

AVALIAÇÃO DA POPULAÇÃO RC<sub>2</sub> DE *PASSIFLORA* E SELEÇÃO  
DE GENÓTIPOS PARA COMPOR O CICLO DE SELEÇÃO  
RECORRENTE VISANDO RESISTÊNCIA AO *Cowpea aphid-borne  
mosaic vírus*

**RAVENA FERREIRA VIDAL**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO - 2021

AVALIAÇÃO DA POPULAÇÃO RC<sub>2</sub> DE *PASSIFLORA* E SELEÇÃO  
DE GENÓTIPOS PARA COMPOR CICLO DE SELEÇÃO  
RECORRENTE VISANDO RESISTÊNCIA AO *Cowpea aphid-borne  
mosaic vírus*

**RAVENA FERREIRA VIDAL**

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Doutora em Genética e Melhoramento  
de Plantas.”

Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO - 2021

### FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

V649

Vidal, Ravena Ferreira.

AVALIAÇÃO DA POPULAÇÃO RC<sub>2</sub> DE *PASSIFLORA* E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PARA COMPOR O CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE VISANDO RESISTÊNCIA AO *Cowpea aphid-borne mosaic vírus* / Ravena Ferreira Vidal. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

107 f. : il.

Bibliografia: 68 - 85.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2021.  
Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. virose. 2. melhoramento de *Passiflora*. 3. REML/BLUP. 4. índice de seleção. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

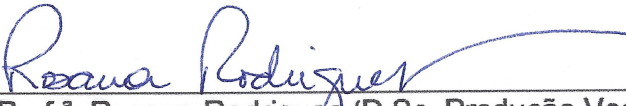
AAVALIAÇÃO DA POPULAÇÃO RC<sub>2</sub> DE *PASSIFLORA* E SELEÇÃO  
DE GENÓTIPOS PARA COMPOR CICLO DE SELEÇÃO  
RECORRENTE VISANDO RESISTÊNCIA AO *Cowpea aphid-borne  
mosaic vírus*

**RAVENA FERREIRA VIDAL**


“Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Doutora em Genética e Melhoramento  
de Plantas.”

Aprovada em 17 de março de 2021.

Comissão Examinadora:

  
\_\_\_\_\_  
Prof.<sup>a</sup>. Rosana Rodrigues (D.Sc. Produção Vegetal) - UENF

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Marcelo Vivas (D.Sc. Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Cláudio Horst Bruckner (D.Sc. Genética e Melhoramento) - UFV

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc. Produção Vegetal) - UENF  
(Orientador)

“E se seu objetivo não fosse permanecer vivo,  
e sim permanecer humano?”  
(George Orwell - 1984)

## DEDICATÓRIA

*A minha mãe (in memoriam) e ao meu irmão Rogers.*

Dedico

## AGRADECIMENTOS

Inicialmente gostaria de agradecer a Deus pela constante companhia e por sempre estar iluminando meus caminhos e me dando forças;

Aos meus pais (*in memoriam*), em especial a minha mãe, por sempre acreditar em mim e me incentivar;

Ao meu irmão Rogers, você é parte dessa vitória, obrigada pelo incentivo e apoio de sempre;

Aos meus familiares, em especial as minhas tias Mazé, tia Ana e meu primo João Mateus, que sempre que possível estiveram ao meu lado, obrigada pelo apoio, pelas conversas e pelas orações;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, pela infraestrutura e possibilidade de realizar o curso;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro - FAPERJ e a Universidade do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF pelas concessões de bolsas e apoio a pesquisa;

À Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, na pessoa da professora Telma Nair Santana Pereira;

Ao meu orientador Alexandre Pio Viana, pela dedicação, apoio e orientação;

As professoras Telma Nair e Rosana Rodrigues, pela orientação e apoio durante o doutorado;

Ao professor Marcelo Vivas, pelas contribuições no meu trabalho de tese;

Ao secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, José Daniel Valle de Almeida;

Aos meus amigos da genética dos fortes, Tiago Jorge, Jhean Torres, Divino Rosa, e em especial a Flávia Nicácio e Rafaela Pereira, pela amizade, carinho, apoio, companheirismo e momentos de alegria;

Ao Grupo de pesquisa das fruteiras pelo apoio e amizade, especial a Sandra Preisigke, Flavia Alves e Debora Mendes;

Aos amigos e colegas do curso do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, em especial ao Rafael Cabral, Paola Bianchi, Diemis Bohry, Gabriel Moreno e Walter Jario;

Aos amigos que fiz durante essa longa caminhada, em especial a Debora Evellin, Camila Cordeiro, Nayara Vigneron, Luana Burg e Luana Vasconcelos;

As professoras e técnicas administrativas da NumberOne, Maressa Sodré, Francimara Lopes, Monique Oliveira, Vanessa Ribeiro, Jessica Lopes e Andreia Paes, pelo apoio e incentivo durante meu processo de preparação para Toefl.

A todos, meu muito obrigada!



## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	viii
<b>ABSTRACT</b> .....	xi
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	4
2.1. Objetivo Geral.....	4
2.2. Objetivos Específicos .....	4
<b>3. CAPÍTULOS</b> .....	5
<b>3.1. RESISTÊNCIA AO <i>Cowpea aphid-borne mosaic virus</i> EM RETROCRUZAMENTOS DE MARACUJÁ PARA SELEÇÃO RECORRENTE E DESENVOLVIMENTO DE CULTIVARES RESISTENTES</b> .....	5
<b>3.1.1. INTRODUÇÃO</b> .....	5
<b>3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	7
3.1.2.1. A cultura do maracujazeiro.....	7
3.1.2.2. Virose do endurecimento dos frutos.....	8
3.1.2.3. Melhoramento de maracujazeiro visando à resistência à virose .....	10
3.1.2.4. Seleção de genótipos resistentes ao CABMV com bom desempenho agronômico através dos modelos mistos .....	11
3.1.2.5. Programa de melhoramento genético de <i>Passiflora</i> da UENF visando resistência ao CABMV .....	13
<b>3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	14
3.1.3.1. Genealogia, obtenção e condução da população segregante RC <sub>2</sub> .....	14

3.1.3.2. Avaliação de resistência ao CABMV, produção de frutos e estimativas de parâmetros genéticos.....	19
3.1.3.3. Ranqueamento e seleção de genótipos .....	24
<b>3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>24</b>
3.1.4.1. Estimativas dos parâmetros genéticos.....	24
3.1.4.2. Ranqueamento das famílias e genótipos .....	27
3.1.4.3. Seleção de genótipos.....	33
<b>3.1.5. CONCLUSÕES .....</b>	<b>35</b>
<b>3.2.O USO DE ÍNDICE DE SELEÇÃO E ANÁLISE MULTIVARIADA PARA SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE CARACTERÍSTICAS EM POPULAÇÃO DE MARACUJAZEIRO.....</b>	<b>36</b>
<b>3.2.1. INTRODUÇÃO .....</b>	<b>36</b>
<b>3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>38</b>
3.2.2.1. Modelos mistos .....	38
3.2.2.2. Índice de seleção para seleção simultânea.....	38
3.2.2.3. Relações entre características .....	40
3.2.2.4. Estudos de diversidade .....	42
<b>3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>43</b>
3.2.3.1. População segregante RC <sub>2</sub> .....	43
3.2.3.2. Avaliação da virose, produção e qualidade de frutos .....	46
3.2.3.3. Análises estatísticas .....	47
3.2.3.3.1. Estimativas de parâmetros genéticos.....	47
3.2.3.3.2. Índice de seleção para seleção simultânea.....	49
3.2.3.3.3. Relações entre características .....	51
3.2.3.3.4. Estudo de diversidade .....	51
<b>3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>52</b>
3.2.4.1. Parâmetros genéticos.....	52
3.2.4.2. Índice de seleção para seleção simultânea.....	55
3.2.4.3. Relação entre características .....	61
3.2.4.4. Estudo de diversidade .....	63
3.2.5. CONCLUSÕES .....	67
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>68</b>

## RESUMO

Ferreira Vidal, Ravena; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; 17 de março de 2020. Avaliação da população RC<sub>2</sub> de *Passiflora* e seleção de genótipos para compor o novo programa de seleção recorrente visando resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana. Conselheiros: Prof<sup>a</sup>. Telma Nair Santana Pereira e Prof. Rosana Rodrigues.

O cultivo do maracujá ocupa lugar de destaque na fruticultura brasileira, porém, vem ocorrendo sucessivos declínios de produção. A principal causa desta retração na produção é o aumento da incidência da virose do endurecimento dos frutos causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) nas áreas de cultivo. Essa virose causa severas deformações nos frutos e pode levar a inviabilidade do plantio comercial do maracujazeiro. Como não há cultivares resistentes a essa virose, o programa de melhoramento do maracujá da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) visa desenvolver uma cultivar resistente a esse vírus. De maneira que, o objetivo deste trabalho foi avaliar a resistência ao CABMV na população segregante de maracujá RC<sub>2</sub> visando selecionar genótipos resistentes e agronomicamente superiores. No primeiro capítulo foram avaliadas a resistência ao CABMV e a produção total de fruto da população RC<sub>2</sub> via procedimento REML/BLUP visando selecionar genótipos para compor o novo programa de seleção recorrente e indicar possíveis genótipos para lançamento de uma nova cultivar de maracujazeiro. No segundo capítulo foi realizada a seleção simultânea entre as 11 diferentes características morfoagronômicas avaliadas

através de índice de seleção. Ademais, foram estimadas as correlações entre as características avaliadas e realizada a análise de diversidade genética da população. O experimento foi conduzido em delineamento em blocos casualizados composto de seis famílias de irmãos-completos com seis repetições e desbalanceado para plantas dentro de famílias. Foram avaliadas características morfoagronômicas de resistência ao CABMV, produção total de frutos ( $\text{kg.planta}^{-1}$ ), número de frutos por planta, produtividade ( $\text{Mg.ha}^{-1}$ ), massa de frutos (g), massa da polpa (g), rendimento de polpa(%), diâmetro de fruto (mm), comprimento de fruto (mm), espessura da casca (mm) e °Brix. A avaliação de resistência ao vírus foi obtida pela curva de progresso da doença por meio de escala de nota avaliando-se percentual do sintoma na planta e nas folhas jovens. A partir dessas informações, foram estimados os componentes de variância e o valor genético via REML/BLUP. Para a seleção simultânea via índice de seleção foram utilizados os índices Multiplicativo, Aditivo e Mulamba e Mock. As correlações e a matriz de distância genética pelo método UPGMA baseado na distância euclidiana média foram obtidas a partir dos 48 genótipos selecionados via índice de seleção de Mulamba e Mock. Os maiores valores estimados dos parâmetros genéticos para as 11 características avaliadas, foram acurácia e herdabilidade com base na média da família. A família RC<sub>2</sub> - 17 apresentou o melhor ganho genético aditivo quanto à resistência ao CABMV e o pior para a produção de frutos. A família RC<sub>2</sub> - 293 apresentou o maior valor estimado de ganho genético para produção de frutos. A variabilidade genética na população segregante RC<sub>2</sub> permitiu selecionar genótipos superiores. Vinte e nove genótipos foram selecionados para iniciar o programa de seleção recorrente voltado para a resistência ao CABMV. Os genótipos RC<sub>2</sub> - 89 e RC<sub>2</sub> - 323 mostraram potencial para serem lançados como cultivares de maracujá resistentes ao CABMV. O índice de Mulamba e Mock foi o mais promissor para a realização de seleção de múltiplas características, pois apresentou as melhores estimativas dos ganhos de seleção com base no diferencial de seleção considerando intensidade de seleção de 18%. As correlações mais relevantes foram as relacionadas a AACPD que se mostraram positivas altas para as características massa de fruto, massa de polpa, comprimento e diâmetro. Além de negativa moderada para número de fruto e insignificante com produção de fruto. Isso demonstra que há forte indícios que esses genótipos estão mais próximo geneticamente do genitor suscetível (Cultivar UENF Rio Dourado). Via distância

euclidiana média, os 48 genótipos selecionados pelo índice Mulamba e Mock foram separados em sete grupos, possibilitando observar ampla diversidade genética entre os genótipos. Os genótipos do grupo 4 e do grupo 7 são indicados para a realização dos futuros cruzamento para aumentar os alelos favoráveis para resistência ao CABMV e para produção de frutos. Além disso, as características de qualidade de frutos podem ser dispensadas para realização dos agrupamentos via distância Euclidiana.

**Palavras-chave:** virose; melhoramento de *Passiflora*; REML/BLUP; índice de seleção.

## ABSTRACT

Ferreira Vidal, Ravena; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March 17, 2020. Evaluation of the RC2 population of *Passiflora* and genotype selection for compose the new recurring selection program aimed at resistance to the Cowpea aphid-borne mosaic vírus. Advisor: Prof. Alexandre Pio Viana. Counsellor: Profa. Telma Nair Santana Pereira and Profa. Rosana Rodrigues.

The cultivation of passion fruit occupies a prominent place in Brazilian fruit cultivation however, there were successive declines in production. The main cause of this retraction in production is the increased incidence of the woodiness disease caused by the *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) in the cultivated areas. This virus causes severe deformations in the fruits and can lead to the infeasibility of commercial planting of passion fruit. As there are no cultivars resistant to this virus and chemical control is inefficient, the passion fruit breeding program of the Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) seeks to develop a cultivar resistant to this virus. So that, the-goal of this work was to evaluate the resistance to CABMV in the segregating population of passion fruit BC<sub>2</sub> aiming to select resistant and agronomically superior genotypes. In the first chapter, resistance to CABMV and the total fruit production of the BC<sub>2</sub> population were evaluated via the REML/BLUP procedure aiming to select the genotypes to compose the recurrent selection cycle program and to indicate possible genotypes for launching a new passion fruit cultivar. In the second chapter, simultaneous

selection was carried out in between the 11 different morpho-agronomic characteristics evaluated via the selection index. Furthermore, to estimate the correlations between the evaluated characteristics were estimated and the genetic diversity analysis of the population was carried out. The experiment was conducted in a randomized block design composed of six full-sib families with six replicates and unbalanced for plants within families. Morpho-agronomic characteristics of resistance to CABMV, total fruit production (kg.plant<sup>-1</sup>), number of fruits per plant, productivity (Mg.ha<sup>-1</sup>), fruit mass (g), pulp mass (g), pulp yield (%), fruit diameter (mm), fruit length (mm), peel thickness (mm) and °Brix were evaluated. The evaluation of resistance to the virus was obtained by the disease progress curve by means of a note scale evaluating the percentage of the symptom in the plant and in the young leaves. As of these information, the components of variance and genetic value were estimated via REML/BLUP. For the simultaneous selection via the selection index, the Multiplicative, Additive and Mulamba and Mock indexes were used. The correlations and the genetic distance matrix by the UPGMA method based on the average Euclidean distance were obtained from the 48 genotypes selected via the Mulamba and Mock selection index. The highest estimated values of the genetic parameters, for the 11 traits evaluated, were accuracy and heritability based on the family average. The BC<sub>2</sub> - 17 family showed the best additive genetic gain in terms of resistance to CABMV and the worst for fruit production. The BC<sub>2</sub> - 293 family showed the highest estimated value of genetic gain for fruit production. The genetic variability in the BC<sub>2</sub> segregating population allowed to select superior genotypes. Twenty-nine genotypes were selected to start the recurrent selection program aimed at resistance to CABMV. The genotypes BC<sub>2</sub> - 89 and BC<sub>2</sub> - 323 showed the potential to be launched as passion fruit cultivars resistant to CABMV. The Mulamba and Mock index was the most promising for the selection of multiple characteristics because the best estimates of selection gains appeared based on the selection differential considering the selection intensity of 18%. The most relevant correlations were those related to AACPD, which were shown to be high positive for the characteristics of fruit mass, pulp mass, length and diameter. Beside to moderate negative for fruit number and insignificant with fruit production. This shows that there is strong evidence that these genotypes are genetically closer to the susceptible parent (Cultivar UENF Rio Dourado). Via the average Euclidean distance, the 48 genotypes selected by the Mulamba and Mock index, were

separated into seven groups, making it possible to observe a wide genetic diversity between the genotypes. The genotypes of group 4 and group 7 are indicated for the carried out of future crosses to increase the favorable alleles for resistance to CABMV and for fruit production. Furthermore, the characteristics of fruit quality can be dispensed by for the realization of groupings via Euclidean distance.

**Keyword:** virus infection; *Passiflora* breeding; REML/BLUP; selection index.



## 1. INTRODUÇÃO

O Brasil é o terceiro maior produtor de frutas no mundo, mostrando a relevância do setor da fruticultura para a economia do país (Sebrae, 2015). Dentre as plantas frutíferas produzidas no Brasil, o maracujazeiro-azedo (*Passiflora edulis* Sims) destaca-se pela sua importância social e econômica. O seu cultivo, geralmente, é realizado em pequenas propriedades e gera em média três empregos diretos e sete indiretos nos diferentes elos da cadeia produtiva (Meletti, 2011; Paiva et al., 2014b).

Um dos principais centros de diversidade genética do gênero *Passiflora* é o Brasil, com aproximadamente 150 espécies de ocorrência endêmica. Este fato coloca o país em condições privilegiadas quando se trata de recursos genéticos disponíveis para pesquisa (Bernacci et al., 2005; Faleiro et al., 2005; Cervi et al., 2010). Essa variabilidade genética existente no Brasil pode ser explorada nos programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de novas cultivares, o que é fundamental para garantir a viabilidade do seu cultivo (Faleiro et al., 2015). Entretanto, é necessário estudar essa diversidade para identificar genótipos mais produtivos, principalmente resistentes a doenças para assim introduzi-los nos programas de melhoramento genético.

Entre as principais doenças que comprometem o cultivo do maracujazeiro, destaca-se a virose do endurecimento dos frutos. Essa virose é causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) e provoca ciclos de retração na produção. Dados do IBGE (2020) mostram que ocorreu declínio de 2,5% na

produção entre os anos de 2016 e 2018. Além do declínio na produção, ela também compromete a qualidade do fruto, a produtividade, a longevidade dos pomares e reduz o valor comercial do fruto (Faleiro et al., 2011; Santos et al., 2015b; Freitas et al., 2016). Como não há disponível para os agricultores cultivares de maracujazeiro resistentes ao CABMV, o lançamento de cultivares resistentes a doenças e adaptadas é a estratégia mais eficiente para lidar com os fatores limitantes da produção (Faleiro et al., 2011). Entretanto, deve-se ressaltar que para a obtenção de genótipos com boa produtividade e resistente a doenças, é necessário o avanço de gerações bem sucedido e conhecer sobre a expressão gênica que controlam as características.

Viana e Resende (2014) destacam o procedimento REML/BLUP como método para predizer os melhores ganhos genéticos através da seleção. Além disso, permite indicar genótipos com características genéticas superiores e a melhor tomada de decisão nas futuras estratégias de melhoramento. O trabalho realizado por Santos et al. (2015a) com indivíduos de uma população segregante oriunda de cruzamento interespecífico de maracujá mostrou que o método REML/BLUP foi eficaz na identificação de genótipos superiores. Assim como, Preisigke et al. (2020a) avaliando uma população RC<sub>1</sub> de maracujazeiro identificaram que apesar das baixas herdabilidades observadas pode-se observar ganhos na seleção via estimativa de BLUP's individuais.

Também pode-se destacar o índice de seleção como método de seleção de genótipos superiores com múltiplas características favoráveis e permitindo a classificação mais acurada dos genótipos. No melhoramento do maracujazeiro-azedo, os índices de seleção proporcionaram resultados satisfatórios e eficientes para a seleção de genótipos superiores (Silva et al., 2017; Dalbosco et al., 2018; Cordeiro et al., 2019; Dalbosco et al., 2019). Cavalcante et al. (2018) avaliaram uma população de maracujazeiro submetida ao terceiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional e concluíram que o índice de seleção é uma estratégia recomendada para ganhos consecutivos na qualidade dos frutos e nas características de produção.

