-100, 2006.

JUNQUEIRA, N.T.V.; SUSSEL, A.A.B.; JUNQUEIRA, K.P.; ZACARONI, A.B.; BRAGA, M.F. Doenças. In: FALEIRO FG AND JUNQUEIRA NTV (eds), **Maracujá: O produtor pergunta, a Embrapa responde, Embrapa Cerrados**, Planaltina, pp 169-180, 2016.

KALIL, F.A.N.; RESENDE, M.D.V.; KALIL, G.P.D.C. Variance components and prediction of genetic values in rubber tree clones by the mixed model methodology (REM/BLUP). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.9, p. 1883–1887, 2000.

MORAES, M.C.de; GERALDI, I.O.; MATTA, F.deP.; VIEIRA, M.L.C. Genetic and Phenotypic Parameter Estimates for Yield and Fruit Quality's from a Single Wide Cross in Yellow Passion Fruit. **HortScience**, v.40, n.7 p.1978-1981, 2005.

MRODE R.A. **Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values**. Cabi Publishing, Cambridge, USA, 2005.

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

NEGREIROS, J.R.daS.; ÁLVARES, V.daS.; BRUCKNER, C.H.; MORGADO M.A.D'O., CRUZ, C.D. Relação entre características físicas e o rendimento de polpa de maracujá-amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.29, n.3, p. 546-549, 2007.

OLIVEIRA, E.J.; FRAIFE FILHO, G.A., FREITAS, J.P.X.; DANTAS, J.L.L.; RESENDE, M.D.V. Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnoly**, v.12, n.3, p. 2012.

OLIVEIRA, E.J.; SOARES, T.L.; BARBOSA, C.J.; SANTOS-FILHO, H.P.; JESUS, O.N. Disease severity from passion fruit to identify sources of resistance in field conditions. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.35, p. 485–492, 2013.

OLIVEIRA, J.C.; RUGGIERO, C. (1998) Aspecto sobre o melhoramento do maracujazeiro amarelo. Simpósio Brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro. **Anais Jaboticabal**, Funep, pp 291-310

OLIVEIRA, E.J.; SANTOS, V.S.; LIMA, D.S.; MACHADO, M.D.; LUCENA, R.S.; MOTTA, T.B.N.; CASTELLEN, M.S. Selection on yellow passion fruit progenies by multivariate indices. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.1543-1549, 2008.

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

PERUCH, L.A.M.; COLARICCIO, A.; SCHROEDER, A.L. Sintomas e controle das principais doenças do maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) em Santa Catarina. **Agropecuária Catarinense**, v.24, n.2, p. 42-45, 2011.

QUINTAL, S.S.R.; VIANA, A.P.; CAMPOS, B.M.; VIVAS, M., AMARAL JÚNIOR, A.T. Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.39, n.2, p.1-8, 2017.

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

RESENDE, M.D.V.de **Software Selegen-Reml/Blup: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo, Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M.D.V.de; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical** v.7, p.182-194, 2007.

ROCHA, M.R.da. Estratégias de seleção no melhoramento genético do maracujazeiro azedo. Dissertação de mestrado. Universidade Federal de Viçosa, MG, Brazil, 2014.

RODRIGUES, F.; VON PINHO, R.G.; ALBUQUERQUE, C.J.B.; VON PINHO, E.V.R. Index of selection and estimation of genetic and phenotypical parameters for traits related with the production of vegetable corn. **Ciência e Agrotecnologia**, v.35, p.278-286, 2011.

SANTOS, A.A.dos; VIANA, F.M.P; CARDOSO, J.E.; VIDAL JC (2005) Effect of powdery mildew on yield and on total soluble solids in melon fruits. **Revista Ciência Agrônômica**, v.36, n.3, p.354-35, 2005.

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

SILVA, J.P.; MARTINS, V.D.; ANJOS, F.A.; BARRETO, N.P.; COSTA, O.S. Hanglongbing reduces the contents of total soluble solids in Orange fruit 'Pera Rio'. **Anais Sinprovs** 1, p.7946-272, 2018.

SILVA, F.H.L.; MUÑOZ, P.R.; VINCENT, C.I.; VIANA, A.P. Generating relevant information for breeding *Passiflora edulis*: genetic parameters and population structure. **Euphytica**, v.208, n.3, p. 609–619, 2016.

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

SILVA, M.G.M.; VIANA A.P. Alternatives of selection in a yellow passion fruit population under intrapopulation recurrent selection. **Revista Brasileira de Fruticultura** v.34, n.2, 2012.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annual of Human Genetics**, 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. **Crop Science**, v.13, p.184-186, 1973.

TEIXEIRA, D.H.L.; OLIVEIRA, M.S.P.; GONÇALVES, F.M.A.; NUNES, J.A.R. (2012) Selection index for simultaneously improving fruit production components of assai palm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.2, p., 2012.

VIANA, A.P.; PEREIRA, T.N.S.; PEREIRA, M.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T.do; SOUZA, M.M.de; MALDONADO, J.F.M. Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro-amarelo. **Revista Ceres**, v.51, p. 541-551, 2004.

CAPÍTULO 5 – SELEÇÃO GENOTÍPICA DE HÍBRIDOS MULTIESPECÍFICOS DE MARACUJÁ AZEDO PARA RESISTÊNCIA A VERRUGOSE E PRODUTIVIDADE– TERCEIRA ETAPA

RESUMO

Dentre as principais doenças fúngicas da cultura do maracujazeiro estão a verrugose e a antracnose que ocasionam danos tanto na planta quanto nos frutos. A verrugose ocorre em todas as regiões produtoras do Brasil e provoca danos significativos quando não controlada, afetando o desenvolvimento dos tecidos jovens e reduzindo a produção. Essas perdas podem ser minimizadas com a utilização de cultivares resistentes. Neste sentido, o desenvolvimento de cultivares resistentes a doenças visa à redução do custo de produção, sustentabilidade do agronegócio e redução de impactos ao meio ambiente. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a reação de progênies de híbridos multiespecíficos de maracujazeiro à verrugose, produção de frutos e produtividade estimada em condições de campo. Para tanto foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com 10 repetições e 3 plantas por parcela e 10 tratamentos. Para determinar a severidade da verrugose nos ramos e folhas, foi utilizada a escala de notas de 1 a 5; considerando plantas como muito resistentes a altamente susceptíveis. A seleção genotípica individual possibilitou a obtenção de altos ganhos genéticos para resistência a verrugose, número de frutos e produtividade. Identificaram-se plantas dentro das progênies 325 x LD4 e 325 x VAO promissoras para o programa de melhoramento de maracujá. Na seleção de progênies, ML-1 x VAO e VAO x ML-1 também se destacaram para todos os caracteres avaliados.

Palavras-chave: *Passiflora* spp., resistência a doença, *Cladosporium* sp, espécies silvestres.

ABSTRACT

Among the fungal diseases of the passion fruit culture are warts and anthracnose that cause damage to both the plant and the fruits. Warts occur in all producing areas of Brazil and cause significant damage when not controlled, affecting the development of

young tissues and reducing production. These losses can be minimized with the use of resistant cultivars. In this sense, the development of disease-resistant cultivars aims to reduce the cost of production, sustainability of agribusiness and reduce impacts on the environment. Thus, the objective in this work was to evaluate the reaction of progenies of multispecific hybrids of passion fruit to warts, fruit production and estimated productivity under field conditions. For this purpose, a randomized block design with 10 replications and 3 plants per plot and 10 treatments was used. To determine the severity of the warts on the branches and leaves, a scale from 1 to 5 was used; considering plants as very resistant to highly susceptible. Individual genotypic selection made it possible to obtain high genetic gains for resistance to warts, number of fruits and productivity. Plants within the 325 x LD4 and 325 x VAO progenies were identified as promising for the passion fruit breeding program. In the selection of progenies, ML-1 x VAO and VAO x ML-1 also stood out for all characters evaluated.

Key-words: *Passiflora* spp., disease resistance, *Cladosporium* sp, wild species.

5.1 INTRODUÇÃO

Atualmente, o Brasil destaca-se como maior produtor mundial de maracujá, com produção estimada de 593.429 toneladas (redução de 15,64% em relação ao ano de 2016), colhidas em 41.584 hectares (redução de 16,64% em relação ao ano de 2016) (IBGE, 2020). As principais espécies de maracujazeiro utilizadas comercialmente são *Passiflora edulis* Sims e a *Passiflora alata* Curtis. A grande suscetibilidade da maioria das variedades de maracujazeiro a doenças tem levado a expressiva redução da área plantada da cultura de maracujazeiro azedo. Dessa forma, os programas de melhoramento da cultura têm se concentrado na obtenção de novas variedades resistentes às principais doenças. O Brasil é centro de origem do gênero *Passiflora* com ampla variabilidade genética favorecendo a busca por fontes de resistência em espécies silvestres para uso no melhoramento.

Uma das principais doenças fúngicas da cultura do maracujazeiro é a verrugose, causada pelo fungo *Cladosporium* sp., provoca danos significativos quando não controlada e afeta o desenvolvimento dos tecidos jovens, reduzindo a produção. Oliveira et al (2013), observou alta variabilidade para resistência ao fungo

Cladosporium sp. ao avaliar acessos de *P. edulis*, *P. alata*, *P. setaceae* e *P. cincinnata*, sendo, de modo geral, os acessos de *P. edulis* os mais suscetíveis aos sintomas da doença nos frutos. A existência de níveis variados de resistência à verrugose abre perspectivas para introdução destes genes em variedades comerciais. A alta variabilidade genética presente nas progênes de cruzamentos interespecíficos contribui para o aumento da eficiência de seleção, porém, seu sucesso dependerá também da acurácia do método utilizado (SANTOS et al., 2015).