Pesquisas de melhoramento do maracujazeiro têm utilizado a análise de correlação para realizar seleção simultânea de caracteres (Santos et al., 2017; Cavalcante et al., 2018). Eles vêm mostrando que conhecer a associação entre características, proporcionam aos melhoristas um conjunto simplificado de

variáveis para seleção além de possibilitar possíveis contrapartidas da seleção (Viana et al., 2017). Entretanto, a magnitude e o valor das correlações não são suficientes para esclarecer as relações entre as variáveis estudadas, pois pode não haver relação real de causa e efeito. O alto ou o baixo coeficiente de correlação pode ser o resultado do efeito de outras variáveis, sem revelar a exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos (Cruz et al., 2014).

Além disso, é necessário mensurar a divergência genética existentes nas populações. A distância Euclidiana permite obter observações individuais dos genótipos, sem a necessidade de experimentos que envolvem delineamentos experimentais, além de ser a medida mais usada em plantas perenes (Oliveira et al., 2017; Rodrigues et al., 2017; Rosado et al., 2017; Torres et al., 2019; Bernardes et al., 2020). A quantificação dessa variabilidade é de extrema importância para o melhorista, pois permite distinguir os genótipos de acordo com as características morfoagronômicas avaliadas e estabelecer sua aproximação genética permitindo a escolha mais acurada dos diferentes grupos fenótipos.

Assim, a escolha do método mais apropriado tem sido determinada pela precisão desejada pelo melhorista, pela facilidade de análise e pela forma como são obtidas as informações (Cruz et al., 2014). O objetivo do presente trabalho foi avaliar a resistência de uma população segregante RC<sub>2</sub> ao CABMV, estimar parâmetros e valores genéticos pelo procedimento REML/BLUP em nível de plantas e dentro de famílias, realizar seleção simultânea através de índice de seleção. Além disso, selecionar genótipos para iniciar ciclo de seleção recorrente visando resistência ao CABMV e indicar genótipos para lançamento de uma cultivar resistente e com características agronômicas promissoras.

## 2. OBJETIVOS

### 2.1. Objetivo Geral

Avaliar a resistência à virose causada pelo CABMV em seis famílias de irmãos-completos de maracujazeiro-azedo pertencentes à segunda geração de retrocruzamento.

### 2.2. Objetivos Específicos

- ✓ Avaliar o desempenho da população RC<sub>2</sub> quanto ao vírus CABMV;
- ✓ Fenotipar a população RC<sub>2</sub> com base na produção e qualidade de fruto;
- ✓ Estimar os parâmetros genéticos via metodologia REML/BLUP;
- ✓ Selecionar genótipos superiores para recombinações e dar origem ao primeiro ciclo de seleção recorrente;
- ✓ Identificar possíveis genótipos resistentes ao vírus CABMV para lançamento de nova cultivar adaptada à região norte e noroeste fluminense.
- ✓ Utilizar diferentes índices de seleção para seleção simultânea de genótipos superiores com base nas 11 características morfoagronômicas, via REML/BLUP;
- ✓ Verificar a correlação genética entre as 11 características avaliadas;
- ✓ Verificar a divergência genética e realizar o agrupamento dos genótipos selecionados pelo melhor método de índice de seleção.

### 3. CAPÍTULOS

#### 3.1. RESISTÊNCIA AO *Cowpea aphid-borne mosaic vírus* EM RETROCRUZAMENTOS DE MARACUJÁ PARA SELEÇÃO RECORRENTE E DESENVOLVIMENTO DE CULTIVARES RESISTENTES

##### 3.1.1. INTRODUÇÃO

O cultivo do maracujazeiro ocupa importante lugar na fruticultura brasileira devido ao uso diversificado do fruto, alto valor agregado e grande importância social (Meletti, 2011). Segundo dados do IBGE (2020), a produção de maracujá-azedo em 2019 foi de aproximadamente 594 toneladas. Porém, vem ocorrendo quedas sucessivas desde o ano de 2013, chegou ao patamar de 28,95% de queda no ano de 2019, em relação a 2013. Esse declínio, é causado por diversos fatores, entre eles, problemas fitossanitários e a falta de genótipos adaptados às regiões de cultivo (Cavalcante et al., 2019).

O principal problema fitossanitário observado nos pomares de maracujazeiro é a virose do endurecimento dos frutos, que é causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) (Sabião et al., 2011). Essa doença causa a redução no desenvolvimento da planta afetando diretamente a produção e a qualidade dos frutos, os quais ficam menores, deformados e endurecidos (Viana et

al., 2014). O CABMV é transmitido por afídeos vetores através de uma única picada de prova, bem como durante o processo de enxertia e durante os tratos culturais de poda de formação e desbaste. O controle desse vírus nas áreas produtoras é ineficiente, pois a sua transmissão é não circulante e não persistente (Gibbs e Ohshima, 2010).

O programa de melhoramento do maracujazeiro da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) busca fontes de resistência ao CABMV via incorporação de genes de resistência ao CABMV em população de maracujazeiro. Esse processo foi realizado via cruzamento interespecífico entre cultivar UENF Rio Dourado x *P. setacea* (espécie silvestre) e gerações de retrocruzamentos (Santos et al., 2015a; Santos et al., 2019b; Preisigke et al, 2020a e b). Além disso, o referido programa também realiza estudos sobre a herança de resistência a essa virose (Freitas et al., 2015; Santos et al., 2019a). Estudos relacionados à diversidade do gênero *Passiflora* e métodos de melhoramento para identificar genótipos com resistência ao CABMV com potencial produtivo são de extrema importância para a sustentabilidade da cultura no Brasil. Esses estudos possibilitam lançamento de cultivares resistentes e adaptadas para região de cultivo, além de promover a conservação e o melhor uso desse recurso genético disponível.

Nos trabalhos de melhoramento com maracujazeiro é necessário usar técnicas experimentais que permitam a predição do valor genético do indivíduo por meio das características fenotípicas (Ribeiro et al., 2019). O método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) admite essa abordagem, pois modela simultaneamente os efeitos fixos e aleatórios do modelo. Esse procedimento permite excelente ganho genético e grande precisão na seleção, especialmente em plantas perenes, além de estimar o erro experimental e a constante  $\mu$  (Assunção et al., 2015; Resende, 2016; Silva et al, 2017).

Devido à ineficiência no controle do CABMV e do seu vetor, a inexistência de cultivares resistentes ao CABMV e visando reduzir as perdas na produção e na qualidade dos frutos, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a resistência ao CABMV de uma população segregante RC<sub>2</sub> de maracujazeiro via procedimento REML/BLUP visando selecionar genótipos resistentes com características agrônomicas comerciais para iniciar programa de seleção recorrente e possível lançamento de nova cultivar de maracujazeiro resistente ao CABMV da UENF.

### 3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1.2.1. A cultura do maracujazeiro

O maracujazeiro-azedo (*Passiflora edulis* Sims), pertencente à família Passifloraceae, tem seu centro de origem na América Tropical distribuída no Brasil, Argentina, Paraguai, Venezuela, Equador, ao longo da América Central, ilhas das Índias Ocidentais, México e sul dos Estados Unidos (Cunha et al., 2004; Bernacci et al., 2005). Essa família botânica possui 18 gêneros, entre eles o *Passiflora*, considerado o mais representativo em número de espécies e com maior importância comercial (Ulmer e MacDougal 2004; Bernacci et al., 2005).

O Brasil é considerado um dos principais centros de diversidade do gênero *Passiflora* com aproximadamente 150 espécies sendo 87 endêmicas no país, colocando o Brasil em condições privilegiadas em recursos genéticos disponíveis para a pesquisa. Apesar dessa ampla variabilidade, o maracujá- azedo é a espécie mais conhecida e cultivada no país. Mais de 95% das áreas plantadas no Brasil utilizam essa espécie em seus pomares devido à qualidade dos seus frutos, vigor, produtividade, rendimento em suco e rápido retorno econômico ao agricultor (Meletti et al., 2010; Meletti, 2011; Silva et al., 2017). (Meletti et al., 2000, Faleiro et al., 2005; Bernacci et al., 2015).

As principais espécies desse gênero são diploides ( $2n=2x=18$  cromossomos), alógamas e autoincompatíveis. A autoincompatibilidade condiciona a fecundação cruzada induzindo a alogamia e alto grau de heterozigose nos cruzamentos (Bruckner et al., 1995). As plantas de maracujazeiro são trepadeiras herbáceas ou lenhosas com gavinhas e às vezes podem se comportar com arbustos ou árvores (Souza e Lorenzi, 2008). A sua propagação pode ser via sementes, estacas, enxertia e micropropagação sendo mais utilizadas via sementes e estaca (Braga e Junqueira, 2003).

As flores são hermafroditas, grandes, vistosas e protegidas na base por brácteas foliares e os estames aparecem em número de cinco, presos a um androginóforo bem desenvolvido (Ulmer e Macdougall, 2004). O florescimento ocorre em dias longos, com mais de 11 horas de luz, em regiões de baixa latitude e a produção ocorre durante todo o ano (Meletti et al., 2010). Os frutos são bagas, globosos ou ovoides, de coloração predominantemente amarela, porém existem

frutos de coloração vermelha e roxa (Vanderplank, 2000). Mostra-se relativamente precoce, iniciando a produção com cerca de 3 a 9 meses após o plantio dependendo da espécie e da região (Meletti et al., 2003).

A cultura do maracujá ocupa importante lugar no setor agrícola brasileiro devido sua aceitação no mercado consumidor. Os frutos produzidos podem ser utilizados como alimento *in natura* e na indústria alimentícia. Os pequenos agricultores encontraram no cultivo do maracujá geração de renda apesar do investimento inicial da atividade ser elevado, pois oferece rápido retorno econômico e receita bem distribuída ao longo do ano (Cervi et al., 2010; Meletti, 2011).

O Brasil produziu 593.429 toneladas de maracujá no ano de 2019 em área plantada de 41.800 hectares. O nordeste brasileiro é responsável por 64,50% da produção nacional sendo os estados da Bahia e do Ceará detentores de 52,84%. Neste mesmo ano, o estado do Rio de Janeiro produziu 7.009 toneladas em 398 hectares registrando redução de 19,65% na produção e 13,10% na área plantada em relação à safra do ano de 2017 (IBGE, 2020).

As variações observadas na produção são decorrentes, principalmente da incidência de doenças. Entre elas, se destaca o vírus do endurecimento dos frutos que ocorre de forma endêmica e disseminada na maioria das regiões produtoras de maracujá (Nascimento et al., 2006; Sampaio et al., 2008).

### **3.1.2.2. Virose do endurecimento dos frutos**

A virose do endurecimento dos frutos, causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV), é citada como uma das doenças mais significativas que ataca o maracujazeiro (Nascimento et al., 2006; Cerqueira-Silva et al., 2014). Ela afeta severamente a produtividade, o valor comercial dos frutos e o período produtivo dos pomares (Pio-Ribeiro e Mariano, 1997). Em virtude da alta incidência dessa virose, a cultura vem tornando-se anual, visto que antes das epidemias, os pomares permaneciam no campo por pelo menos três anos consecutivos (Yuki et al., 2006).

O endurecimento dos frutos do maracujazeiro pode ser causado por dois potyvirus, o PWV (*Passion fruit woodiness virus*) e o CABMV (*Cowpea Aphid Borne Mosaic Virus*) ambos pertencem ao gênero *Potyvirus* da família *Potyviridae* (Van Regenmortel et al., 2000). Entretanto, a análise filogenética de isolados do Brasil,



utilizando a sequência da capa proteica e sequenciamento do gene da proteína sugere identidade de 86% a 94% com isolados de CABMV. Esses estudos indicaram que o CABMV é o causador do endurecimento dos frutos do maracujazeiro no Brasil e que até o momento nenhum isolado brasileiro sequenciado pertence à espécie PWV (Nascimento et al., 2004; Nascimento et al., 2006; Barros et al., 2011).

A transmissão do CABMV em maracujazeiro pode ser por afídeos, enxertia e ferramentas de corte (Gibbs e Ohshima, 2010). Os sintomas do CABMV caracterizam-se pela presença de mosaico comum, acompanhados em alguns casos de enrugamento e distorção foliar (Rezende, 2006). Plantas infectadas têm redução na área foliar, o que compromete seu desenvolvimento e afeta diretamente a produção. Além disso, afeta a qualidade dos frutos, os quais ficam menores, deformados e endurecidos. Além de ser uma das principais causadoras no declínio da produção e da qualidade dos frutos (Gioria et al., 2000).

No Brasil, esta doença foi descrita nos principais estados produtores, como Bahia (Chagas et al., 1981), Ceará (Lima et al., 1985; Bezerra et al., 1995) e São Paulo (Chagas et al., 1992) além de estados como Santa Catarina (Colariccio et al., 2008), Mato Grosso do Sul (Stangarlin et al., 2011) e Rio de Janeiro (Maciel et al., 2009). Estudos relacionados para conter o avanço dessa doença têm aumentado consideravelmente e algumas estratégias como a obtenção de plantas transgênicas (Monteiro-Hara et al., 2011), indução de resistência (Di Piero et al., 2010) e introgressão de genes de resistência (Santos et al. 2015a; Santos et al., 2019b; Preisigke et al, 2020a e b). Deve-se ressaltar que o controle dessa virose também está diretamente relacionado a presença do vetor na área de cultivo, sua interação com o hospedeiro, fatores ambientais e o manejo da cultura.

Diante desses fatores, percebeu-se a necessidade de realizar estudos visando o desenvolvimento de cultivares resistentes ao CABMV. Pesquisas realizadas na região do Norte Fluminense por Freitas et al. (2015), Santos et al. (2015a) e Preisigke et al (2020a) mostraram resultados promissores na incorporação de genes ligados ao CABMV na cultivar comercial UENF Rio Dourado.

### 3.1.2.3. Melhoramento de maracujazeiro visando à resistência à virose

O melhoramento visando à resistência à virose do endurecimento dos frutos merece atenção devido à disseminação da doença no país, redução do período de vida útil dos pomares brasileiros, redução da produção e diminuição da área plantada (Pinto et al., 2008). O desenvolvimento de cultivares melhoradas é uma das melhores alternativas para minimizar esse problema, contribuindo significativamente para a obtenção de plantas resistentes a doenças (Bruckner et al., 2002).

Os programas de melhoramento do maracujazeiro no Brasil têm foco no desenvolvimento de cultivares com boa produtividade e qualidade de frutos (Meletti et al., 2005). No ano de 2008, a Embrapa lançou algumas cultivares de maracujás no Brasil. Elas se mostraram mais produtivas e com qualidade de fruto diferenciada para o mercado de frutas frescas e para a agroindústria levando a transformação do cenário produtivo brasileiro (Meletti, 2011).

O maracujazeiro é uma planta alógama, autoincompatível do tipo homomórfica e esporofítica (Bruckner et al., 1995) e permite o uso de diversos métodos de melhoramento voltados para o aumento de genes favoráveis ou na exploração do vigor híbrido (Meletti e Bruckner, 2001). Com relação a caracteres de interesse agrônomo, geralmente, utiliza-se a hibridação intraespecífica para transferência de genes de interesse (Bruckner e Otoni, 2009).

Atualmente, os principais objetivos dos programas de melhoramento do maracujazeiro no Brasil, em especial, o da UENF, visa obter fontes de resistência ao CABMV e a incorporação de genes de resistência em novas cultivares. Pesquisas realizadas por Bueno et al. (2010), Oliveira et al. (2013) e Santos et al. (2015b) mostraram avanços relacionados à resistência e tolerância às doenças e pragas importantes da cultura. Ferreira et al. (2010) e Neves et al. (2011) verificaram avanços significativos em relação à produtividade e qualidade de frutos e ganhos genéticos e herdabilidade associada à resistência ao CABMV também são citados por Santos et al. (2015a) e Freitas et al. (2015).

Como a base genética do *Passiflora edulis* para resistência a doenças é estreita, o melhorista usa espécies silvestres como fontes de genes de resistência para ampliá-la através de cruzamentos interespecíficos (Santos et al., 2014). Na espécie *P. setacea* foram encontrados genes ligados à resistência ao CABMV

(Santos et al., 2015a). A introgressão de genes de resistência ao CABMV observada no *P. setacea* para *P. edulis* comercial é realizada através da hibridação interespecífica e seguidos retrocruzamentos (Fonseca et al., 2009; Santos et al., 2015a; Freitas et al., 2015). Embora, algumas espécies silvestres possam ser cruzadas facilmente com o maracujá-azedo (Santos et al., 2014) existem alguns problemas dos híbridos F<sub>1</sub> relacionados à macho esterilidade, viabilidade de pólen, falta de adaptação e suscetibilidade às doenças de parte aérea (Oliveira e Ruggiero, 1998).

O método de retrocruzamento é utilizado com o objetivo de transferir alelos ligados a uma determinada característica de interesse para uma cultivar elite e após sucessivas gerações de retrocruzamento recuperar o genoma da cultivar elite (Borém et al., 2017). Esta metodologia para introgridir genes de resistência a doenças e pragas já foi utilizada em outros trabalhos com maracujá e também com mamão (Fonseca et al., 2009; Ramos et al., 2011; Fuhrmann et al., 2014).

Estudar a diversidade genética existente no maracujazeiro com base em características agronômicas e de interesse para o melhoramento possibilita identificar genótipos superiores e contrastantes para futuros cruzamentos promissores (Paiva et al., 2014a). A resistência encontrada em *P. setacea* somados às características de qualidade e de produtividade de frutos em *P. edulis* é usada com estratégia para obter híbridos resistentes e com potencial comercial (Santos et al., 2015a).

#### **3.1.2.4. Seleção de genótipos resistentes ao CABMV com bom desempenho agronômico através dos modelos mistos**

O avanço de gerações bem sucedido em um programa de melhoramento é primordial, pois só assim é possível obter genótipos com boa produtividade e resistente a doenças. Entretanto, é necessário conhecer, explorar e manusear a variabilidade genética existente na população segregante e compreender como os genes se comportam para chegar aos genótipos ideais.

As análises biométricas também são fundamentais para conhecer a natureza da ação dos genes envolvidos no controle de determinado caráter, permitem prever o ganho genético com a seleção e o planejamento das estratégias de melhoramento (Viana e Resende, 2014). Dentre essas análises,

destaca-se a metodologia REML/BLUP que auxilia a seleção de genótipos superiores. Essa metodologia envolve 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 em um processo de seleção mais preciso (Resende, 2016).

O REML/BLUP prevê a ordenação de genótipos, explorando todas as variações genotípicas entre e dentro da progênie, mas levando em consideração cada variável analisada separadamente. Ao analisar o efeito do tratamento, tomando-os aleatoriamente, testes de comparações múltiplas entre as médias do tratamento não devem ser utilizados, pois esses testes são derivados de uma suposição de efeitos fixos do tratamento e, além disso, produzem inferências sobre médias fenotípicas e não sobre médias genotípicas (Resende, 2016).

Essa modelagem permite mensurar os efeitos fixos e aleatórios associados ao modelo. Os efeitos fixos estão relacionados ao ambiente e os efeitos aleatórios aos genótipos permitindo que a avaliação de genótipos em único ambiente através de amostragem de uma população (Resende, 2016). As informações de família e de indivíduo são analisadas simultaneamente através do uso da matriz de coeficiente de parentesco médio, com maior probabilidade de seleção de genótipos potenciais (Oliveira et al., 2008).