Este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e obter valores genotípicos preditos para número de frutos e resistência a verrugose sob ocorrência de inóculo natural em uma população composta por 7 progênes de irmãos completos de híbridos multiespecíficos de maracujá azedo envolvendo as espécies *P. caerulea*, *P. amethystina*, *P. edulis* e 3 cultivares comerciais (testemunhas) utilizando-se o método REML/ BLUP (RESENDE E DUARTE, 2007).

5.2 MATERIAIS E MÉTODOS

Um total de 10 progênes de irmãos completos foi obtido a partir de cruzamentos interespecíficos envolvendo seis espécies silvestres (*P. cf. amethystina*, *P. caerulea*, *P. incarnata*, *P. quadrifaria*, *P. hatschbachii*) e matrizes comerciais de *P. edulis* Sims “amarelo” utilizadas como genitores recorrentes (Tabela 1). Esses híbridos multiespecíficos (híbridos obtidos a partir do cruzamento entre duas ou mais espécies) foram selecionados ao longo do programa de melhoramento de maracujá da Embrapa e parceiros, por apresentarem bons graus de resistência a doenças, boa produtividade e/ou qualidade física de frutos. Como testemunhas foram avaliadas 4 cultivares comerciais: BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado, SCS 437 Catarina e CSB-Marília (Tabela 1).

Tabela 1. Relação de cultivares e híbridos multiespecíficos avaliados e suas respectivas origens genéticas.

1	BRS Gigante Amarelo	<i>P. edulis</i>
2	BRS Sol do Cerrado	<i>P. edulis</i>
3	SCS 437 Catarina	<i>P. edulis</i>
4	ML1 x LD4*	(<i>P. edulis</i> x <i>P. aff. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₆)
5	LD4 x ML 1*	<i>P. edulis</i> x (<i>P. edulis</i> x <i>P. aff. amethystina</i>) (RC ₆)

6	ML 1 x VAO	[(<i>P. edulis</i> x <i>P. aff. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₅)] x (<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i>)
7	VAO x ML1*	(<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i>) (RC ₅) x [(<i>P. edulis</i> x <i>P. aff. amethystina</i>) x <i>P. edulis</i> (RC ₅)]
8	325 x VAO*	(<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i>) (RC ₅) x (<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i>) (RC ₆)
9	Longão x LD4*	[(<i>P. hatschbachii</i> x <i>P. quadrifaria</i>) x <i>P. incarnata</i>] x <i>P. edulis</i> (RC ₄)
10	325 x LD4*	<i>P. caerulea</i> x <i>P. edulis</i> (RC ₆)

RC: retrocruzamento; *LD4 é uma matriz selecionada de *P. edulis* usada como genitoras das cultivares BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado; *VAO e ML1 são uma matriz selecionada de *P. edulis* com boa produtividade e resistência a bacteriose e antracnose.

O ensaio foi implantado em outubro de 2017 em área de um Produtor rural no Núcleo Rural Rio Preto, em Planaltina, DF, nas coordenadas geográficas 15° 43' 05.60" S e 47°27'60" O, a 965 metros de altitude, em Latossolo Vermelho-Amarelo, de textura areno-argilosa, previamente cultivado com soja e milho (Figura 1). Ao lado do experimento, haviam mais dois hectares de maracujá-azedo plantados anteriormente e uma área destinada ao plantio comercial de tomate industrial, abóbora e batata doce. A área está inserida no domínio morfoclimático do Cerrado, com clima tropical estacional (Aw). A condução das plantas foi realizada em espaldeiras verticais de 1,80 metros em altura e mourões distanciados três metros com um fio de arame liso número 12, na altura de 1,8 metros em relação ao solo. As mudas do tipo "mudão" (SOUZA et al., 2014) foram implantadas em campo de acordo com o sistema preconizado por Junqueira et al. (2006), com espaçamento de dois metros entre plantas e três metros entre fileiras. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com 10 repetições e três plantas úteis por parcela.

A avaliação da severidade da verrugose nos ramos foi realizada em fevereiro de 2018, utilizando-se escala de notas de 1 a 5; considerando plantas como muito resistentes a altamente susceptíveis (Tabela 2 e Figura 2). A utilização do método de escala de notas para avaliação de severidade de doenças tem sido bastante utilizada em trabalhos de melhoramento visando identificar progênies resistentes, sendo esta técnica proposta por Novaes e Rezende (1999).



Figura 1. Vista da área experimental localizada no Núcleo Rural Rio Preto, Planaltina, DF.

Tabela 2. Notas e sintomatologia visual utilizada para análise dos ramos de 10 progênies de maracujazeiro azedo Escala para avaliação de verrugose em ramos de maracujazeiro. Embrapa, Planaltina DF, 2018

Nota	Sintomas	Resistência
= 1 e $\leq 1,99$	Ausência de sintomas	Muito resistente
≥ 2 e $\leq 2,99$	Presença de até três lesões nas folhas e nas gavinhas. Ramos novos com 3 a 4 lesões arredondadas, sem desfolhamento.	Resistente
≥ 3 e $\leq 3,99$	Presença de lesões longitudinais ou arredondadas nos ramos; presença de lesões nas folhas mais novas e desfolhamento parcial.	Moderadamente susceptível
≥ 4 e $\leq 4,99$	Desfolhamento total dos ramos, muitas lesões grandes e coalescidas nos ramos com morte de pontas dos ramos.	Susceptível

≥ 5

Presença de muitas lesões de tamanhos variados nos ramos, desfolhamento total, superbrotamentos laterais, enfezamento da planta e morte dos ramos mais novos.

Altamente Susceptível



Figura 2. Sintomas de verrugose avaliados em ramos de maracujazeiro: a) Nota 2 - resistente; b) Nota 3 - moderadamente susceptível; c) Nota 4 - susceptível e d) Nota 5 - altamente susceptível.

A contagem de frutos e pesagens foram realizadas nos meses de janeiro, outubro e dezembro de 2018.

Os dados foram analisados com auxílio do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE E DUARTE, 2007). A análise seguiu o modelo estatístico $y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados a média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como

aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

Os seguintes componentes de variância foram estimados (REML individual):

σ^2_a : variância genética aditiva

h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos ($h^2_a = \sigma^2_a / \sigma^2_f$), em que σ^2_f é a variância fenotípica

h^2_{mp} : herdabilidade da média das progênies $\rightarrow h^2_{mp} = (0,25 \sigma^2_a) / [0,25 \sigma^2_a + \sigma^2_p / b + (0,75 \sigma^2_a + \sigma^2_e) / nb]$; em que b é o número de blocos; n é o número de parcelas; σ^2_a é a variância genética aditiva; σ^2_p é a variância genética entre progênies; σ^2_e é a variação ambiental.

Acprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa (Acprog = $\sqrt{h^2_{mp}}$)

Os dados de resistência a verrugose foram transformados em $\sqrt{x + 0,5}$, e as médias apresentadas com os dados originais.

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.3.1 Estimativas de parâmetros genéticos pelo método de modelos mistos

A estimativa de herdabilidade individual (h^2_a) foi de 0,40 (moderada) para resistência a antracnose, 0,89 (muito alta) para número de frutos, e 0,82 (muito alta) para produtividade (tabela 2).

Embora sejam irmãos completos, a população é geneticamente heterogênea. O modelo estatístico utilizado neste estudo (modelo 147 - Selegen) é utilizado para avaliar famílias de irmãos completos, ou seja, oriundas de cruzamento entre dois genitores não aparentados. Qualquer desvio dessa condição, por exemplo, algumas autofecundações misturadas com cruzamentos, ou, até mesmo o estágio avançado de retrocruzamento em que se encontram algumas progênies, pode levar a superestimação da herdabilidade obtida por esse modelo. Em alguns casos de hibridação entre espécies auto-incompatíveis geraram híbridos parcialmente autocompatíveis, como foi observado em híbridos obtidos do cruzamento entre o híbrido (*P. quadrifaria* x *P. hatschbachii*) F₁ x *P. incarnata* e de cruzamento entre (*P.*

aff. *amethystina* x *P. edulis* “amarelo”) RC₄ x (*P. incarnata* x *P. edulis*) RC₂ (dados não publicados).

A magnitude da herdabilidade demonstra a importância de se realizar a seleção de genótipos baseando-se em seus valores genéticos preditos e não apenas em valores fenotípicos observados. A herdabilidade é uma das mais importantes propriedades de um caráter métrico. Com isso, na escolha dos indivíduos parentais, o melhorista, ao buscar mudanças nas características da população em experimento, terá sucesso contanto que obtenha o conhecimento do grau de correspondência entre o valor fenotípico e valor genético (BATISTI, 2015). A herdabilidade mede este grau de correspondência, e valores altos deste parâmetro indicam que métodos de seleção simples como seleção massal podem gerar ganhos consideráveis, na condição de baixa influência do fator ambiente (FALCONER, 1987; VILELA, 2008). Batisti (2015) avaliou a severidade da verrugose nas folhas sob inoculação artificial utilizando escala de notas de 1 a 4 em 83 famílias de irmãos completos de maracujá azedo e obteve alta estimativa de herdabilidade em sentido amplo de 90,55% para resistência a doença. Valores mais baixos de herdabilidade, porém considerados de alta magnitude, foram observados por Freitas et al. (2012), de 48,60% e 63,27% para severidade de verrugose nos ramos e frutos, respectivamente.