Além disso, o REML/BLUP pode ser aplicado a dados desbalanceados, permitindo utilizar simultaneamente amplo número de informações provenientes de vários experimentos gerando estimativas precisas. Também corrige os dados para os efeitos ambientais e prediz de maneira precisa e não viciada os valores genéticos, conduzindo à maximização do ganho genético com seleção e não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação (Resende et al., 2001).

O grupo de pesquisa da UENF usa o método REML/BLUP como ferramenta biométrica para obter cultivares resistentes ao CABMV de forma eficiente e robusta (Santos et al., 2015a; Preisigke et al., 2020a e b). O sucesso da seleção depende não apenas da variabilidade dos genótipos experimentais, mas da acurácia dos métodos de seleção usados. Considerando a importância econômica da cultura do maracujá e a ineficiência no controle CAMBV no Brasil, pesquisas voltadas para o desenvolvimento de cultivares resistentes ao CAMBV são realizadas no país visando reduzir as perdas na produção e elevar a qualidade dos frutos.

### 3.1.2.5. Programa de melhoramento genético de *Passiflora* da UENF visando resistência ao CABMV

Em 1998, iniciou-se o programa de melhoramento do maracujá-azedo desenvolvido pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro com a coleta de diversos genótipos de três regiões produtoras do estado do Rio de Janeiro (Viana et al., 2003). Em 2002, foram obtidas progênies da população de base avaliada por Viana et al. (2003) usando o Design I, proposto por Comstock e Robinson (1948). Com os resultados obtidos, foram selecionados genótipos intrapopulacionais para iniciar o programa de seleção recorrente.

Entre os anos de 2004 e 2011, foram realizados dois ciclos de seleção recorrente. No primeiro ciclo de seleção recorrente foram avaliados 113 famílias de meio-irmãos e no segundo ciclo 140 famílias de irmãos-completos (Silva et al., 2009; Ferreira et al., 2016). Em 2009, essas famílias foram recombinadas e em 2011, 28 famílias de meio-irmãos foram avaliadas a partir das quais foram obtidas famílias de irmãos-completos.

Em 2012 teve início terceiro ciclo de seleção recorrente com a avaliação de 81 famílias de irmãos-completos. Essas famílias foram avaliadas e 30% das melhores famílias foram selecionadas e recombinadas (Silva et al., 2017). Em 2015, as 22 melhores progênies foram selecionadas considerando as características de fruto via BLUP. As melhores progênies foram selecionadas e plantadas em campo nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara, Rio de Janeiro. As sementes dos frutos resultantes da polinização aberta originaram a cultivar UENF Rio Dourado (Viana et al., 2016).

Em 2010, simultaneamente com os estudos que deram origem a cultivar UENF Rio Dourado, iniciou-se o programa de melhoramento genético do maracujazeiro visando à resistência ao CABMV. Inicialmente, foi realizado o cruzamento interespecífico entre *P. edulis* x *P. setacea* dando origem a população com 178 híbridos interespecíficos de *Passiflora*. Esses genótipos foram avaliados quanto à resistência ao CABMV e, assim obtidos os parâmetros genéticos estimados através da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) (Santos et al., 2014 e 2015a e b). Além desse trabalho, Freitas et al. (2015 e 2016) avaliaram características morfoagronômicas relacionadas ao CABMV e realizaram

testes sorológicos em população de híbridos interespecíficos (*P. setacea* e *P. edulis*).

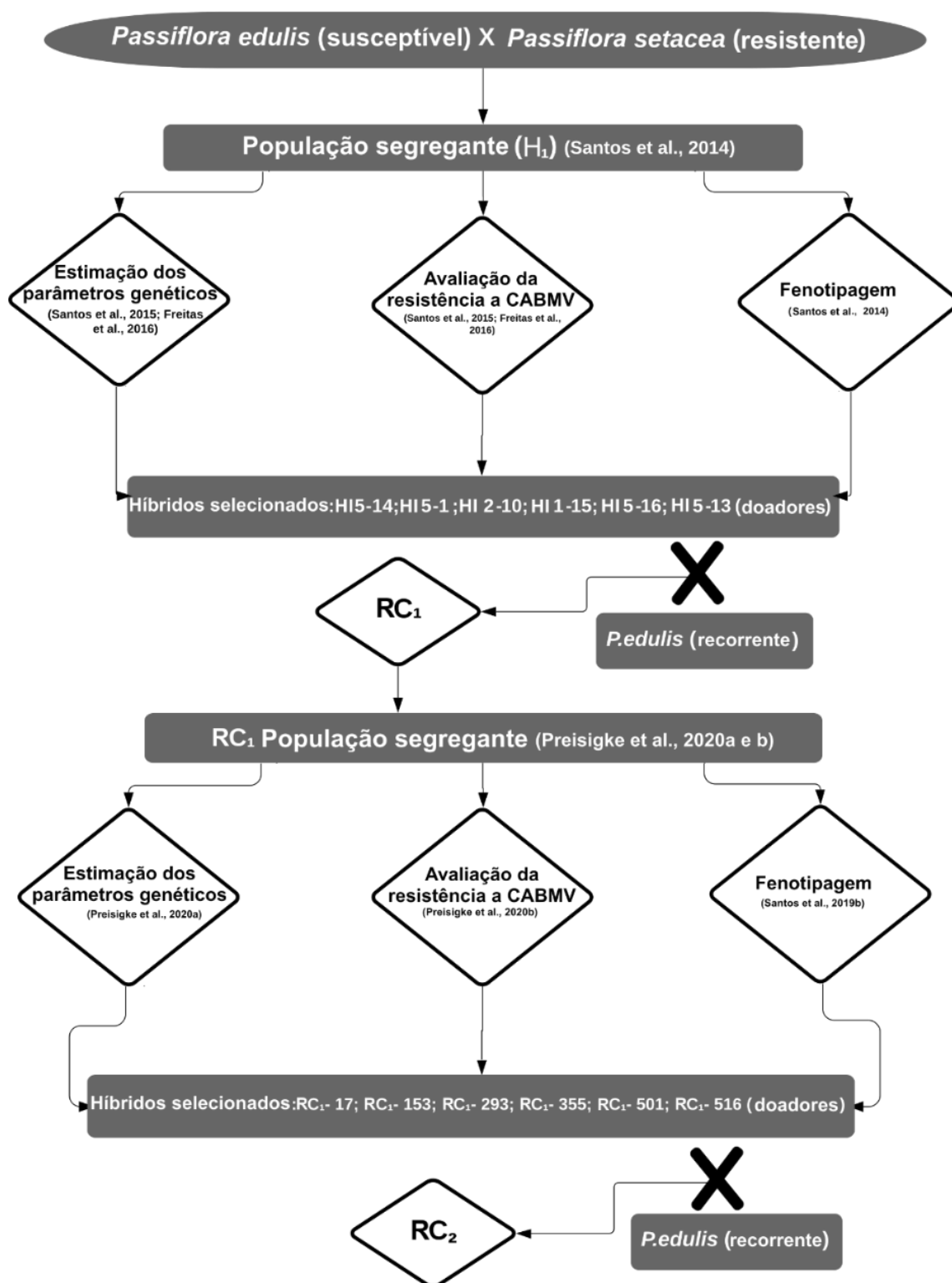
A partir do trabalho de Santos et al. (2014), foram realizados os retrocruzamentos entre o pai recorrente (*P. edulis*) e os melhores genótipos de híbridos interespecíficos, dando origem a população de primeira geração de retrocruzamento visando resistência ao CABMV (Preisigke et al., 2020a e b).

Em 2017, os genótipos selecionados por Preisigke et al. (2020b) foram realizados os retrocruzamentos entre o pai recorrente (*P. edulis*) e os melhores genótipos RC<sub>1</sub> (população do presente trabalho) e as recombinações entre os genótipos RC<sub>1</sub> (Gonçalves Junior, 2019). Os genótipos selecionados dessas populações deram origem ao programa de seleção recorrente visando resistência ao CABMV (em andamento) e a terceira geração de retrocruzamento.

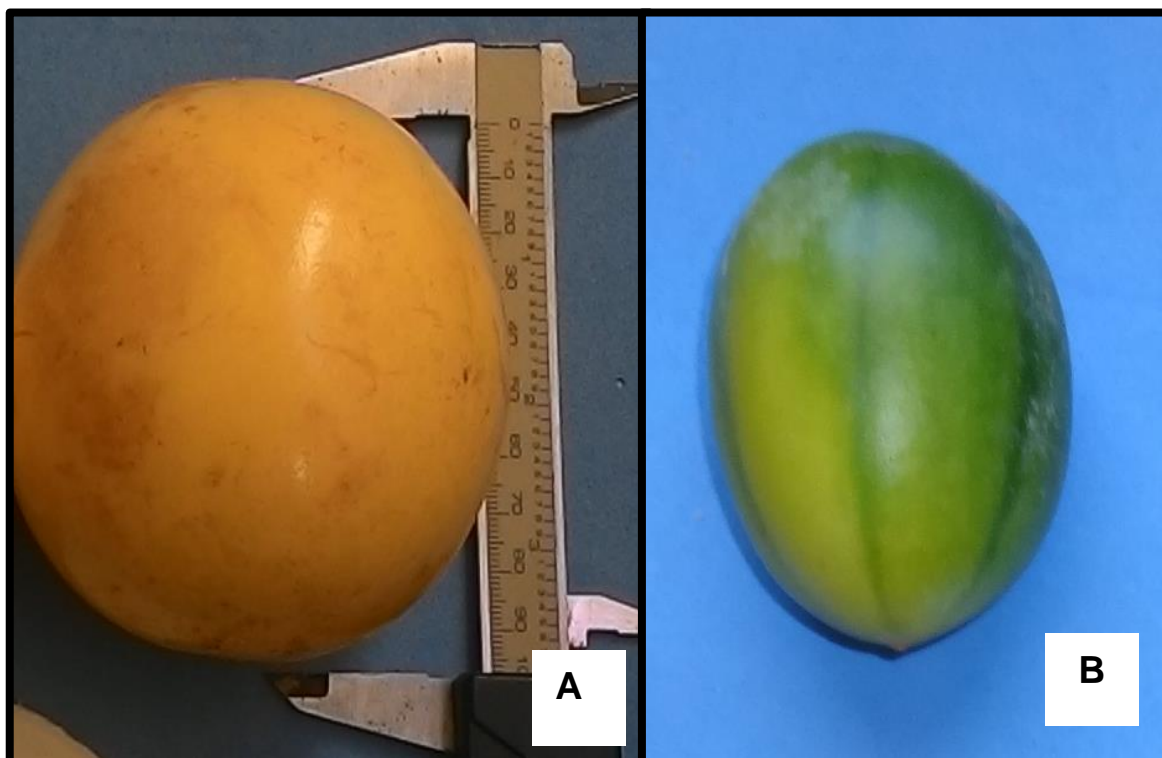
### 3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1.3.1. Genealogia, obtenção e condução da população segregante RC<sub>2</sub>

No fluxograma é apresentada as etapas do programa de melhoramento do maracujá da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) visando à resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) (Figura 1). Observa-se a origem dos híbridos interespecíficos (HI) a partir do cruzamento entre *Passiflora edulis* x *Passiflora setacea* (Figura 2 e 3), a origem da primeira geração de retrocruzamentos (RC<sub>1</sub>) oriunda do cruzamento entre HI selecionado x cultivar UENF Rio Dourado (Figura 4) e das análises realizadas em cada ciclo de seleção.



**Figura 1.** Fluxograma das etapas do programa de melhoramento do maracujazeiro visando à resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.



**Figura 2.** Fruto da cultivar UENF Rio Dourado - susceptível (A) e fruto da *Passiflora setacea* - resistente (B). Acervo: Sandra Preisigke.



**Figura 3.** Frutos oriundos da população segregante do cruzamento interespecífico entre *Passiflora edulis* x *Passiflora setacea*. Acervo: Próprio.





**Figura 4.** Frutos oriundos da população segregante de primeira geração de retrocruzamento de maracujazeiro. Acervo: Sandra Preisigke.

A obtenção da segunda geração de retrocruzamento ( $RC_2$ ) ocorreu através dos cruzamentos entre  $RC_1$ 's selecionados por Preisigke et al. (2020b) e a cultivar UENF Rio Dourado (Viana et al., 2016) na área experimental da UENF localizada na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes entre os meses de janeiro e junho de 2017. Para maior eficiência dos cruzamentos, foram selecionadas flores em pré-antese para serem genitores femininos (genitores receptores), as quais foram emasculadas no período da manhã e protegidas com sacos de papel. Já as flores selecionadas como genitores masculinos (genitores doadores) foram apenas protegidas com sacos de papel para evitar contaminação de pólen de outras plantas.

No momento de antese dos genitores receptores, a partir das 12h, os grãos de pólen dos genitores doadores foram cuidadosamente esfregados manualmente no estigma das flores dos genitores receptoras. Após esse procedimento, as flores foram identificadas de acordo com cruzamentos realizado e novamente protegidas com sacos de papel por 24 horas para verificação do pegamento.

Os frutos oriundos dos cruzamentos foram protegidos com rede de náilon até o seu completo amadurecimento. Em seguida, os frutos colhidos foram levados para o Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) da UENF para a remoção, lavagem e secagem das sementes. O processo de secagem das sementes foi feito sobre a bancada no LMGV em temperatura ambiente. Após a completa secagem, elas foram armazenadas em sacos de papel revestidos por

sacos plásticos e conservadas em geladeira a + 10°C no LMGV da UENF até o momento da semeadura.

As sementes das famílias de irmãos completos RC<sub>2</sub>'s foram semeadas em bandejas de isopor de 200 células contendo substrato comercial em casa de vegetação localizada na UENF em setembro de 2017. Após o surgimento de dois pares de folhas definitivas, as mudas foram transferidas individualmente para sacos plásticos de polietileno contendo substrato comercial. Em janeiro de 2018 as mudas foram plantadas na área experimental da UENF localizada na Escola Agrícola Antônio Sarlo de clima característico AW - tropical com inverno seco (Köppen e Geiger, 1928) e de solo o tipo argilo-arenoso.

O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso com seis repetições, desbalanceado para plantas dentro de famílias composto por seis famílias de irmãos completos de segunda geração retrocruzamento (RC<sub>2</sub>), e os seus genitores - *Passiflora setacea* (genitor resistente), cultivar UENF Rio Dourado (genitor recorrente e suscetível), dois híbridos interespecíficos (HI) e quatro genótipos de irmãos completos de primeiro retrocruzamento (RC<sub>1</sub>) totalizando 708 indivíduos (Tabela 1).

Todas as plantas de *P. edulis* usadas no experimento foram obtidas a partir de sementes da cultivar UENF Rio Dourado (Viana et al., 2016). As plantas dos híbridos interespecíficos e as da primeira geração de retrocruzamento foram obtidas a partir de estacas e mantidas em casa de vegetação até o momento do plantio.

Para condução das plantas no campo, foi utilizado sistema em espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m de altura, espaçados a 4 m e fio de arame número 12 a 1,80 m do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 m e os tratos culturais foram realizados de acordo com a exigência da cultura.

Na adubação de fundação foram utilizados 200g de calcário, 400g de superfosfato simples e 250g de cloreto de potássio por cova considerando a análise de solo realizado pela Fundernor. Na adubação mensal foram utilizados 80g de cloreto de potássio e 100g de ureia e, para suprir as necessidades hídricas da cultura foi utilizado sistema de irrigação por gotejamento (Faleiro et al., 2016).

**Tabela 1.** Identificação e origem da população de estudo segunda geração de retrocruzamento e seus parentais *Passiflora setacea*, *Passiflora edulis*, híbridos interespecíficos e primeira geração de retrocruzamento.

Descrição	Origem	Total de genótipos
PS	BAG UESC	8
PE	Cultivar UENF Rio Dourado	8
HI 5 - 14	OS 367 x PE 139 (40)	8
HI 1 - 15	PE 139 (40) x OS 367	8
RC <sub>1</sub> - 17	HI 5 - 14 x PE	8
RC <sub>1</sub> - 153	HI 5 - 14 x PE	8
RC <sub>1</sub> - 355	HI 1 - 15 x PE	8
RC <sub>1</sub> - 516	HI 1 - 15 x PE	8
RC <sub>2</sub> - 17	RC <sub>1</sub> - 17 x PE	100
RC <sub>2</sub> - 153	RC <sub>1</sub> - 153 x PE	92
RC <sub>2</sub> - 293	RC <sub>1</sub> - 293 x PE	80
RC <sub>2</sub> - 355	RC <sub>1</sub> - 355 x PE	146
RC <sub>2</sub> - 501	RC <sub>1</sub> - 501 x PE	126
RC <sub>2</sub> - 516	RC <sub>1</sub> - 516 x PE	100
<b>Total</b>		<b>708</b>

PE: *Passiflora edulis*; PS: *Passiflora setacea*; HI: híbridos interespecíficos selecionados no estudo de Santos et al. (2015a); RC<sub>1</sub>: Primeira geração de retrocruzamentos selecionados no estudo de Preisigke et al. (2020b); RC<sub>2</sub>: famílias de irmãos completos a segunda geração de retrocruzamento; Cultivar UENF Rio Dourado: cultivar do programa de melhoramento genético do maracujá por seleção recorrente no estudo de Viana et al. (2016)

### 3.1.3.2. Avaliação de resistência ao CABMV, produção de frutos e estimativas de parâmetros genéticos

Na área experimental há histórico da ocorrência natural do vírus e do afídeo responsável pela transmissão da doença não sendo necessária a realização de inoculação do vírus nas plantas. As avaliações foram realizadas sob a ocorrência natural do CABMV na área de plantio. Os utensílios de poda usados durante a condução das plantas não eram higienizados para descartar o efeito escape do vírus para que a propagação do vírus ocorresse em todos os genótipos em estudo, garantindo que todas as plantas tivessem contato com o vírus.

Os primeiros sintomas do CABMV surgiram 50 dias após a implantação do experimento (março de 2018) quando então, iniciaram-se as avaliações dos genótipos quanto à severidade da virose quinzenalmente ao longo de 18 meses (agosto de 2019). Os primeiros sintomas da virose nas plantas de *P. edulis* surgiram em 60 dias e; em 240 dias todos os genótipos apresentaram sintomas da doença.

As primeiras flores e botões florais foram observados 50 dias após a implantação do experimento sendo os primeiros frutos colhidos em junho de 2018 (Figura 5).



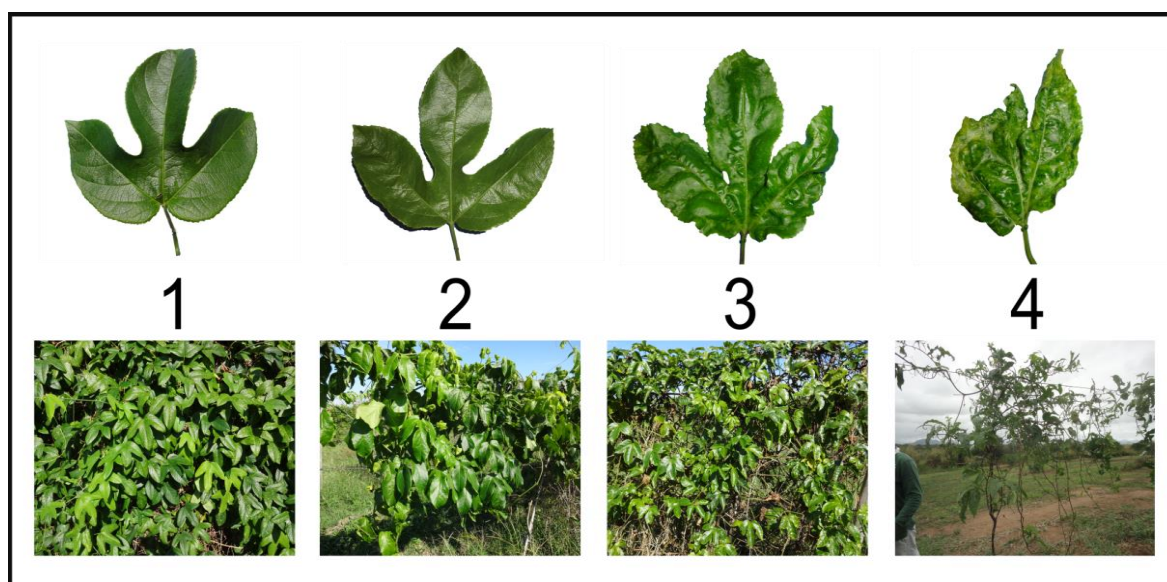
**Figura 5.** Diversidade de flores de maracujazeiro da segunda geração de retrocruzamento encontradas na área experimental localizada no Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes. Acervo: Próprio.

As avaliações quanto à severidade da virose nos genótipos foram realizadas visualmente nas folhas jovens e o percentual de sintoma na planta por meio da escala diagramática de notas adaptada por Oliveira et al. (2013) (Tabela 2 e Figura 6).



**Tabela 2.** Escala de notas para avaliação de sintomas do *Cowpea aphid-borne mosaic virus* no maracujazeiro azedo, adaptada por Oliveira et al. (2013).

Notas	Sintomatologia visual	
	Folhas jovens	Planta
1	Folha sem sintoma de mosaico	Planta sem sintomas
2	Folha apresentando mosaico leve e sem deformações foliares	Poucas folhas com sintomas, mosaico leve ou enrugamento leve nas folhas
3	Mosaico severo sem deformação foliar	Quantidade moderada de folhas com sintomas, mosaico leve enrugamento nas folhas
4	Mosaico severo, bolhas e deformações foliares	Muitas folhas com sintomas, mosaico, enrugamento severo e deformação nas folhas



**Figura 6.** Imagens com escala de notas para avaliação de sintomas do *Cowpea aphid-borne mosaic virus* no maracujazeiro em folhas jovens e percentual de sintoma na planta. Acervo: Sandra Preisigke.

Com base nesses dados, foi estimada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para folhas jovens e para o percentual de sintoma na planta, pelo seguinte estimador (Campbell e Madden, 1990):

$$AACPD = \sum_{i=1}^{n-1} \frac{Y_i + Y_{i+1}}{2} (T_{i+1} + T_i)$$

Onde:

$Y_i$  = proporção da doença na  $i$ -ésima observação;

$T_i$  = tempo em dias da  $i$ -ésima observação;

$n$  = número de observações.

Após estimadas, as AACPD's para as folhas jovens e o percentual de sintoma na planta, foi realizada média aritmética simples entre elas para obtenção da área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM) segundo Preisigke et al (2020b). Quanto à característica produção de frutos (PF), todos os frutos produzidos por cada genótipo entre os meses de junho de 2018 a julho de 2019 (safra 2018/2019) foram pesados em balança analítica.

Os parâmetros genéticos foram estimados pelo REML e os efeitos genéticos aditivos individuais pelo BLUP para as duas características avaliadas. Os dados foram analisados pelo programa Selegen REML/BLUP modelo estatístico 147 (Resende, 2016). A análise seguiu o modelo estatístico:

$$Y = X_r + Z_g + W_p + \varepsilon$$

Em que:

$Y$  é o vetor de dados;

$r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

$g$  é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios),

$p$  é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios);

$\varepsilon$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); e

$X$ ,  $Z$  e  $W$  representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Na tabela 3 estão os componentes de variância que foram estimados via REML.

**Tabela 3.** Componentes de variância estimados via REML aplicados nos genótipos de maracujazeiro provenientes da população segregante RC<sub>2</sub>.

Componentes de variância	Descrição
$\sigma_g^2$	Variância genotípica entre progênes de IC, equivalendo a 1/2 da variância genética aditiva mais 1/4 da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia
$\sigma_{parc}^2$	Variância ambiental entre parcelas; $\sigma_{dentro}^2$ : variância residual dentro de parcela
$\sigma_f^2$	variância fenotípica individual
$h_a^2$	Herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância
$h_{mp}^2$	Herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa
$h_{ad}^2$	Herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância
$C_{parc}^2$	Coefficiente de determinação dos efeitos de parcela
<b>Acprog</b>	Acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa

A análise de deviance foi obtida seguindo modelo descrito por Viana e Resende (2014) através da fórmula abaixo:

$$D = -2\ln(L)$$

$$\ln(L) = -1/2\ln|X'V - 1X| - 1/2\ln|V| - 1/2(y - Xm)'V^{-1}(y - Xm)$$

Em que:

$\ln(L)$  é o ponto máximo da função de logaritmo de máxima verossimilhança restrita (REML);

$y$  é o vetor da variável analisada;

$m$  é o vetor dos efeitos das observações, assumido fixo;

$X$  é a matriz de incidência dos efeitos fixos; e

$V$  é a matriz de variância-covariância de  $y$ .

O teste estatístico LRT (teste de razão de verossimilhança) foi utilizado para testar o significado dos efeitos. Foi seguindo modelo descrito por Viana e Resende (2014) através da fórmula abaixo:

$$LRT = -2\ln(Lse) + 2\ln(Lfm)$$

Em que:

*Lse* é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos); e

*Lfm* é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo.

### **3.1.3.3. Ranqueamento e seleção de genótipos**

O ranqueamento dos 30 melhores genótipos para a característica resistente ao CABMV considerou-se nota de corte para AACPDM de 620,00 a 699,00 visto que para a característica doença, é necessário selecionar os genótipos com os menores valores de AACPDM. Além desse critério, apenas indivíduos que produziram frutos durante o período de avaliação foram considerados na avaliação. Já o ranqueamento dos 30 genótipos com maior produção de frutos considerou-se a sequência estabelecida pelos Blup's individuais.

Na seleção dos 29 melhores genótipos para prosseguir o programa de maracujazeiro visando à resistência ao CABMV foram utilizados quatro critérios. Além do critério de produção de frutos, foi considerado a seleção de pelos menos um genótipo de cada família avaliada, aumento da nota de corte para 799,00 e a experiência do melhorista no campo. Assim, foi mantida a diversidade genética das gerações futuras e a sua base genética não estreitada garantindo o sucesso e continuidade do programa de melhoramento de maracujazeiro.

## **3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **3.1.4.1. Estimativas dos parâmetros genéticos**

Na característica AACPDM foi observado que os menores valores estimados dos parâmetros genéticos foram para a variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ), herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2_a$ ), herdabilidade aditiva dentro de família ( $h^2_{ad}$ ) e coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ( $c^2_{\text{parc}}$ ) (Tabela 4). Os maiores valores estimados foram observados para a acurácia (Acprog) e a herdabilidade com base na média de família ( $h^2_{mp}$ ). A estimativa da variância



genotípica ( $\sigma^2_g$ ) para AACPDm foi baixa, apenas 1,30% da variância fenotípica ( $\sigma^2_f$ ). Em relação à acurácia, 75% dos valores preditos foram explicados pelo modelo.

**Tabela 4.** Estimativas dos parâmetros genéticos via procedimento REML, para resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* baseado na área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDm) e para produção de fruto (PF) em genótipos de maracujazeiro provenientes da população segregante RC<sub>2</sub>.

Parâmetros Genéticos	Características	
	AACPDm	PF
$\sigma^2_g$	89,24	2,46
$\sigma^2_{parcela}$	191,02	0,34
$\sigma^2_{dentro}$	6582,15	6,04
$\sigma^2_f$	6862,42	8,84
$h^2_a$	0,03	0,56
$h^2_{mp}$	0,56	0,96
$h^2_{ad}$	0,01	0,41
$C^2_{parcela}$	0,03	0,04
<b>Acprog</b>	0,75	0,98
<b>Média geral</b>	774,49	2,65

( $\sigma^2_g$ ): variância genotípica entre progênies de irmãos completos; ( $\sigma^2_{parcela}$ ): variância ambiental entre parcelas; ( $\sigma^2_{dentro}$ ): variância residual dentro de parcela; ( $\sigma^2_f$ ): variância fenotípica individual; ( $h^2_a$ ): herdabilidade individual no sentido restrito; ( $h^2_{mp}$ ): herdabilidade da média de progênies; ( $h^2_{ad}$ ): herdabilidade aditiva dentro de parcela; ( $C^2_{parcela}$ ): coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; (Acprog): acurácia da seleção de progênies.

As estimativas dos parâmetros genéticos são eficazes nos programas de melhoramento, pois auxiliam na indicação de genótipos superiores, na seleção de genitores para cruzamentos direcionados e na predição dos ganhos genéticos (Cruz et al., 2014). Isso facilita a tomada de decisão nas futuras etapas do programa de melhoramento e direcionando de forma mais eficiente as estratégias de cruzamento, a seleção de genótipos e mantendo os ganhos e a variabilidade genética das populações em estudo.

Os valores estimados para variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ) e para coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ( $C^2_{parcela}$ ) na característica PF foram os mais baixos. Já para herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2_a$ ), herdabilidade com base na média de progênies ( $h^2_{mp}$ ), herdabilidade aditiva dentro de família ( $h^2_{ad}$ ) e acurácia (Acprog) mostraram os maiores valores estimados. A estimativa da

variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ) para PF foi de 27,83% da variância fenotípica ( $\sigma^2_f$ ) com acurácia de 98% explicando os valores preditos. As estimativas das variâncias genotípicas ( $\sigma^2_g$ ) foram baixas tanto para AACPM como para PF, mostrando que os efeitos ambientais tiveram participação mais efetiva nos valores estimados do que os efeitos genotípicos. A variação ambiental não é favorável ao melhoramento genético devendo ser minimizada a fim de aumentar a precisão dos valores estimados usando de estratégias que visem reduzir seus impactos.

Essas interações dos genótipos com ambiente influenciam diretamente nas estimativas de herdabilidade (Ferreira et al., 2016), assim como o tipo de herança genética que controla a característica. Como a herança que controla a resistência ao CABMV é poligênica e altamente influenciada pelo ambiente (Freitas et al., 2015) isso pode explicar os baixos valores preditos para variância genética encontrados nesse trabalho.

Apesar dos cruzamentos interespecíficos ser uma estratégia de melhoramento com o objetivo de introgressão de características controladas por um ou poucos genes (Freitas et al., 2015), o programa de melhoramento do maracujazeiro da UENF utilizou esse método para incorporar genes de característica de herança complexa. A resistência ao CABMV se enquadra nesse contexto e identificar genótipos resistentes ao CABMV é o grande desafio para os melhoristas.

Os valores estimados da herdabilidade para AACPDM e PF mostraram que a melhor forma de seleção para essas características é com base na família ( $h^2_{mp}$ ) visto que a herdabilidade é a porção confiável e herdável da variância fenotípica (Ramalho et al., 2012a). Portanto, recomenda-se a seleção de famílias, pois proporcionarão ganhos genéticos mais significativos e seleção mais acurada para as duas características avaliadas.

No entanto, deve-se observar que para a característica PF também é viável a seleção individual e seleção dentro de família, pois os valores estimados para herdabilidade individual no sentido restrito e aditiva dentro de família foram acima de 40%. Ferreira et al. (2016) avaliaram produção de frutos de progênies de maracujazeiro de segundo ciclo de seleção recorrente, obtiveram resultado inferior para herdabilidade individual no sentido restrito e superior a herdabilidade aditiva dentro de família quando comparado ao presente trabalho. Esse fato pode indicar que essas populações ainda são muito segregantes e que modelagem mista é

efetiva para seleção de genótipos através de características de baixa herdabilidade. Santos et al. (2015a) também explicam que a partir dos valores dos ganhos genéticos preditos pode-se selecionar genitores superiores para as seguintes gerações do programa de melhoramento.

As acurácias observadas para AACPDM e PF foram classificadas como alta indicando a confiabilidade dos valores preditos em relação aos valores reais. Já Preisigke et al. (2020a) encontraram valor de acurácia para PF classificada com baixa. Segundo Resende (2016) no processo de seleção de programas de melhoramento busca-se valores de acurácia acima de 70%. Assim, pode-se concluir que a alta precisão nos valores genéticos preditos auxilia na seleção mais confiável de genótipos superiores.

Os valores de deviance demonstraram a existência de diferença significativa pelo teste de Qui-quadrado de 1% de probabilidade apenas para produção de frutos. Esse resultado indica que há variabilidade genética entre os genótipos avaliados e permite realizar seleção bem sucedida de genótipos superiores (Tabela 5).

**Tabela 5.** Análise de deviance para resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* baseado na área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM) e para produção de fruto (PF) em genótipos de maracujazeiro provenientes da população segregante de segunda geração de retrocruzamento.

Efeito	AACPDM		Produção (kg)	
	Deviance	LRR (X <sup>2</sup> )	Deviance	LRR (X <sup>2</sup> )
<b>Genótipos</b>	3969,89	0,29 <sup>ns</sup>	1191,75	17,49 <sup>**</sup>
<b>Modelo completo</b>	3969,6		1174,26	

\*\* significativo a 1% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. LRT(x<sup>2</sup>): teste de razão de verossimilhança.

### 3.1.4.2. Ranqueamento das famílias e genótipos

A família RC<sub>2</sub> - 17 se destacou como a melhor família estimada para o ganho genético em relação à resistência ao CABMV e a pior família para produção de fruto (Tabela 6). O ranqueamento das famílias mostrou a família RC<sub>2</sub> - 17 como a mais resistente e menos produtiva mostrando que quanto mais resistente é o genótipo mais ele concentra blocos de alelos ligados a resistência e estão geneticamente mais próximos do *P. setacea* e mais distante da cultivar UENF Rio

Dourado. Este fato evidencia que o programa de melhoramento de maracujazeiro visando à resistência ao CABMV da UENF deve optar por novos métodos de melhoramento para resgatar essas características desejáveis da cultivar comercial.

**Tabela 6.** Ranqueamento das seis famílias de maracujazeiro provenientes de segunda geração de retrocruzamento para estimativas preditas de valor genético aditivo, ganho genético e nova média, estimados via REML/BLUP para área abaixo da curva de progresso da doença média e produção de fruto (kg).

Família	Valor genético aditivo	Ganho genético	Nova média
	AACPDM		
17	-5,62	0	774,49
153	-3,83	1,12	775,62
293	-2,46	2,36	776,86
501	-2,38	3,97	778,47
355	6,65	7,15	781,64
516	7,65	7,65	782,15
Família	PF		
293	2,44	2,44	5,09 kg
355	1,14	1,79	4,44 kg
501	-0,07	1,17	3,82 kg
153	-1,01	0,62	3,28 kg
516	-1,16	0,27	2,92 kg
17	-1,33	0	2,65 kg

A seleção recorrente se mostra um método promissor para selecionar genótipos de maracujazeiro resistentes e com características agrônômicas desejáveis. Segundo Ramalho et al. (2012b), a seleção recorrente é um método eficiente para aumentar a performance da população a ser melhorada por meio do acúmulo de alelos favoráveis mantendo a variabilidade genética e assim permitindo ganhos genéticos nos ciclos seguintes.

A família RC<sub>2</sub> - 293 teve o melhor valor estimado de ganho genético para PF e a terceira melhor para resistência. O ganho genético predito oscilou de 0% a 7,65% para a característica AACPDM e 2,44% a 0,0% para PF. A família RC<sub>2</sub> - 293 mostrou melhor desempenho para as estimativas preditas para PF e com valor genético aditivo de -2,46 em relação à resistência ao CABMV sendo favorável para seleção de genitores superiores dentro dessa família. Segundo Freitas et al. (2015) cruzamentos interespecíficos envolvendo *P. edulis* e *P. setacea* seguido de

retrocruzado com *P. edulis*, originam população segregante com indivíduos resistentes com características agronômicas semelhantes às das espécies comerciais.

Com relação ao ranqueamento dos 30 melhores genótipos para característica AACPD<sub>M</sub>, apenas genótipos das famílias RC<sub>2</sub> - 17 (40%), RC<sub>2</sub> - 153 (40%), RC<sub>2</sub> - 293 (10%) e RC<sub>2</sub> - 501 (10%) foram ranqueadas com as menores estimativas preditas para resistência (Figuras 7) (Tabela 7). Os valores genéticos variaram de -7,28 a -3,89 e os ganhos de 0,60% a 1,92%.

Apesar da seleção ter que ser feita com base nos valores genéticos aditivos, o ranqueamento dos 30 melhores genótipos para a característica AACPD<sub>M</sub> levou em consideração a produção de fruto e a nota de AACPD<sub>M</sub> máxima de 699. A utilização desses critérios no ranqueamento para AACPD<sub>M</sub> deu-se porque para a formação de uma população base de um programa de melhoramento é desejável que os genitores envolvidos tenham bom desempenho para as características a serem selecionadas (Hallauer et al., 2010).



**Figura 7.** Plantas de maracujá das seis famílias fullsib da segunda geração de retrocruzamento com sintomas do *Cowpea aphid-borne mosaic vírus* no campo. Acervo: Próprio.

**Tabela 7.** Ranqueamento dos 30 genótipos de maracujazeiro provenientes de segunda geração de retrocruzamento com as menores estimativas preditas, para valor genético aditivo, ganho genético e nova média, estimados via REML/BLUP para área abaixo da curva de progresso da doença média.

Ordem	Genótipo (família)	AACPD <sub>M</sub>			
		Valor fenotípico	Valor genético	Ganho (%)	Nova média
1	433 (17)	622,50	-7,28	0,60	626,23
2	431 (17)	645,00	-6,97	0,62	648,99
3	616 (17)	667,50	-6,77	0,64	671,75
4	138 (17)	686,25	-6,69	0,66	690,75
5	619 (17)	675,00	-6,67	0,67	679,55
6	142 (17)	690,00	-6,64	0,69	694,77
7	133 (17)	693,75	-6,59	0,71	698,68
8	419 (17)	678,75	-6,52	0,73	683,69
9	307 (17)	686,25	-6,49	0,75	691,37
10	422 (17)	682,50	-6,47	0,76	687,72
11	301 (17)	697,50	-6,34	0,78	702,96
12	418 (17)	693,75	-6,31	0,80	699,30
13	410 (153)	660,00	-5,04	1,21	667,96
14	539 (153)	663,75	-5,03	1,22	671,87
15	223 (153)	675,00	-4,99	1,24	683,37
16	120 (153)	686,25	-4,87	1,29	695,11
17	393 (153)	675,00	-4,84	1,31	683,83
18	103 (153)	693,75	-4,77	1,32	702,94
19	100 (153)	693,75	-4,77	1,34	703,05
20	108 (153)	697,50	-4,72	1,36	706,97
21	237 (153)	697,50	-4,68	1,37	707,09
22	221 (153)	697,50	-4,68	1,39	707,20
23	392 (153)	693,75	-4,58	1,41	703,52
24	399 (153)	697,50	-4,53	1,42	707,44
25	89 (501)	630,00	-4,29	1,63	640,24
26	577 (501)	600,00	-4,29	1,64	609,86
27	323 (293)	637,50	-4,12	1,80	648,96
28	376 (501)	633,75	-4,03	1,83	645,37
29	324 (293)	652,50	-3,92	1,90	664,92
30	156 (293)	652,50	-3,89	1,92	665,03

Valor fenotípico: intensidade dos danos à planta causados pelo CABMV ao final das avaliações; Nova média: média esperada da próxima geração em relação à intensidade dos danos à planta causados pela CABMV; AACPD<sub>M</sub>: área média sob a curva de progresso da doença

Pode-se verificar que os incrementos genéticos médios preditos para AACPDMS foram baixos, porém desejáveis, pois quando se trata de doenças quanto menores forem os ganhos melhores serão os genótipos. Além disso, como a natureza gênica da resistência ao CABMV é quantitativa, ligada a vários genes, tem-se a possibilidade de indicação de genótipos com diferentes níveis de resistência. Portanto, avaliar os ganhos genéticos individuais dos genótipos é primordial para o bom desempenho das diversas etapas de um programa de melhoramento.