Diferentes trabalhos de avaliação de progênies de maracujá azedo apresentaram estimativas de baixa herdabilidade individual para NF (ROCHA, 2014; FREITAS, 2014; SILVA et al., 2017), divergindo do resultado encontrado neste estudo. É importante compreender que a herdabilidade é uma propriedade não somente do caráter, mas também da população e das circunstâncias de ambiente às quais os indivíduos estão sujeitos. Uma vez que o valor da herdabilidade depende da magnitude de todos os componentes de variância, uma alteração em qualquer um deles afetará o valor da herdabilidade (FALCONER, 1987).

Tabela 2. Estimativas dos componentes variância em 10 progênies de irmãos completos de maracujá azedo, variância genotípica individual (σ^2_a), variância fenotípica individual (σ^2_f), herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a), herdabilidade da média de progênies (h^2_{mp}), acurácia da seleção de progênies (A_{cprog}) e média geral da população obtidas pelo procedimento REML, para resistência a verrugose em 10 progênies de híbridos multiespecíficos e 3 cultivares comerciais de maracujá azedo. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

Componentes de variância	Resistencia a verrugose	Número de Frutos	Produtividade (t ha ⁻¹)
σ^2_a	0,012	393,58	67,04
σ^2_f	0,062	834,53	163,21
h^2_a	0,40	0,89	0,82
A_{cprog}	0,98	0,99	0,99
Média	3,49	67,03	30,92

A estimativa da acurácia foi considerada de “muito alta magnitude” para avaliação da resistência a verrugose (0,98) e número de frutos (0,99). De acordo com Resende e Duarte (2007), este parâmetro refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos. Os autores também ressaltam que a acurácia é tanto mais alta quanto menores forem os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos e os valores genéticos estimados ou preditos. A qualidade da avaliação genotípica deve ser inferida preferencialmente com base na acurácia. Valores de acurácia acima de 0,90 só são possíveis para caracteres com alta herdabilidade (Resende e Duarte, 2007) como foi observado neste estudo.

5.3.2 Seleção genotípica individual e seleção de progênies via BLUP

Do total das plantas avaliadas quanto à resistência a verrugose, as 30 melhores plantas visando clones potenciais foram identificadas (Tabela 3). O valor genético predito diz respeito ao valor genético observado sem o efeito ambiental (OLIVEIRA, 2012). O ganho genético estimado equivale ao valor genético predito para o genótipo

selecionado, e a nova média refere-se a média geral somada ao ganho genético (SANTOS et al., 2015).

Os resultados mostram que as médias dos híbridos para resistência a verrugose, produção de frutos por planta e produtividade foram superiores às das testemunhas, sendo que os híbridos listados em 1ª posição pertencem às progênes 325 x LD4 e 325 x VAO (Tabela 3).

Comparando-se as novas médias preditas com a média geral da população, observou-se ganho na seleção individual variando entre -14,99 a -9,74% (redução desejável) para resistência a verrugose (Tabela 3). A progênie 325 x LD4 obteve, neste caso, os melhores resultados de ganho e médias preditas (Tabela 3), sendo três indivíduos considerados resistentes e todos os demais selecionados considerados moderadamente suscetíveis.

A progênie 325 x LD4 foi avaliada em experimentos conduzidos no programa de melhoramento da Embrapa Cerrados, juntamente com outras progênes de híbridos multiespecíficos e cultivares comerciais, e observou-se que indivíduos desta progênie apresentaram melhores médias preditas na seleção individual para massa de fruto, massa de polpa sem semente e diâmetro transversal (223,9g, 69,47g e 8,71cm, respectivamente) e bons graus de resistência a bacteriose e antracnose (dados não publicados).

O genitor feminino 325 foi obtido a partir cruzamento envolvendo as espécies *P. caerulea* e *P. edulis*. A espécie *P. caerulea* é considerada como promissora fonte de resistência à *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae* (OLIVEIRA E RUGGIERO, 1998, FALEIRO et al., 2005, FUHRMANN et al., 2014). Esse genitor feminino (325) da progênie 10 é uma matriz selecionada por Fuhrmann et al. (2014) por se destacar, entre progênes de híbridos interespecíficos, como o genótipo mais resistente à bacteriose, com maiores médias de MF (210,04g) e massa de polpa com semente (93,89g), e SST desejável (13,2°Brix). Já o genitor masculino, LD4, é uma matriz com predominância de flores com 4 estigmas e 4 carpelos, e um dos genitores do cultivar BRS Sol do Cerrado. Esashika (2018) observou que frutos formados por flores tetracarpelares apresentam massa de fruto, massa de polpa e diâmetro transversal, 20%, 40% e 10% superiores às médias estimadas para frutos de flores tricarpelares, respectivamente.

Batisti (2015) avaliou 83 famílias de irmãos completos com relação a severidade da verrugose nas folhas, e obteve 92% das famílias classificadas como

moderadamente resistentes e 8% como suscetíveis no período de janeiro a abril, e 64% foram consideradas como suscetíveis e 36% moderadamente resistentes no período de maio a agosto. Oliveira et al. (2013) avaliou 75 acessos de *Passifloras* spp. em condições de campo, sob alta infecção natural dos patógenos, para a severidade da verrugose nos frutos e ramos. Os autores constataram que os acessos de *P. alata* e *P. cincinnata* foram mais resistentes quanto a verrugose nos ramos, e alguns acessos de *P. edulis* comportaram-se como moderadamente resistente à verrugose no ramo e no fruto. Ao analisar cinquenta acessos de maracujazeiro-amarelo em condições de campo. Miranda (2004) observou moderada resistência à verrugose. Resultados similares também foram observados por Abreu (2006), que não encontrou diferenças significativas entre cinco genótipos avaliados em relação à severidade da verrugose nos frutos, apresentando variação de 4,18 a 5,30% da superfície do fruto coberta com lesões.

Para NF observou-se ganho na seleção individual variando entre 85,72 a 240,13%, sendo que os indivíduos da progênie 325 x VAO se destacaram por produzirem estimativas de até 227,98 frutos por planta (Tabela 3). O genitor masculino VAO é uma planta selecionada em experimento realizado na Embrapa Cerrados – Planaltina, DF, por se destacar entre progênies de híbridos interespecíficos, ficando em 1ª posição no ranking dos melhores indivíduos (Tabela 5, do Capítulo 2, Planta P1R3), considerando os caracteres de tolerância à antracnose, MF e NF (dados não publicados). A progênie 325 x VAO foi avaliada também na área experimental da Embrapa Cerrados sendo que plantas desta progênie foram selecionadas por apresentarem maior resistência a bacteriose, maior NF e PROD em relação às plantas de outras 9 progênies.

Para produtividade, plantas da progênie 325 x VAO também se destacaram como as melhores na população avaliada, com ganho de até 39,36% e média predita de 43,08 t/ha.

Tabela 3. Estimativas de ganho genéticos percentuais e novas médias preditas estimados via REML/BLUP obtidos pelos 30 melhores genótipos de maracujá azedo selecionados (seleção individual para genitores potenciais) para resistência a verrugose, número de frutos por planta e produtividade. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

Ordem	Resistência a verrugose		Número de frutos		Produtividade (t/ha)	
	Ganho (%)	Nova Média / Pi	Ganho (%)	Nova Média / Pi	Ganho (%)	Nova Média / Pi
1	-14,99	2,9 / 10	240,13	227,98 / 8	39,36	43,08 / 8
2	-14,99	2,9 / 10	200,84	201,65 / 8	34,35	41,53 / 6
3	-14,32	2,9 / 10	189,29	193,91 / 6	33,66	41,32 / 8
4	-14,04	3,0 / 7	183,44	189,99 / 7	33,58	41,30 / 7
5	-13,63	3,0 / 10	166,43	178,58 / 7	30,56	40,36 / 7
6	-11,66	3,0 / 10	165,86	178,20 / 8	29,17	39,94 / 7
7	-11,64	3,0 / 7	160,95	174,91 / 7	27,67	39,47 / 8
8	-11,47	3,0 / 7	153,73	170,07 / 8	27,39	39,38 / 7
9	-11,33	3,0 / 7	150,44	167,86 / 7	25,40	38,77 / 8
10	-11,28	3,1 / 10	139,83	160,75 / 8	24,46	38,48 / 6
11	-11,28	3,1 / 10	134,51	157,18 / 6	23,88	38,30 / 8
12	-11,28	3,1 / 10	127,23	152,31 / 7	23,21	38,09 / 7
13	-11,20	3,1 / 10	122,69	149,26 / 8	20,89	37,37 / 7
14	-10,95	3,1 / 10	120,29	147,66 / 8	20,79	37,34 / 8
15	-10,95	3,1 / 10	112,65	142,53 / 7	20,64	37,30 / 7
16	-10,95	3,1 / 10	112,03	142,12 / 8	20,48	37,25 / 8
17	-10,84	3,1 / 10	111,77	141,95 / 7	19,62	36,98 / 8
18	-10,75	3,1 / 10	110,80	141,30 / 8	19,55	36,96 / 6
19	-10,75	3,1 / 10	105,95	138,04 / 6	19,29	36,88 / 8
20	-10,71	3,1 / 7	99,77	133,90 / 7	18,42	36,61 / 7
21	-10,71	3,1 / 7	98,88	133,30 / 8	17,77	36,41 / 7
22	-10,70	3,1 / 7	97,48	132,36 / 8	17,59	36,35 / 8
23	-10,58	3,1 / 10	96,76	131,88 / 9	16,91	36,14 / 8
24	-10,58	3,1 / 10	96,40	131,64 / 8	16,82	36,12 / 8
25	-10,46	3,1 / 10	94,86	130,61 / 8	16,45	36,00 / 8
26	-10,15	3,1 / 10	94,53	130,39 / 8	16,40	35,98 / 8