As famílias RC<sub>2</sub> - 153 (1 indivíduo), RC<sub>2</sub> - 293 (19 indivíduos), RC<sub>2</sub> - 355 (9 indivíduos) e RC<sub>2</sub> - 501 (1 indivíduo) participaram do ranqueamento dos 30 melhores genótipos com as maiores estimativas preditas para PF (Tabela 8). Os valores estimados para efeito genético variaram de 7,54 a 2,97 e ganhos genéticos estimados de 7,54% a 4,06%. A maioria dos genótipos apresentou baixa PF, porém os genótipos 157, 583 e 692 se destacaram com PF acima de 15kg/planta.

Os ganhos genéticos dos 30 genótipos com maiores produções foram muito baixos quando comparados com os resultados encontrados por Ferreira et al. (2016) e Silva et al. (2017) em população de maracujazeiro oriunda de seleção recorrente. Segundo Meletti e Brückner (2001), os cruzamentos interespecíficos causam alguns problemas como a macho esterilidade, viabilidade de pólen e baixo florescimento causando baixa produtividade nas populações segregantes de retrocruzamento. Além do que, foi observado no presente trabalho, elevado abortamento de flores e má formação de frutos.

**Tabela 8.** Ranqueamento dos 30 genótipos de maracujazeiro provenientes de RC<sub>2</sub> com as maiores estimativas preditas, para valor genético aditivo, ganho genético e nova média, estimados via REML/BLUP para produção de fruto (kg).

Ordem	Genótipo (família)	Produção			
		Valor fenotípico	Valor genético	Ganho (%)	Nova média
1	157 (293)	17,62	7,54	7,54	18,95
2	583 (355)	17,16	6,46	7,00	18,36
3	692 (355)	16,62	5,83	6,61	17,72
4	632 (293)	12,33	5,77	6,40	13,12
5	548 (355)	14,12	5,22	6,17	14,99
6	323 (293)	11,48	4,81	5,94	12,16
7	334 (293)	11,26	4,72	5,77	11,91
8	482 (293)	9,56	4,52	5,61	10,10
9	246 (501)	13,50	4,35	5,47	14,24
10	214 (355)	11,15	4,24	5,35	11,75
11	496 (293)	8,69	4,16	5,24	9,15
12	156 (293)	9,05	4,04	5,14	9,52
13	154 (293)	8,95	4,00	5,05	9,40
14	162 (293)	8,53	3,83	4,97	8,95
15	501 (293)	7,70	3,76	4,88	8,08
16	483 (293)	7,41	3,64	4,81	7,77
17	643 (293)	6,76	3,50	4,73	7,08
18	545 (355)	9,67	3,41	4,66	10,12
19	678 (355)	9,52	3,37	4,59	9,96
20	332 (293)	7,86	3,34	4,53	8,22
21	159 (293)	7,28	3,32	4,47	7,61
22	441 (355)	8,84	3,30	4,42	9,23
23	315 (293)	7,72	3,28	4,37	8,06
24	322 (293)	7,66	3,26	4,32	7,99
25	495 (293)	6,26	3,17	4,27	6,53
26	319 (293)	7,04	3,00	4,23	7,34
27	45 (355)	7,12	2,99	4,18	7,42
28	595 (355)	8,63	2,98	4,14	8,99
29	328 (293)	6,99	2,98	4,10	7,28
30	238 (153)	11,53	2,97	4,06	12,00

Valor fenotípico: produção de frutos por planta (Kg); Nova média: nova média esperada da próxima geração em relação à produção de fruteiras (Kg)



### 3.1.4.3. Seleção de genótipos

Os quatro critérios usados para a seleção dos genitores dos futuros cruzamentos direcionados teve como objetivo manter o máximo da variabilidade genética e assim, evitar o estreitamento da base genética e a erosão genética das futuras populações do programa. É imprescindível que no processo de seleção seja considerada as observações realizadas pelos melhoristas sobre o desempenho dos genótipos durante o período de avaliação do experimento. O melhorista deve planejar a melhor estratégia de seleção para garantir ganho genético expressivo e selecionar genitores eficientes. Além disso, foram consideradas observações feitas pelo melhorista ao longo das avaliações de campo, pois algumas dessas observações não conseguem ser expressa na análise estatística.

A maioria dos genitores selecionados para seguir no programa não está entre os 30 melhores ranqueados tanto para AACPDm como para PF (Tabela 9). Dentre esses genótipos, apenas seis (89, 103, 138, 156, 323 e 376), estão presentes nos 30 melhores para AACPDm e nove genótipos (156, 162, 238, 323, 332, 441, 483, 495 e 583) no ranqueamento dos 30 melhores para PF, apenas os genótipos 156 e 323 foram ranqueados nas duas características. Segundo Borém e Miranda (2013) a capacidade de escolha dos genótipos que serão genitores das futuras gerações de cruzamento é determinante para o êxito no melhoramento genético de plantas.

Uma boa estratégia para realizar seleção com base nas características de fruto e resistência é a seleção simultânea de características através de índice de seleção. O objetivo dessa estratégia é escolher genótipos superiores, com base no conjunto de variáveis que acumule o máximo de características de interesse do melhorista, assim resultando os melhores ganhos simultâneos (Cruz et al., 2014).

Destaca-se o genótipo 89 para resistência ao CABMV e o genótipo 323 para PF sendo eles indicados como possíveis cultivares resistentes ao CABMV com características agrônômicas aceitáveis. Segundo Borém e Miranda (2013), para o desenvolvimento de novas cultivares com características desejáveis é crucial a escolha de indivíduos com boas características agrônômicas.

**Tabela 9.** Genótipos selecionados para dar continuidade ao programa de maracujazeiro visando resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro com base na AACPDM e PF.

Ordem	Genótipo (família)	AACPDM				Genótipo (família)	Produção (kg)			
		Valor fenotípico	Valor genético	Ganho (%)	Nova média		Valor fenotípico	Valor genético	Ganho (%)	Nova média
1	138	686,25	-6,69	0,66	690,75	583	17,16	6,46	7,00	18,36
2	103	693,75	-4,77	1,32	702,94	323	11,48	4,81	5,94	12,16
3	89	630,00	-4,29	1,63	640,24	156	9,05	4,04	5,14	9,52
4	238	727,50	-4,28	1,66	739,58	162	8,53	3,83	4,97	8,95
5	323	637,50	-4,12	1,80	648,96	483	7,41	3,64	4,81	7,77
6	376	633,75	-4,03	1,83	645,37	332	7,86	3,34	4,53	8,22
7	156	652,50	-3,89	1,92	665,03	441	8,84	3,30	4,42	9,23
8	391	746,25	-3,87	1,96	760,85	495	6,26	3,17	4,27	6,53
9	325	675,00	-3,62	2,13	689,41	238	11,53	2,97	4,06	12,00
10	332	682,50	-3,51	2,26	697,94	42	6,76	2,85	3,92	7,02
11	95	690,00	-3,48	2,30	705,86	166	6,00	2,80	3,80	6,23
12	74	690,00	-3,48	2,32	705,99	325	6,40	2,74	3,75	6,64
13	565	660,00	-3,47	2,36	675,55	571	7,46	2,04	3,29	7,71
14	166	686,25	-3,43	2,43	702,94	95	6,01	1,45	2,73	6,17
15	377	682,5	-3,37	2,55	699,90	74	5,25	1,14	2,49	5,38
16	495	701,25	-3,35	2,57	719,27	281	3,41	1,09	2,43	3,49
17	572	671,25	-3,32	2,59	688,63	593	3,60	0,93	2,34	3,68
18	571	682,50	-3,17	2,90	702,30	627	0,32	0,88	2,30	0,33
19	627	705,00	-3,05	3,08	726,69	556	4,00	0,63	2,10	4,08
20	556	735,00	-2,46	4,26	766,35	89	3,79	0,54	2,00	3,87
21	162	765,00	-2,36	4,45	799,02	565	2,78	0,13	1,70	2,83
22	551	780,00	-1,85	5,39	822,06	138	4,21	0,02	1,61	4,28
23	281	667,5	5,02	7,00	714,20	572	2,38	-0,03	1,58	2,42
24	583	641,25	5,06	7,03	686,36	551	1,76	-0,28	1,38	1,78
25	42	663,75	5,06	7,05	710,53	54	2,77	-0,45	1,26	2,80
26	593	660,00	5,31	7,12	706,96	376	0,74	-0,61	1,15	0,75
27	441	731,25	6,17	7,52	786,24	103	2,00	-0,69	1,12	2,02
28	483	697,50	6,56	7,77	751,68	377	0,37	-0,76	1,06	0,37
29	54	757,50	7,23	8,47	821,68	391	0,81	-1,07	0,88	0,82

Valor fenotípico: intensidade dos danos à planta causados pelo CABMV ao final das avaliações; Nova média - nova média esperada da próxima geração em relação à intensidade dos danos à planta causados pela CABMV; AACPDM: área média sob a curva de progresso da doença; Valor fenotípico: produção de frutos por planta (Kg); Nova média: média esperada da próxima geração em relação à produção de fruteiras (Kg).

### 3.1.5. CONCLUSÕES

A variabilidade genética existente na população segregante RC<sub>2</sub> permite selecionar genótipos superiores através das características de resistência ao CABMV e de produção de frutos.

Os genótipos 42, 54, 74, 89, 95, 103, 138, 156, 162, 166, 238, 281, 323, 325, 332, 376, 377, 391, 441, 483, 495, 551, 556, 565, 593, 571, 572, 583 e 627 são indicados para iniciar o programa de seleção recorrente visando à resistência ao CABMV.

Os genótipos 89 e 323 têm potencial para serem lançados como novas cultivares de maracujá resistentes ao CABMV adaptadas à região Norte Fluminense.

## **3.2. O USO DE ÍNDICE DE SELEÇÃO E ANÁLISE MULTIVARIADA PARA SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE CARACTERÍSTICAS EM POPULAÇÃO DE MARACUJAZEIRO**

### **3.2.1. INTRODUÇÃO**

No atual cenário brasileiro, fatores relacionados à produtividade e qualidade de fruto e controle de doenças em maracujazeiro são de extrema importância para a sustentabilidade da cultura. Esses fatores vêm causando decréscimos na produtividade média da cultura ao longo dos últimos anos no Brasil, sendo a ocorrência de doenças o principal gargalo.

A virose do endurecimento dos frutos, *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) é a principal doença que acomete o maracujazeiro. Essa doença pode levar a inviabilizar a cultura, além de ser de difícil controle. Atualmente, o principal desafio da pesquisa é a obtenção de genótipos de maracujazeiro resistentes ao CABMV e com características agronômicas comerciais.

Diante dessa complexidade, os programas de melhoramento vêm usando os índices de seleção para indicar genótipos com múltipla aptidão de forma mais eficiente e que reúna o complexo de características de interesse do melhorista (Cruz et al., 2014). Uma alternativa na construção dos índices de seleção para se obter seleção mais acurada é o emprego das estimativas dos componentes de variância via REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/predição dos valores genéticos pelo melhor preditor linear não enviesado) (Resende, 2016), porquanto

permitem que as progênies sejam classificadas de acordo com seu valor genético (Viana e Resende, 2014).

Estudos realizados em famílias de irmão-completos de maracujazeiro têm mostrado sucesso na seleção de genótipos com características superiores através de índices de seleção (Krause et al., 2021). Silva et al (2017) encontraram resultados satisfatórios na seleção das progênies em população de maracujazeiro oriundo de terceiro ciclo de seleção recorrente. A seleção simultânea mostra-se uma alternativa promissora para o melhorista, possibilitando ao final do processo de melhoramento selecionar genótipos com os melhores ganhos genéticos simultaneamente.

A seleção baseada em uma ou mais características pode gerar mudanças indesejáveis, caso às correlações genéticas existente entre as características sejam negativas (Cruz et al., 2014). A maximização dos ganhos genéticos gradual da frequência de alelos favoráveis a partir da correlação existente entre as características é necessário para obter a máxima eficiência na seleção (Cruz et al., 2012). A presença de correlações negativas ou positivas entre certas características de interesse agrônomo implica na utilização de métodos de seleção que considere a escolha dos genótipos superiores (Greco et al. 2015). Essas características, geralmente são correlacionadas entre si e tem natureza quantitativa de baixa herdabilidade (Leite et al., 2016).

Jesus et al. (2021) avaliaram híbridos de maracujazeiros e observaram 44 correlações fenotípicas significativas entre as características morfoagronômicas estudadas. Os autores também orientam que os valores e nos tipos de correlações precisam ser avaliadas a cada ciclo de seleção a fim de verificar se associação entre elas são transitórias ou não.

Assim, identificar genótipos de maracujazeiro com múltiplas características é um dos objetivos do grupo de pesquisa do maracujazeiro da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) na percepção da sustentabilidade da cultura e no desenvolvimento do agronegócio brasileiro. O objetivo deste trabalho foi definir a melhor estratégia de seleção simultânea no intuito de identificar os melhores genótipos da população de segunda geração de retrocruzamento para dar sequência ao programa de melhoramento do maracujazeiro visando resistência ao CABMV.

## **3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA**

### **3.2.2.1. Modelos mistos**

Os modelos mistos são cada vez mais utilizados no melhoramento de plantas, pois permite o uso dos efeitos fixos e aleatórios do modelo, estabelece a média, o resíduo e as predições de valores genéticos (Viana e Resende, 2014). Entre esses modelos, a metodologia REML/BLUP realiza a análise genética através da predição dos valores genotípicos dos indivíduos avaliados, permitindo maior acurácia experimental. Portanto, fornecem resultados mais precisos, principalmente nos casos de dados desbalanceados e heterogeneidade de variância (Cruz Neto et al., 2016).

As estimativas por REML equivalem aos componentes de variância e a predição de valores genéticos pelo método do índice multi-efeitos equivale ao BLUP individual. Além disso, permitem o uso simultâneo de fontes de informação diversas, como experimentos implantados em um ou vários locais, em uma ou várias colheitas e avaliadas em diferentes anos (Viana e Resende 2014). Conhecidas essas estimativas, o melhorista poderá gerar informações de grande utilidade para predição de ganhos, alterações na estrutura e predição da potencialidade das populações para diferentes características avaliadas (Cruz et al., 2014).

As estimativas de parâmetros genéticos são fundamentais para o uso de estratégias eficientes para o melhoramento de plantas (Viana e Resende 2014). Esse procedimento vem sendo usado com sucesso em diferentes espécies anuais e perenes (Bertoldo et al., 2009; Borges et al., 2010; Santos et al., 2015a; Cavalcante et al., 2019; Santos et al., 2019b; Lima et al., 2020; Preisigke et al., 2020a e b). Nas espécies perenes, essa metodologia é para estimação/predição dos ganhos genéticos, pois permite o uso de dados desbalanceados causados pelas complexidades nas conduções experimentais dessas espécies.

### **3.2.2.2. Índice de seleção para seleção simultânea**

A obtenção de genótipos superiores precisa reunir diferentes características favoráveis com maiores rendimentos e que se adequem as

exigências do produtor e do mercado consumidor. Assim, as seleções realizadas a partir de uma única característica mostra-se inadequada (Vasconcelos et al., 2010). Além disso, no processo de seleção de genótipos, busca-se incorporar genes ligados a principal característica em estudo e manter os genes que expressem, simultaneamente, outras características relevantes da cultura (Nogueira et al., 2012). Também é possível associar informações relacionadas as diferentes características de interesse agrônômico as propriedades genéticas da população em avaliação (Krause et al., 2012).

A seleção simultânea aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento quando se referem às características de importância econômica (Resende et al., 2014). A seleção de genótipos com características favoráveis e com ganhos genéticos satisfatórios, utiliza-se metodologias multivariadas para melhorar a eficiência do programa de melhoramento. Desse modo, o índice de seleção constitui-se em uma alternativa, que permite efetuar a seleção simultânea com eficiência, com a combinação linear de vários caracteres (Gonçalves et al., 2007; Rosado et al., 2012; Cruz et al., 2012).

Essa metodologia resulta da combinação de diferentes características sobre as quais se deseja obter respostas à seleção, independentemente da existência ou não de correlação entre eles. Assim, permite a seleção de genótipos superiores combinando as diferentes informações sobre o genótipo em estudo tornando o processo de melhoramento mais eficiente, robusto e viável (Cruz et al., 2012).

A estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos e das correlações em resposta à seleção é extremamente importante, pois auxiliam as decisões futuras do programa de melhoramento. No entanto, esses parâmetros são medidos para cada característica, não informando a relação entre as características. Nesse caso, o uso do índice de seleção auxilia de forma eficiente na seleção de genótipos, aumentando as chances do êxito do programa de melhoramento (Resende et al., 2014).

O uso dos componentes de variância via REML/BLUP também é empregado na construção de índices de seleção lineares resultando no processo de seleção mais acurado. (Viana e Resende, 2014). A partir desse modelo, pode-se obter três diferentes abordagens para índice de seleção, sendo elas: índice de seleção aditivo, multiplicativo e de ranks.

O índice de seleção aditivo foi proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), o qual utiliza pesos econômicos para cada característica e os valores genéticos padronizados. O índice multiplicativo, o conjunto genotípico refere-se apenas aos ganhos das características. E o índice de ranks médio, adaptado de Mulamba e Mock, utiliza os valores genotípicos para classificar cada característica e a média dos rankings de cada genótipo para todas as características são apresentadas como resultado final (Viana e Resende, 2014).

O índice de seleção vem sendo usado em diferentes trabalhos de melhoramento do maracujazeiro e resultados promissores foram observados em relação aos ganhos genéticos (Dalbosco et al., 2018; Cavalcante et al., 2019; Gonçalves Junior, 2019). Na percepção da sustentabilidade da cultura, o uso do índice de seleção torna-se de extrema importante para o programa de melhoramento do maracujazeiro, pois possibilita identificar genótipos resistentes ao CABMV e com qualidade de frutos que atendam ao mercado consumidor.

### **3.2.2.3. Relações entre características**

A importância dos coeficientes de correlação em estudos genéticos possibilita avaliar as mudanças quantitativas em uma determinada característica e como ela pode influenciar outra característica (Sousa et al., 2015). O estudo das correlações existentes entre as características é fundamental para a máxima eficiência dos programas de melhoramento, pois proporciona ao melhorista melhores resultados (Hallauer, 2007).

Esse entendimento tem papel fundamental para medir o grau de associação entre variáveis, e assim possibilitar e avaliar o quanto a variação em uma característica pode afetar as demais. Além disso, esse estudo se torna ainda mais relevante nas diferentes etapas dos programas de melhoramento se as características em avaliação forem de baixa herdabilidade ou de difícil mensuração e identificação (Cruz et al., 2012).

As correlações entre duas variáveis têm causas genética e ambiental. A primeira tem relação direta com as ligações gênicas ou do pleiotropismo e a segunda quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas condições ambientais (Falconer e Mackay, 1996). No entanto, essa relação entre as características pode causar alguns equívocos nas estratégias de seleção. O alto ou



o baixo coeficiente de correlação entre duas variáveis pode ser o resultado do efeito que uma terceira variável ou um grupo de variáveis têm sobre essas duas. Não dando a exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos desses fatores, além de poder não ser medida real de causa e efeito (Cruz et al., 2012).