27	-10,01	3,1 / 8	94,41	130,31 / 7	15,88	35,83 / 8
28	-9,89	3,1 / 4	92,83	129,25 / 8	15,87	35,82 / 7
29	-9,89	3,1 / 4	90,11	127,42 / 8	15,75	35,79 / 8
30	-9,74	3,1 / 6	85,72	124,48 / 7	15,18	35,61 / 10

Pi: número da progênie a qual o indivíduo pertence: BRS Gigante Amarelo, 2- BRS Sol do Cerrado, 3- SCS 437 Catarina, 4- ML1 x LD4, 5- LD4 x ML1, 6- ML1 x VAO, 7- VAO x ML1, 8- 325 x VAO, 9- Longão x LD4, 10- 325 x LD4. *testemunhas

Os ganhos obtidos pela seleção de progênies (Tabelas 4) foram consideravelmente menores do que os obtidos através da seleção individual para todos os caracteres avaliados. A progênie VAO x ML1 destacou-se com maiores ganhos para número de frutos (56,36%) e produtividade (10,42%) (Tabela 4). A progênie 325 x LD4 apresentou o melhor resultado pela seleção de progênie para resistência à verrugose com ganho de -0,0028% (menor ganho desejável) e nova média predita de (3,48; moderadamente susceptível) (Tabela 4).

As novas médias preditas para seleção de progênies com relação à resistência a verrugose variaram de 3,48 a 3,49, sendo as progênies consideradas moderadamente susceptíveis.

Tabela 4. Ordenação de 7 progênies de híbridos multiespecíficos de maracujá-azedo e três cultivares quanto aos ganhos genéticos e novas médias preditas estimados via REML/BLUP para os caracteres resistência à verrugose, produção de frutos por planta e produtividade estimada. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2018.

Ordem	Resistência a verrugose			Número de frutos por planta			Produtividade		
	Prog	Ganho (%)	Nova Média	Prog.	Ganho (%)	Nova Média	Prog.	Ganho (%)	Nova Média
1	10	-0,0028	3,48	8	56,36	104,80	8	10,42	34,14
2	7	-0,0026	3,48	7	19,50	80,10	7	4,31	32,25
3	6	-0,0017	3,48	6	11,13	74,49	6	2,46	31,68
4	8	-0,0006	3,48	10	-1,57	65,98	10	-0,32	30,82
5	4	0,0000	3,49	9	-4,19	64,22	9	-1,68	30,40
6	9	0,00036	3,49	1	-9,83	60,44	1	-2,14	30,26
7	5	0,00084	3,49	5	-15,36	56,73	5	-2,50	30,15

8	2	0,00098	3,49	2	-17,52	55,29	2	-3,09	29,96
9	1	0,00182	3,49	3	-18,21	54,82	3	-3,27	29,91
10	3	0,00385	3,49	4	-20,49	47,75	4	-23,72	15,98

Pi: número da progênie a qual o indivíduo pertence: BRS Gigante Amarelo, 2- BRS Sol do Cerrado, 3- SCS 437 Catarina, 4- ML1 x LD4, 5- LD4 x ML1, 6- ML1 x VAO, 7- VAO x ML1, 8- 325 x VAO, 9- Longão x LD4, 10- 325 x LD4. *testemunhas

5.4 CONCLUSÃO

A seleção genotípica individual possibilita a indicação de altos ganhos genéticos para resistência à verrugose, número de frutos e produtividade;

Identificaram-se plantas dentro das progênes 325 x LD4 e 325 x VAO promissoras para o programa de melhoramento de maracujá visando resistência à verrugose e produtividade, respectivamente.

Na seleção de progênes, ML-1 x VAO e VAO x ML-1 também se destacaram para todos os caracteres avaliados;

5.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, S. P. M. Desempenho agrônomo, características físico-químicas e reação a doenças em genótipos de maracujazeiro-azedo cultivados no Distrito Federal. Dissertação de mestrado, Universidade de Brasília, 2006. 144p.