As correlações têm natureza positiva ou negativa. As correções positivas indicam que ambas são beneficiadas ou prejudicadas pelas mesmas causas de variações ambientais. As correlações com valores negativos indicam que o ambiente favorece uma característica em detrimento da outra (Falconer e Mackay, 1996). Para o melhoramento, é importante identificar as variáveis que tenham altas correlações com a principal variável em estudo, pois elas são mais eficientes e favoráveis a seleção indireta (Severino et al., 2002). As correlações genéticas e as herdabilidades entre duas características podem ser preditas, possibilitando alcançar progressos mais rápidos pela seleção indireta (Falconer e Mackay, 1996).

Embora dois caracteres possam ser correlacionados devido a diversos fatores, como fenotípicos, genotípicos ou ambiental, os fatores fenotípicos e genotípicos são os mais importantes para o melhoramento genético. Esses fatores compreendem a natureza hereditária da característica (Nogueira et al., 2012). A correlação fenotípica pode ser de causa genética ou ambiental e é estimada com base em dados diretamente mensurados. A causa da correlação genética é causada quando um gene influencia duas ou mais características (Falconer; Mackay, 1996; Machado, 2017).

Estudos de correlações têm sido utilizados na cultura do maracujá visando seleção de genótipos superiores (Cavalcante et al., 2018; Santos et al., 2017; Viana et al., 2017; Negreiros et al., 2007). Jesus et al. (2021) avaliaram híbridos de maracujazeiros e observaram 44 correlações fenotípicas significativas entre as características morfoagronômicas estudadas. Esses trabalhos mostraram que é possível realizar seleção de características de interesse de forma indireta através do estudo das correlações existentes entre as características avaliadas. De modo a possibilitar a seleção de uma dada característica de difícil mensuração ou baixa herdabilidade através de outra (Cruz et al., 2012). No entanto, ainda são necessários a melhor compreensão e o aprofundamento do conhecimento das relações entre as características agronômicas de importância do maracujazeiro.

### 3.2.2.4. Estudos de diversidade

O estudo da divergência genética das populações permite a escolha de parentais mais divergentes a serem cruzados e, assim obter populações segregantes com maior variabilidade genética (Cruz et al., 2012). Essa divergência genética entre populações ou genótipos ocorre por fatores evolutivos, fluxo gênico, deriva genética e seleção natural (Sebbenn et., 2005). Ela pode ser estimada a partir de características morfológicas, fisiológicas, bioquímicas, citogenéticas e moleculares, resultando em informações importantes para o conhecimento da base genética das populações (Ferrão et al., 2002; Valois et al., 2001).

Nos estudos de diversidade genética, o método de estatística multivariada é amplamente utilizado para quantificar a divergência genética (Fonseca et al., 2006). Ele permite agrupar ou classificar os genótipos possibilitando avaliar a variabilidade da população em análise (Faria e Oliveira 2019).

Essa técnica usa as análises biométricas para estimar medidas de dissimilaridade e obter gráficos de dispersão das populações ou dos genótipos. Assim, estabelecendo os grupos de indivíduos com mesmo padrão de similaridade e identificando quais características mais contribuem para a diversidade genética das populações ou genótipos (Cruz et al., 2012). Essas informações são essenciais para o planejamento de programas de melhoramento, bem como para definir as futuras estratégias de trabalho (Guedes et al., 2013).

A distância Euclidiana é uma das medidas de dissimilaridade aplicadas para estimar distâncias entre fenótipos e que permitem a formação de grupos não conhecidos previamente (Cruz et al., 2012). Essa distância quantifica a diversidade por meio de medidas de dissimilaridade podendo ser estimada por base de dados sem repetições. (Resende et al., 2014).

Entre os métodos hierárquicos, o UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages) produz menor distorção quanto à representação das similaridades entre os genótipos do dendrograma (Sokal e Rohlf, 1962). Ele estabelece que os indivíduos se agrupem no processo que se repete em vários níveis até que seja obtido dendrograma que represente o agrupamento (Cruz et al., 2012).

Torres et al. (2019) estudando as respostas de qualidade morfológica e fisiológica da semente em população oriundas de cruzamento entre *P. edulis* Sims

e *P. setacea* DC. encontraram diversidade genética na população segregante. Preisigke et al. (2020b) estudando a resistência ao CABMV em genótipos de primeira geração de retrocruzamento entre *P. edulis* e *P. setacea* identificaram divergência genética. Ferreira et al. (2021) também identificaram eficiência na quantificação da diversidade genética e no agrupamento das famílias de irmãos-completos de maracujá-azedo baseado em descritores morfológicos e moleculares via análise multivariada.

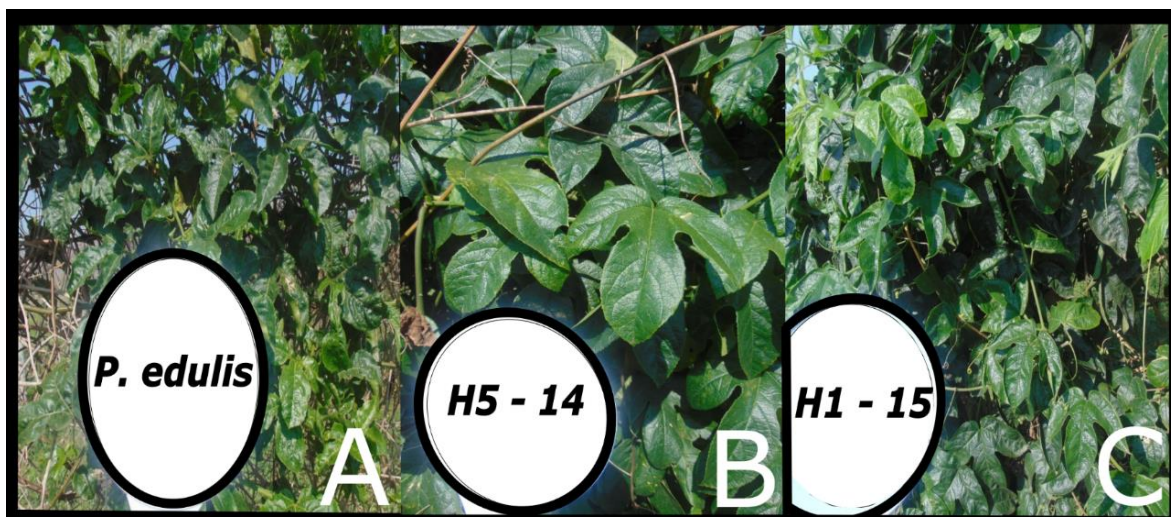
Os estudos de análise multivariada são extremamente importantes para o melhoramento genético de fruteiras, pois permite a seleção de genótipos de grupos genéticos distintos. Dessa forma, possibilita cruzamentos direcionados com ampla diversidade genética garantindo que as gerações futuras obtenham maiores ganhos genéticos e ainda, reduz a endogamia.

### 3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

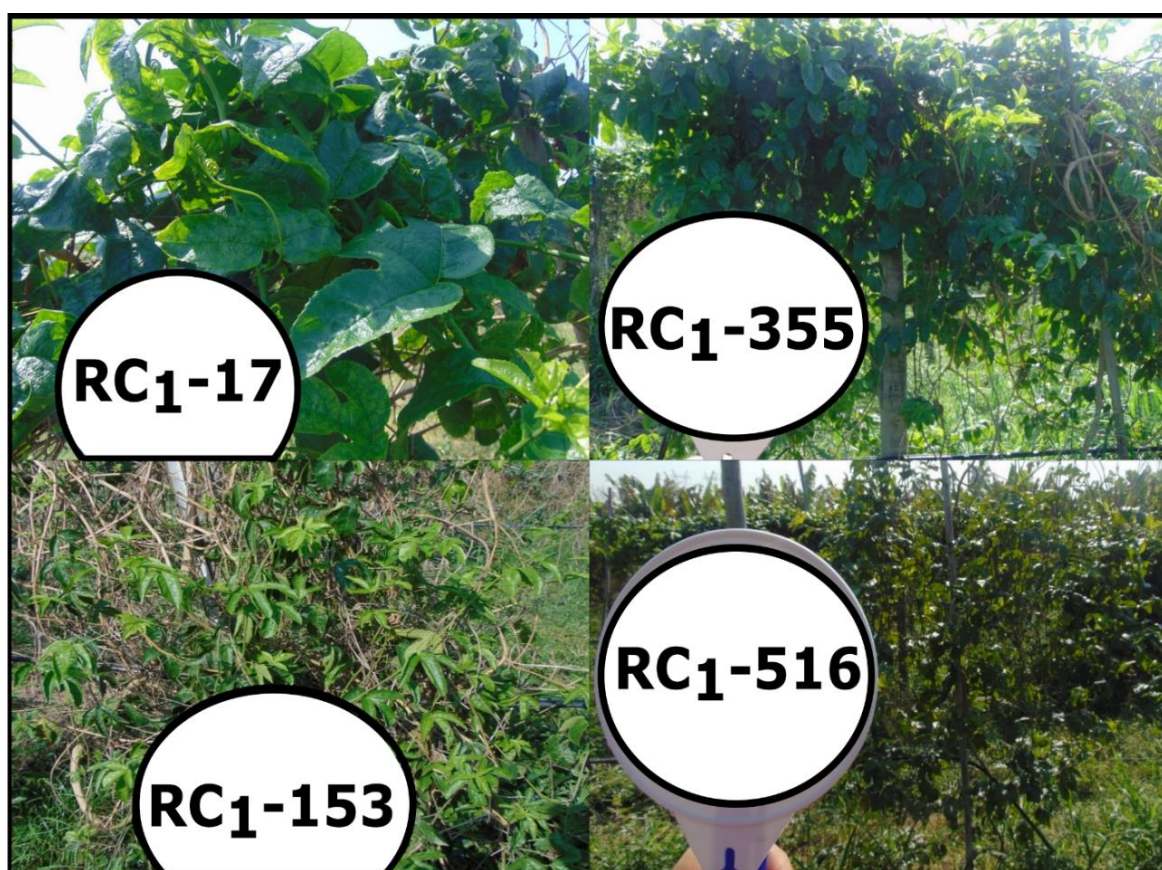
#### 3.2.3.1. População segregante RC<sub>2</sub>

A segunda geração de retrocruzamento (RC<sub>2</sub>) foi obtida através dos cruzamentos entre RC<sub>1</sub>'s selecionados por Preisigke et al. (2020b) e a cultivar UENF Rio Dourado (Viana et al., 2016). Os cruzamentos para obtenção de RC<sub>2</sub> e a condução do experimento ocorreram na área experimental da UENF localizada na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes entre os meses de janeiro e junho de 2017.

O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso com seis repetições desbalanceado para plantas entre famílias e composto por seis famílias de irmãos-completos de segunda geração de retrocruzamento (RC<sub>2</sub>). Além das famílias fullsib, foram implantados os seus genitores - *Passiflora setacea* (genitor resistente), cultivar UENF Rio Dourado (genitor recorrente e suscetível), dois híbridos interespecíficos (H1) (Figura 1) e quatro genótipos de irmãos-completos de primeiro retrocruzamento (RC<sub>1</sub> - Figura 2) totalizando 708 indivíduos.



**Figura 1.** Plantas de maracujá com sintomas do *Cowpea aphid-borne mosaic vírus* no campo. (A) genitor recorrente (Cultivar UENF Rio Dourado - susceptível); (B) e (C) híbridos interespecíficos (*P. edulis* x *P. setacea*). Acervo: Próprio.



**Figura 2.** Plantas de maracujá: famílias da primeira geração de retrocruzamento com sintomas do *Cowpea aphid-borne mosaic vírus* no campo. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019. Acervo: Próprio.



As plantas dos híbridos interespecíficos e as da primeira geração de retrocruzamento foram obtidas a partir de estacas e mantidas em casa de vegetação até o momento do plantio. Para condução das plantas no campo, foi utilizado sistema em espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m de altura, espaçados a 4 m e fio de arame número 12 a 1,80 m do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 m e os tratos culturais foram realizados de acordo com a exigência da cultura (Figura 3).



**Figura 3.** Condução e desenvolvimento das plantas de maracujazeiro de segunda geração de retrocruzamento na área experimental localizada no Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes. Acervo: Próprio.

Na adubação de fundação foram utilizados 200g de calcário, 400g de superfosfato simples e 250g de cloreto de potássio por cova considerando a análise de solo realizado pela Fundernor. A adubação mensal foi realizada durante todo ciclo. Foram utilizados 80g de cloreto de potássio e 100g de ureia (Faleiro et al., 2016). Para suprir as necessidades hídricas da cultura foi utilizado sistema de irrigação por gotejamento.

### 3.2.3.2. Avaliação da virose, produção e qualidade de frutos

As avaliações quanto à severidade da virose nos genótipos foram realizadas visualmente nas folhas jovens e o percentual de sintoma na planta por meio da escala diagramática de notas adaptada por Oliveira et al. (2013). Com base nesses dados, foi estimada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para folhas jovens e para o percentual de sintoma na planta, pelo seguinte estimador (Campbell e Madden, 1990):

$$AACPD = \sum_{i=1}^{n-1} \frac{Y_i + Y_{i+1}}{2} (T_{i+1} + T_i)$$

Onde:

$Y_i$  = proporção da doença na i-ésima observação;

$T_i$  tempo em dias da i-ésima observação;

$n$  = número de observações.

Após estimadas as AACPD's para as folhas jovens e o percentual de sintoma na planta, foi realizada a média aritmética simples entre elas para obtenção da área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM) segundo Preisigke et al., (2020b).

O período de colheita e avaliação de 10 características agrônômicas relacionadas a produção e qualidade de fruto (Tabela 1) ocorreram na safra 2018/2019 e ao final da safra foram avaliados 480 genótipos e 39 plantas dos genitores. Todas as 11 características avaliadas foram realizadas individualmente por genótipo. Para as características de qualidade de fruto foram utilizadas amostras de cinco frutos por planta, os quais foram avaliados individualmente e em seguida foram realizadas as médias aritméticas por genótipo.

**Tabela 1.** Avaliações realizadas nos frutos de maracujazeiro da segunda geração de retrocruzamento ao longo da safra 2018/2019.

Característica	Metodologia	Equipamento	Unidade
<b>Produção</b>			
Produção de frutos	Os frutos produzidos foram pesados	Balança*	Kg planta <sup>-1</sup>
Número de frutos por plantas	Os frutos produzidos foram contados individualmente	-	-
Produtividade	Produção total de frutos baseada na produção por hectare da cultura	Fórmula em excel	Mg ha <sup>-1</sup>
<b>Qualidade de fruto</b>			
Massa de fruto	Massa do fruto foi pesada	Balança*	g
Massa da polpa	Arilo + sementes do fruto foram pesados	Balança*	g
Rendimento de polpa	Relação entre a massa da polpa e massa de fruto	Fórmula em excel	%
Diâmetro de fruto	Medida da região equatorial	Paquímetro**	mm
Comprimento de fruto	Medida da região longitudinal	Paquímetro**	mm
Espessura da casca	Medida da região externa da casca	Paquímetro**	mm
Brix	Por meio de refratômetro	Refratômetro***	°Brix.

\*Balança digital semianalítica; \*\*Paquímetro digital; \*\*\*Refratômetro digital

### 3.2.3.3. Análises estatísticas

#### 3.2.3.3.1. Estimativas de parâmetros genéticos

Para a determinação do modelo estatístico, foram considerados 383 genótipos (dados desbalanceados). Os parâmetros genéticos foram estimados pelo método REML (Máxima Verossimilhança Restrita) e os efeitos genéticos aditivos individuais pelo BLUP (Melhor Predição Linear não Viciada) para todas as características avaliadas, uma a uma. Para o ajuste do modelo, foi utilizado o programa estatístico Selegen REML/BLUP, considerando modelo estatístico 147 (Resende, 2016), que segue:

$$Y = X_r + Z_g + W_p + \varepsilon$$

Em que:

$Y$  é o vetor de dados;

$r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

$g$  é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios);

$p$  é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios);

$\varepsilon$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios);

$X, Z$  e  $W$  representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Na tabela 2 estão os componentes de variância que foram estimados via REML.

**Tabela 2.** Componentes de variância estimados via REML aplicados nos genótipos de maracujazeiro provenientes da população segregante RC<sub>2</sub>.

Componentes de variância	Descrição
$\sigma_g^2$	Variância genotípica entre progênies de IC, equivalendo a 1/2 da variância genética aditiva mais 1/4 da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia
$\sigma_f^2$	variância fenotípica individual
$h_a^2$	Herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância
$h_{mp}^2$	Herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa
$h_{ad}^2$	Herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância
$Acprog$	Acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa

A análise de deviance foi obtida seguindo modelo descrito por Viana e Resende (2014) através da fórmula abaixo:

$$D = -2\ln(L)$$

$$\ln(L) = -1/2\ln|X'V - 1X| - 1/2\ln|V| - 1/2(y - Xm)'V^{-1}(y - Xm)$$

Em que:

$\ln(L)$  é o ponto máximo da função de logaritmo de máxima verossimilhança restrita (REML);

$y$  é o vetor da variável analisada;

$m$  é o vetor dos efeitos das observações, assumido fixo;

$X$  é a matriz de incidência dos efeitos fixos; e

$V$  é a matriz de variância-covariância de  $y$ .



O teste estatístico LRT (teste de razão de verossimilhança) foi utilizado para testar o significado dos efeitos. Foi seguindo modelo descrito por Viana e Resende (2014) através da fórmula abaixo:

$$LRT = -2 \ln(Lse) + 2 \ln(Lfm)$$

Em que:

*Lse* é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos); e

*Lfm* é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo.

### 3.2.3.3.2. Índice de seleção para seleção simultânea

Para selecionar os melhores genótipos a partir de índice de seleção foram realizadas três etapas. Na primeira etapa foram testados os índices aditivo, multiplicativo e Mulamba e Mock nos 383 genótipos com auxílio do programa Selegen (Resende, 2016) e os diferentes pesos econômicos e as diferentes direção da seleção de cada característica foram atribuídas considerando a importância e o objetivo do trabalho (Tabela 3). Nessa etapa foram indicadas as três melhores famílias para seleção dos genótipos.

**Tabela 3.** Pesos econômicos e direção de seleção atribuídos para 11 características morfoagronômicas usadas para avaliar a população da segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro no índice de seleção aditivo e Mulamba Mock.

Característica	Peso econômico*	Direção da seleção**
<b>AACPDM</b>	-1	menor
<b>Produção total de frutos</b>	0,5	maior
<b>Número de frutos por plantas</b>	0,5	maior
<b>Produtividade</b>	0,5	maior
<b>Massa de fruto</b>	0,3	maior
<b>Massa da polpa</b>	0,3	maior
<b>Rendimento de polpa</b>	0,3	maior
<b>Diâmetro do fruto</b>	0,3	maior
<b>Comprimento do fruto</b>	0,3	maior
<b>Espessura da casca</b>	-0,3	menor
<b>Brix</b>	0,1	maior

\*Pesos usados no índice de seleção aditivo; \*\*Direção de seleção no índice de seleção aditivo e Mulamba Mock

Na segunda etapa, os genótipos das três melhores famílias (271 genótipos) foram ranqueados considerando a supervariável (valor do índice) genotípico para cada genótipo com base nos valores genotípicos preditos via REML/BLUP das 11 características avaliadas, usados os seguintes modelos matemáticos:

$$\text{Índice Aditivo (IA)} = (p \cdot C1) \cdot (VG \cdot C1) + \dots$$

$$\text{Índice Multiplicativo (RM)} = (VG \cdot C1) + \dots$$

Em que:

\* é o sinal de multiplicação;

**p** é o peso econômico estabelecido para a característica;

**VG** é o valor genotípico predito;

**C1** é o valor fenotípico da característica de interesse.

Já o índice de rank médio, Mulamba e Mock (1978), os valores genotípicos foram classificados do maior para o menor valor para todas as características, exceto para as características AACDPM e espessura de casca que foram classificadas do menor para o maior valor, pois nesses atributos deseja-se os menos ganhos. Então, foram atribuídos números de 1 a 271 para o ranqueamento em cada característica e ao final foi feita uma média aritmética simples da soma dos ranks. Essa média foi o resultado do ranqueamento dos melhores genótipos.

Na terceira etapa foi realizada a seleção de intensidade de 18% nos genótipos da segunda etapa em cada índice de seleção. O número de genótipos selecionados foi determinado de acordo com Cruz et al. (2014) que indicam intensidade de seleção de 10 a 20% dos genótipos superiores. Após essa seleção, foram estimados os ganhos de seleção via diferencial de seleção.

Também foram construídos gráficos *Boxplots* para as 11 características avaliadas para identificar as tendências dos ganhos nas três diferentes etapas no processo de seleção dos melhores genótipos. Os gráficos foram constituídos dos valores fenotípicos de cada genótipo e os parentais (*P. setacea* e *P. edulis*). Os gráficos de *Boxplots* foram realizadas no software R (Team 2018).

### **3.2.3.3.3. Relações entre características**

Para realizar a correlação foram utilizados os 48 melhores genótipos indicados pelo melhor índice de seleção. Após a obtenção dos parâmetros genéticos e os efeitos genéticos via REML/BLUP, foram estimadas as correlações genéticas a partir dos valores genotípicos ( $u+a$ ) entre as características avaliadas (Resende, 2016).

Os coeficientes de correlação foram classificados como ausência de correlação linear (valores iguais a zero), correlação fraca (valores  $\geq$  zero a 0,30), correlação média (valores  $>0,30$  a 0,60), correlação forte (valores  $>0,60$  a 0,90) e correlação fortíssima (valores  $>0,90$  a 1,00) (Carvalho et al., 2004). As análises foram realizadas pelo programa estatístico Selegen (Resende, 2016).

### **3.2.3.3.4. Estudo de diversidade**

Para o estudo de diversidade, também foram utilizados os genótipos indicados pelo melhor índice de seleção e mais quatro parentais (Cultivar UENF Rio Dourado, RC<sub>1</sub> - 355, H1 - 15 e H5 - 14). Inicialmente, foi realizada análise de multicolinearidade entre as 11 características, a partir dos valores fenótipos, para verificar a existência de correlações fortes. A característica massa de fruto foi retirada da análise de agrupamento, pois gerou multicolinearidade com a característica massa de polpa.

A análise de agrupamento dos genótipos foi realizada a partir dos valores fenotípicos de 10 características morfoagronômicas utilizadas nesse trabalho. O dendrograma foi gerado baseado na distância euclidiana média pelo método UPGMA com ponto de corte baseado no método de Mojena (1977) com auxílio do software R (Team 2018).

### 3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.2.4.1. Parâmetros genéticos

Os valores estimados para variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ) variaram de 0,20 a 136,74 entre as características avaliadas (Tabela 4). Observa-se que todos os caracteres avaliados sofreram alta influência ambiental e baixa influência genética a qual variou de 1,95% (AACPD) a 34,70% (número de frutos) na contribuição genética.

Os valores de deviance demonstraram que apenas para a resistência ao CABMV não houve diferença significativa pelo teste de Qui-quadrado. Para as demais características avaliadas houve diferença significativa a 1% de probabilidade (Tabela 5) mostrando que é possível realizar seleção eficiente.

Segundo Cruz et al. (2014) características quantitativas e qualitativas de herança complexa são condicionadas por muitos genes com pouco efeitos individuais e altamente afetados por fatores ambientais. Além disso, compreender a variabilidade fenotípica das características norteia nas tomadas de decisões dos melhoristas sobre o melhor método de melhoramento usar nas próximas etapas do programa de melhoramento e na seleção de genitores superiores (Jung et al., 2008).

A herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2_a$ ) para as características avaliadas variou de baixa a alta de acordo com Resende (2016). O referido autor explana que a herdabilidade é classificada como de baixa magnitude quando seu valor estimado é  $<0,15$ , como de média magnitude, quando fica entre 0,15 e 0,50 e, de alta magnitude, quando é  $>0,50$ . Segundo Falconer e Mackay (1996), a herdabilidade é a expressão do grau de semelhança entre indivíduos aparentados a partir de uma determinada característica morfoagronômica.

Santos et al. (2015a) trabalhando com genotípicos interespecíficos de maracujá também encontraram herdabilidade individual no sentido restrito inferior para massa médio e comprimento de fruto. Já Cavalcante et al. (2018) encontraram valores superiores para rendimento de polpa e diâmetro de fruto em população de maracujazeiro-azedo em três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional. Valores inferiores para todas as características de produção e qualidade foram observados por Preisigke et al. (2020a) em população RC<sub>1</sub> de *Passiflora*.

**Tabela 4.** Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos da segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro para resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* baseado na área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM) e para características de produção e qualidade de fruto.

Parâmetro genético	Características										
	AACPDM	Produção	Número de fruto	Produtividade	Massa de fruto	Massa de polpa	Rendimento	Comprimento	Diâmetro	Espessura	Brix <sup>o</sup>
$\sigma^2_g$	136,74	2,34	360,10	4,77	196,60	43,74	8,39	16,92	6,05	0,20	0,46
$\sigma^2_f$	7013,80	8,97	1037,29	18,29	1276,98	296,81	66,71	74,13	53,55	1,42	3,86
$h^2_a$	0,04	0,52	0,69	0,52	0,31	0,29	0,25	0,46	0,23	0,29	0,24
$h^2_{mp}$	0,72	0,96	0,97	0,96	0,94	0,95	0,96	0,96	0,93	0,91	0,93
$h^2_{ad}$	0,02	0,38	0,56	0,38	0,19	0,18	0,14	0,31	0,13	0,18	0,14
<b>Acprog</b>	0,85	0,98	0,99	0,99	0,97	0,98	0,98	0,98	0,97	0,96	0,96
<b>Média geral</b>	774,10	2,73	31,84	3,90	94,45	36,73	37,39	73,11	62,97	4,14	14,86

( $\sigma^2_g$ ): variância genotípica entre progênies de irmãos completos; ( $\sigma^2_f$ ): variância fenotípica individual; ( $h^2_a$ ): herdabilidade individual no sentido restrito; ( $h^2_{mp}$ ): herdabilidade da média de progênies; ( $h^2_{ad}$ ): herdabilidade aditiva dentro de parcela; (Acprog): acurácia da seleção de progênies.

**Tabela 5.** Análise de deviance para resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* baseado na área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM) e para características de produção e qualidade de fruto em genótipos de maracujazeiro provenientes da população segregante de segunda geração de retrocruzamento.

Efeito	AACPDM		Produção		Número de fruto		Produtividade		Massa de fruto		Brix
	Deviance	LRR ( $X^2$ )	Deviance	LRR ( $X^2$ )	Deviance	LRR ( $X^2$ )	Deviance	LRR ( $X^2$ )	Deviance	LRR ( $X^2$ )	Deviance
<b>Genótipos</b>	3734,4		1130,72		2881,67		1399,34		3047,01		873,51
<b>Modelo completo</b>	3733,6	0,8 <sup>ns</sup>	1115,13	15,59 <sup>**</sup>	2861,88	19,79 <sup>**</sup>	1383,75	15,59 <sup>**</sup>	3037,9	9,11 <sup>**</sup>	866,4
Efeito	Massa de polpa		Rendimento		Comprimento		Diâmetro		Espessura		LRR ( $X^2$ )
	Deviance	LRR ( $X^2$ )	Deviance	LRR ( $X^2$ )	Deviance	LRR ( $X^2$ )	Deviance	LRR ( $X^2$ )	Deviance	LRR ( $X^2$ )	7,11 <sup>**</sup>
<b>Genótipos</b>	2505,21		1954,39		1942,29		1871,31		479,83		
<b>Modelo completo</b>	2495,05	10,16 <sup>**</sup>	1943,38	11,01 <sup>**</sup>	1929,88	12,41 <sup>**</sup>	1862,43	8,88 <sup>**</sup>	472,27	7,56 <sup>**</sup>	

\*\* significativo a 1% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. LRT( $X^2$ ): teste de razão de verossimilhança

A característica resistência ao CABMV baseado na AACPDm foi a única característica classificada como de baixa magnitude de herdabilidade individual no sentido restrito. As características relacionadas com a qualidade de fruto foram todas classificadas como de média magnitude. Se tratando das características de produção de fruto, as herdabilidades foram classificadas como alta. Preisigke et al. (2020b) em população RC<sub>1</sub> de *Passiflora* encontraram valor superior (0,90) para AACPDm.

Na população RC<sub>2</sub> em estudo ainda há muita segregação e alta variabilidade entre as famílias, portanto, recomenda-se seleção entre as famílias. Visto que, as herdabilidades com base na média de progênies ( $h^2_{mp}$ ) ficaram todas superiores a 70% indicando que a seleção mais acurada e com os melhores ganhos genéticos é com base na família. Esse parâmetro é usado como ferramenta útil na participação da predição de ganho de diferentes métodos de seleção, pois informa que quanto maior a herdabilidade de uma característica, maiores são os ganhos genéticos dos genótipos selecionados. Segundo Ramalho et al. (2012a) esse parâmetro auxiliar o melhorista a escolher a melhor estratégia de melhoramento a ser aplicada em espécies perenes.

Preisigke et al. (2020b) trabalhando com população segregante RC<sub>1</sub> de *Passiflora* recomenda seleção individual devido aos altos valores de herdabilidade individual no sentido restrito, não corroborando com o presente trabalho. Na população de maracujazeiro-azedo em três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional estudada por Cavalcante et al. (2018) verificaram que para todas as características foi observada  $h^2_{mp}$  inferior a 0,55. Já Preisigke et al. (2020b) em população RC<sub>1</sub> de *Passiflora* encontraram valor de 0,95 para AACPDm.

Para todas as características avaliadas, as acurácias foram maiores de 80%, que segundo Resende (2016) são classificadas como muito alta. O autor também ressalta que a acurácia seletiva estimada comprova a alta precisão experimental. Isso indica a excelente qualidade experimental tornando segura a seleção de genótipos superiores quanto as características avaliadas. Além de estabelecer relação direta com os valores genéticos preditos e valores genéticos fenotípicos. Diferentemente do presente trabalho, Cavalcante et al. (2019) não observaram nenhuma acurácia maior ou igual a 80% na população de meios-irmãos de maracujazeiro-azedo.

### 3.2.4.2. Índice de seleção para seleção simultânea

Na primeira etapa da seleção, as famílias 293, 355 e 501 foram as mais bem ranqueadas, indicadas para a seleção de múltiplas características nos três índices utilizados (Tabela 6). Os índices de seleção associam as informações de várias características e permitem efetuar a seleção com eficiência, aumentando a possibilidade de sucesso de um programa de melhoramento (Vasconcelos et al., 2010; Rosado et al., 2012; Cruz et al., 2014; Vianna et al., 2013; Resende et al., 2014; Leite et al., 2016).

**Tabela 6.** Percentuais de ganhos de seleção das seis famílias da segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro através de três diferentes índices de seleção.

<b>Família</b>	<b>Aditivo</b>	<b>Família</b>	<b>Multiplicativo</b>	<b>Família</b>	<b>Mulamba e Mock</b>
<b>293</b>	13,75%	<b>293</b>	336,27%	<b>293</b>	54,00%
<b>355</b>	10,43%	<b>355</b>	177,89%	<b>355</b>	35,09%
<b>501</b>	6,79%	<b>501</b>	95,34%	<b>501</b>	26,92%
<b>17</b>	3,98%	<b>17</b>	47,71%	<b>516</b>	14,07%
<b>516</b>	2,13%	<b>516</b>	19,11%	<b>17</b>	6,94%
<b>153</b>	0	<b>153</b>	0	<b>153</b>	0

Na segunda etapa da seleção foram identificados os 271 genótipos pertencentes as melhores famílias para realizar a terceira etapa de seleção. Na terceira etapa da seleção foram ranqueados os 48 melhores genótipos para realizar o cálculo dos ganhos genéticos com base no diferencial de seleção através das onze características avaliadas (Tabela 7).

Observa-se que o índice de aditivo (IA) mostrou-se o melhor para estimativa de ganho de seleção para a característica número de frutos e o menor desempenho para resistência ao CABMV quando comparado aos demais índices utilizados. Vale ressaltar que para a variável resistência ao CABMV, a estimativa de ganho de seleção foi positiva, o que não é desejável quando se está avaliando doença. Para essa característica em questão, espera-se ganhos negativos, pois o objetivo é diminuir a intensidade da doença nos genótipos em seleção.

**Tabela 7.** Estimativas dos ganhos de seleção da segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro com base no diferencial de seleção, via três diferentes índices de seleção para 11 características morfoagronômicas considerando intensidade de seleção de 18%.

Característica	Índice		
	Aditivo	Multiplicativo	Mulamba e Mock
<b>AACPDM</b>	23,0169	-4,9042	-6,5964
<b>Produção</b>	3,1205	-1,5125	3,9811
<b>Número de fruto</b>	39,7868	-18,2295	38,2478
<b>Produtividade</b>	4,4561	-2,1599	5,6850
<b>Massa</b>	12,1933	-11,4808	39,4561
<b>Massa de fruto</b>	8,6034	-5,8501	21,0264
<b>Rendimento</b>	3,6631	-2,1320	4,6437
<b>Comprimento</b>	0,3540	-0,3840	6,7845
<b>Diâmetro</b>	1,1126	-1,2924	6,7951
<b>Espessura</b>	0,2498	-0,5508	0,4049
<b>Brix</b>	0,9060	-1,1092	1,0082

O índice multiplicativo (IM) proporcionou os menores ganhos genéticos em relação aos demais índices, porém para resistência a doença e espessura de casca mostrou desempenhos desejáveis. Visto que, devido a natureza dessas duas características ganhos negativos são favoráveis a seleção. Apesar disso, Gonçalves Junior (2019) estudando genótipos de maracujazeiro oriundos de RC<sub>1</sub> recombinados indica o uso do índice multiplicativo para seleção simultânea por apresentar maior magnitude de ganhos e melhor eficiência.

Como a principal característica em avaliação é a resistência ao CABMV, o índice do rank, Mulamba e Mock (MM), mostra-se o mais promissor para seleção simultânea de genótipos superiores visando resistência. Segundo Neves et al. (2011), o índice MM forneceu ganhos totais satisfatórios, com base nas análises genotípica e fenotípica para seleção simultânea em maracujá-azedo. Krause et al. (2012) observaram ganhos genéticos positivos nas características agrônômicas avaliadas em progênies intrapopulacional de maracujá-azedo utilizando o índice de seleção MM.

Freitas et al. (2012) consideraram o índice MM como o melhor índice para selecionar genótipos para formação de população base para seleção recorrente de maracujá-azedo. Os autores mencionam que o índice MM proporcionou ganhos



simultâneos satisfatórios em produtividade, massa de frutos, rendimento de polpa e teor de sólidos solúveis totais e de redução na severidade das doenças.

Assim, entre os índices testados para seleção de genótipos superiores, o índice de rank de Mulamba e Mock é o mais eficiente e favorável para realizar seleção simultânea de genótipos no presente trabalho. Esse índice proporciona as melhores estimativas de ganhos de seleção por característica avaliada e assim, a maior magnitude de ganho nos genótipos em estudo.

Na tabela 8 pode-se observar as novas médias estimadas com base no diferencial de seleção para cada característica avaliada com base nos 48 melhores genótipos selecionados pelo MM. Observa-se também as médias dos 271 genótipos da segunda etapa da seleção (média original) e as médias dos 48 genótipos da terceira etapa da seleção (média dos selecionados).

**Tabela 8.** Médias originais, médias dos selecionados e novas médias via diferencial de seleção estimadas para as 11 características morfoagronômicas usadas para avaliar a população da segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro.

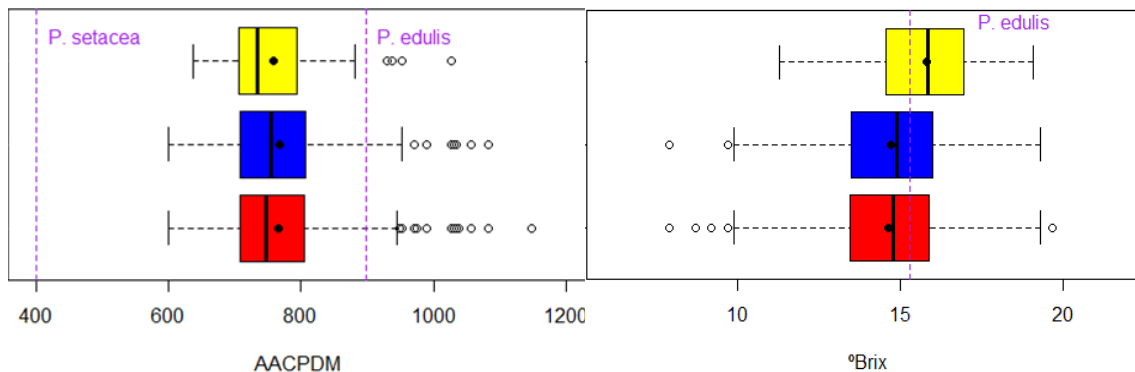
<b>Genótipos</b>	<b>Média Original*</b>	<b>Média dos selecionados**</b>	<b>Nova média***</b>
<b>AACPD</b>	767,5738	758,4375	751,84
<b>Produção (kg)</b>	3,6015	7,7602	11,74
<b>Número de fruto</b>	40,2546	79,6042	117,85
<b>Produtividade (t)</b>	5,1429	11,0816	16,77
<b>Massa de fruto (g)</b>	103,9233	146,0277	185,48
<b>Massa de fruto (g)</b>	40,69	62,79	83,82
<b>Rendimento</b>	37,9	42,75	47,39
<b>Comprimento (cm)</b>	75,67	82,77	89,56
<b>Diâmetro (cm)</b>	63,05	70,34	77,14
<b>Espessura (cm)</b>	4,58	5,02	5,43
<b>Brix<sup>o</sup></b>	14,72	15,81	16,82

\*Média original: foi obtida a partir dos genótipos das três melhores famílias indicadas pelos índices de seleção; \*\*Média dos selecionadas: foi obtida partir dos 48 melhores genótipos indicados pelo índice MM; \*\*\* Nova média: foi estimada a partir do ganho de seleção via diferencial de seleção.

Todas as características avaliadas mostraram ganhos superiores tanto para média geral quanto para média dos selecionados. O índice MM mostrou-se novamente como o mais eficiente para os ganhos de seleção e para realizar seleção simultânea mais acurada de genótipos superiores na população em estudo.

Para ilustrar o aumento no ganho de seleção, foram formados três grupos distintos de genótipos baseado em três etapas do processo de seleção (Figura 4 e 5). O grupo vermelho corresponde aos 383 genótipos avaliados ao longo do experimento. O grupo azul refere-se aos 271 genótipos selecionados das três melhores famílias indicadas pelos índices de seleção. O grupo amarelo foi formado pelos 48 melhores genótipos via índice de Mulamba e Mock.