BATISTTI, M. Avaliação de famílias de maracujazeiro azedo quanto à reação a verrugose e a antracnose. Dissertação de mestrado. Tangará da Serra/MT: UNEMAT, 2015. 68 f.

ESASHIKA, D.A.S. Phenology and morphometry of flowers and fruits of *Passiflora* spp. species and hybrids aiming to genetic breeding. Dissertação de doutorado, Universidade de Brasília, 2018.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. Imprensa Universitária, Viçosa, 1987.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. **Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro – desafios da pesquisa** In: Faleiro, F.G.; Junqueira, N.T.V.; Braga, M.F. (Eds.) **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005a. p. 187- 210.

FREITAS, J.P.X.; OLIVEIRA, E.J.de; JESUS, O.N.de; CRUZ NETO, A.J.da; SANTOS, L.R. Development of a base population for recurrent selection in yellow passion fruit using selection indexes. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.47, n.3, 2012.

FREITAS, J.C.deO. Cruzamentos interespecíficos em Passiflora visando resistência a doença. Dissertação de doutorado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2014.

FUHRMANN, E.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BLUM, L. E. B.; BRAGA, M. W.; BELLON, G.; JUNQUEIRA, K. P. Reação de híbridos interespecíficos de Passiflora spp. à Xanthomonas axonopodis pv. passiflorae. **Ciência Rural** (UFSCM. Impresso), v.44, p.1404 – 1410, 2014.

GRISI, M.C.M.; FALEIRO, F.G.F.; JUNQUEIRA, N.T.V.; OLIVEIRA, J.daS. Genetic variability of passion fruit multispecific hybrids and their respective wild parents determined by microsatellite markers. **Journal of Agricultural Science**; v.11, n.10, p.302-312, 2019.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Produção Agrícola Municipal – Culturas Temporárias e Permanentes**. Rio de Janeiro: IBGE, 2020. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457>. Acesso em: 28 out. 2020.

JUNQUEIRA, N.T.V.; LAGE, D.A. da C.; BRAGA, M.F.; PEIXOTO, J.R.; BORGES, T.A., ANDRADE, S.R.M. Reação a doenças e produtividade de um clone de maracujazeiro-azedo propagado por estaquia e enxertia em estacas herbáceas de passiflora silvestre. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.28, p.97-100, 2006.

MIRANDA, H.A. Incidência e severidade de *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Septoria passiflorae*, *Cladosporium herbarum* e Passionfruit Woodiness Virus em genótipos de maracujazeiro azedo cultivados no Distrito Federal. Dissertação de Mestrado, Universidade de Brasília, 2004. 77f.

MUSCHNER, V. C.; LORENZ, A. P.; CERVI, A. C.; BONATTO, S. L.; SOUZA-CHIES; T. T., SALZANO, F. M.; FREITAS, L. B. A first molecular phylogenetic analysis of *Passiflora* (Passifloraceae). **American Journal of Botany**, v.90, n.8, p. 1229-1238, 2003.

OLIVEIRA, E.J., FRAIFE FILHO, G.A., FREITAS, J.P.X., DANTAS, J.L.L., RESENDE, M.D.V. Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnolgy**, v. 12, n.3., 2012.

OLIVEIRA, J. C.; RUGGIERO, C. Aspectos sobre o melhoramento do maracujazeiro amarelo. In: Simpósico Brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro, 1998, **Anais.Jaboticabal**: FUNEP, 1998. p. 291-310.

OLIVEIRA, E.J.de; SOARES, T.L.; BARBOSA, C.deJ., FILHO , H.P.S.; JESUS, O.N.de. Severidade de doenças em maracujazeiro para identificação de fontes de resistência em condições de campo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 35, n. 2, p. 485-492, 2013.

OLIVEIRA, E. J.; SOARES, T. L.; BARBOSA, C. de. J.; SANTOS FILHO, H. P.; JESUS, O. N. de. Severidade de doenças em maracujazeiro para identificação de fontes de resistência em condições de campo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.35, p.485-492, 2013.

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

ROCHA, M.R.da. Selection strategies in genetic improvement of yellow passion fruit. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Viçosa, MG, Brazil, 2014.

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

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

SOUZA, M. A.; ZACARONI, A. B.; JUNQUEIRA, N. T. V.; FALEIRO, F. G.; TEIXEIRA, L.P.; SUSSEL, A. A. B. Produtividade e custo de produção de mudas de maracujazeiro-azedo tipo ‘mudão’. **Cadernos de Agroecologia**, v.9, n. 3, 2014.

VILELA, M. S. Estimativas de parâmetros genéticos para características de plantas de populações de cenoura em dois diferentes sistemas de cultivo agroecológico. Dissertação de Mestrado, Brasília: Universidade de Brasília, 2008. 67p.