Na figura 4 observa-se que nas três etapas da seleção para a característica resistência ao CABMV, os genótipos estão mais próximo do pai suscetível (*P. edulis*) do que do pai resistente (*P. setacea*). Ressalta-se que o grupo dos 48 melhores genótipos (bloco amarelo) foi o que mais se afastou da média do *P. edulis*. Esse fato pode ser indicativo que os genótipos desse grupo são mais resistentes que os demais. Além disso, nessa população, em processo de melhoramento, ainda é possível obter ganhos significativos relacionados a resistência ao CABMV. Já o teor de brix obteve ganho com mais de 50% dos genótipos com média superior a cultivar padrão.

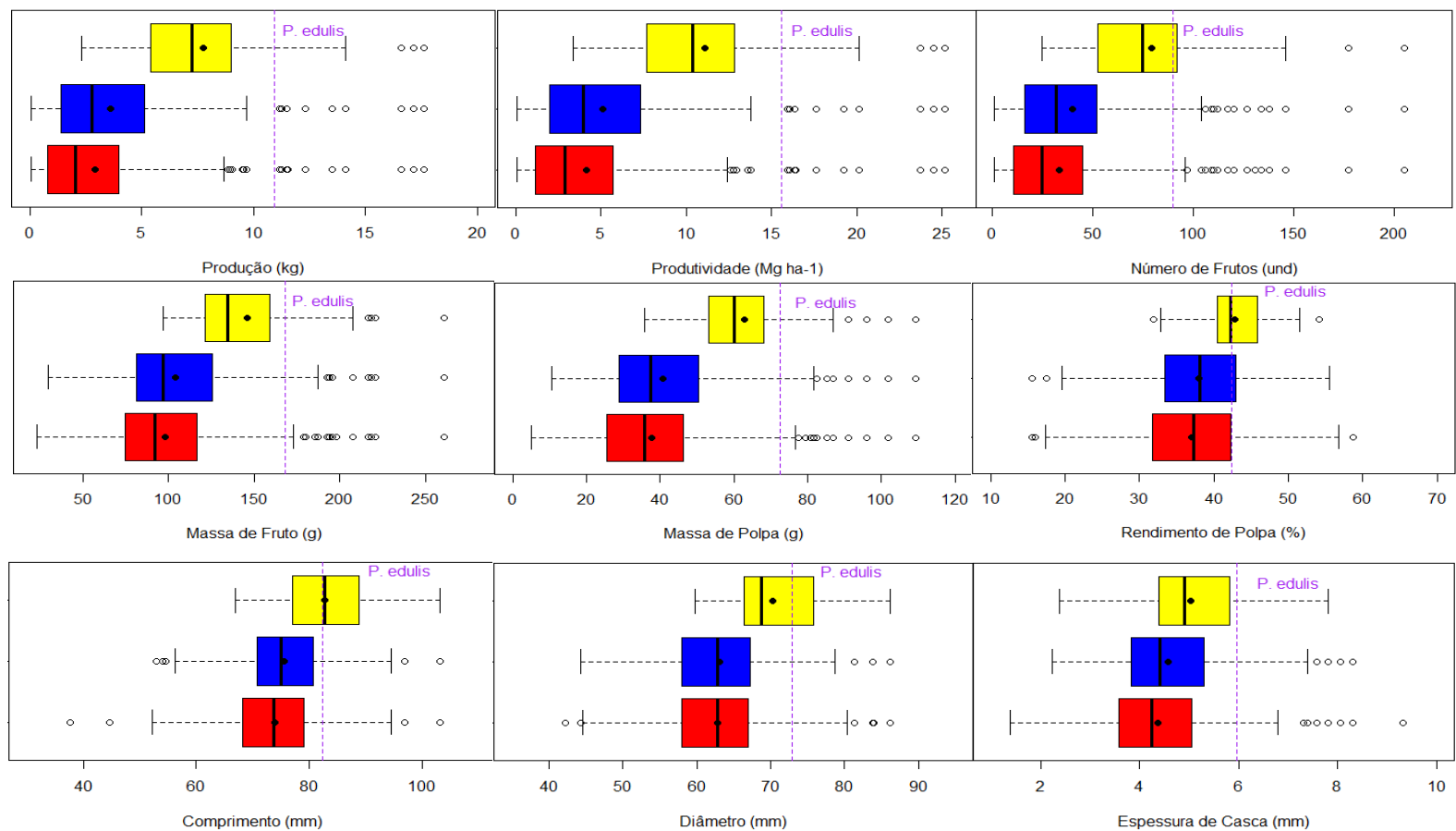


**Figura 4.** Gráfico Box-plot das diferentes etapas do processo de seleção de genótipos para a característica AACPDM e teor de Brix da população de segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro. (Cor vermelho) média dos 383 genótipos selecionados na primeira etapa da seleção; (Cor azul) média dos 271 genótipos selecionados na segunda etapa da seleção (Cor amarela) média dos 48 genótipos selecionados na terceira etapa da seleção; (Linha tracejada a direita) AACPDM da cultivar UENF Rio Dourado; (Linha tracejada a esquerda) AACPDM na *Passiflora setacea* e teor de Brix da cultivar UENF Rio Dourado

Na figura 5, observa-se que para as características de produção, produtividade, número de frutos, massa de fruto, massa de polpa, rendimento de polpa, comprimento e diâmetro de fruto e espessura de casca dos 48 melhores genótipos mostraram ganhos efetivos quando comparados aos dois outros grupos. Para a produção, produtividade, massa de fruto e polpa quase 25% dos genótipos ficaram com valores fenótipos acima do pai recorrente (Cultivar UENF Rio Dourado). Esse genitor é a referência para características de produção. Já para rendimento de polpa, os ganhos em relação a cultivar padrão foram superiores em 50% dos genótipos selecionados.

Tem-se também que para a característica número de frutos produzidos por genótipos, pode-se observar que pouco mais de 25% dos genótipos foram superiores a cultivar UENF Rio Dourado. Isso pode ser explicado pela presença do vírus, levando a redução na produção de frutos e mostrando que ainda há ganhos de seleção que podem ser obtidos nas futuras etapas do programa.

O comprimento de fruto teve resposta igual ao rendimento de polpa mostrando que 50% dos genótipos selecionados ficaram acima da média da cultivar padrão. O diâmetro de fruto teve mais de 25% acima da média e a espessura pouco menos que 25%.



**Figura 5.** Gráfico Box-plot das diferentes etapas do processo de seleção de genótipos para as características de produção, produtividade, número de frutos, massa de fruto, massa de polpa, rendimento de polpa, comprimento e diâmetro de fruto e espessura de casca da população de segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro. (Cor vermelho) média dos 383 genótipos selecionados na primeira etapa da seleção; (Cor azul) média dos 271 genótipos selecionados na segunda etapa da seleção (Cor amarela) média dos 48 genótipos selecionados na terceira etapa da seleção; (Linha tracejada) Produção, produtividade, número de frutos, comprimento e diâmetro de fruto e espessura de casca na cultivar UENF Rio Dourado.

### 3.2.4.3. Relação entre características

Para a característica AACPDM foram observadas estimativas de correlações genéticas positivas alta (maiores de 0,90) entre as características massa de fruto, massa de polpa, comprimento e diâmetro. Isso é indicativo de que os frutos foram afetados diretamente pelos sintomas da virose pois a doença leva ao endurecimento e espessamento da casca. Foram observadas correlações negativas moderadas (maiores que 0,60) entre AACPDM e número de fruto e rendimento de polpa. Isso sugere que apesar de poucos frutos produzidos pelos genótipos, eles possuem elevada quantidade de polpa. Quando se trata da relação entre AACPDM e produção, a correlação foi positiva e insignificante (0,18) indicando forte indícios que esses genótipos estão mais próximo geneticamente do genitor suscetível (Cultivar UENF Rio Dourado). Porquanto, essa cultivar tem aumento de 36% na produtividade, 25% no rendimento e de 3% no peso de fruto, porém não é resistente à virose do endurecimento dos frutos (Viana et al., 2016) (Tabela 9).

Foi observado correlação positiva moderada entre a produção total de frutos e número de frutos (0,64). Portanto, é possível obter ganhos de seleção pela resposta correlacionada dessas características. Em populações de maracujazeiro-azedo submetidas a três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional também foi observada correlação positiva entre produção total de frutos e número de frutos (Cavalcante et al., 2018).

Observa-se também que há alta correlação positiva entre massa de fruto, massa de polpa, comprimento e diâmetro e entre rendimento de polpa e brix, demonstrando ser possível a seleção simultânea para esse complexo de características. D'Abadia (2019) avaliando frutos de *Passiflora alata* CURTIS e *Passiflora cincinnata* MAST observou resultados semelhantes ao do presente trabalho. Assim como, Silveira et al. (2019) avaliando frutos de *Passiflora cristalina* Vanderplank & Zappi encontraram valor de correlação positiva semelhantes para massa e comprimento de fruto.

**Tabela 9.** Coeficientes de correlação genotípica da segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro (*Passiflora edulis*). para resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* baseado na AACPDm e para características de produção e qualidade de fruto. Campos dos Goytacazes - RJ, 2019.

Variáveis	Produção	Número de fruto	Produtividade	Massa de fruto	Massa de polpa	Rendimento	Comprimento	Diâmetro	Espessura	Brix
<b>AACPDM</b>	0,1822	-0,6311	0,183	0,9615	0,9974	-0,7289	0,9647	0,9854	-0,1319	-0,7787
<b>Produção</b>	1	0,6478	1	0,4456	0,1108	-0,806	-0,0833	0,3468	0,9506	-0,7588
<b>Número de fruto</b>		1	0,6472	-0,3934	-0,6854	-0,0711	-0,8132	-0,4899	0,8522	0,0047
<b>Produtividade</b>			1	0,4463	0,1116	-0,8064	-0,0825	0,3476	0,9504	-0,7593
<b>Massa de fruto</b>				1	0,9391	-0,8891	0,855	0,9942	0,1458	-0,9212
<b>Massa de polpa</b>					1	-0,6776	0,9812	0,9706	-0,2031	-0,7314
<b>Rendimento</b>						1	-0,5227	-0,8348	-0,5825	0,9971
<b>Comprimento</b>							1	0,9058	-0,3884	-0,5859
<b>Diâmetro</b>								1	0,0387	-0,8741
<b>Espessura</b>									1	-0,5192

Segundo Falconer e Mackay (1996), altas correlações podem indicar, onde o mesmo gene afeta a expressão de mais de um caractere. Essa informação é demasiadamente importante no processo de seleção simultânea de diversas características de interesse do melhorista, pois possibilita selecionar os genótipos com base em apenas uma característica.

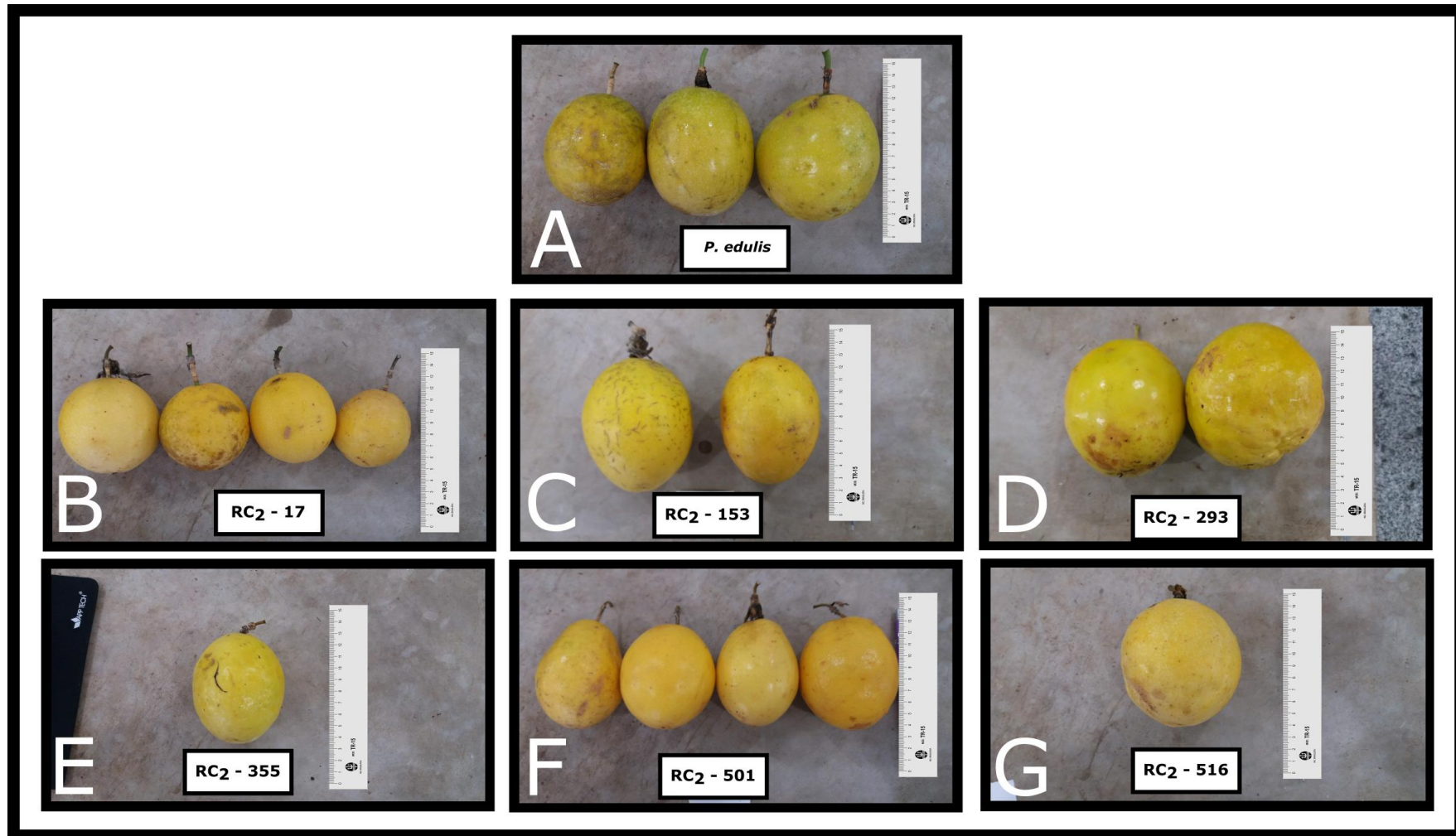
As demais relações entre as características apresentaram correlações negativas, fracas ou com baixa influência para a seleção simultânea. As correlações genéticas podem ser úteis para a seleção de característica com baixa herdabilidade e/ou de difícil mensuração. Nessas condições, a seleção indireta pode ser realizada, contanto que a causa e efeito das correlações estudadas sejam identificadas e estimadas pelo melhorista (Cruz et al., 2012).

#### **3.2.4.4. Estudo de diversidade**

Na análise de agrupamento foram usados os dados fenotípicos da variável resistência ao CABMV e mais nove características de produção e qualidade para distinguir os genótipos (Figura 7). Via distância euclidiana média, os 48 genótipos foram separados em sete grupos possibilitando observar ampla diversidade genética entre os genótipos. Torres et al. (2019), avaliaram sementes de genótipos de maracujazeiro e observaram que *P. setacea* e *P. edulis* foram agrupados em grupos distintos. Isso indica que há distância genética entre os genitores do presente trabalho (Figura 8).

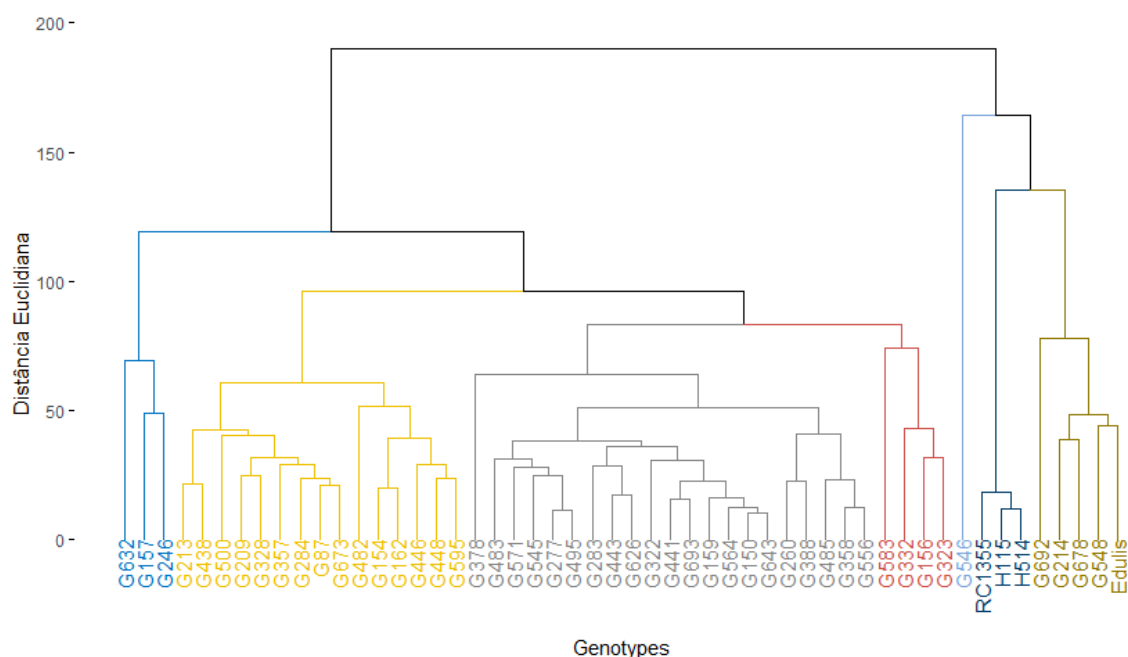
O genótipo G632 e *P. edulis* foram os mais distantes geneticamente, provavelmente devido à resistência ao CABMV, pois o G632 se mostrou o mais resistente (690) que o *P. edulis* (898,32). O grupo 1 foi formado pelos genótipos G214, G548, G678 e G692 e pelo genitor recorrente (*P. edulis*). O grupo 2 agrupou apenas genitores, sendo eles: H5 - 14, H1 - 15 e RC<sub>1</sub> - 355.

Apenas o genótipo G546 está no grupo 3. O grupo 4 agrupou quatro genótipos (G156, G323, G332 e G583). O grupo com maior número de genótipos foi o 5, composto de 21 genótipos e o grupo 6 foi o segundo maior com 15 genótipos. O grupo 7 agrupou 3 genótipos, sendo eles: G157, G246 e G632.



**Figura 8.** Frutos de maracujá com sintomas do *Cowpea aphid-borne mosaic vírus* no campo: (A) genitor recorrente (Cultivar UENF Rio Dourado - susceptível); (B), (C), (D), (E), (F) e (G) famílias da segunda geração de retrocruzamento. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019. Foto: Acervo próprio.





**Figura 7.** Dendrograma de dissimilaridade genética entre os 48 melhores genótipos e quatro dos seus genitores selecionados via índice de seleção Mulamba e Mock, pelo método UPGMA baseado na distância euclidiana média a partir de 10 características de produção e qualidade de fruto da população oriunda da segunda geração de retrocruzamento. Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

Todos os genótipos (G214, G548, G678 e G692) do grupo 1 pertencem à família 355. Nesse grupo também está presente o genitor recorrente (*P. edulis*) indicando que esses genótipos estão geneticamente mais próximos do pai recorrente. Outros indicativos dessa aproximação é que o grupo 1 apresentou o segundo maior valor para AACPDm (média de 914,65) e um dos melhores para produção total de frutos (média de 12,47 kg/planta). Esse fato pode ser explicado devido as características do cultivar UENF Rio Dourado que é altamente produtiva, porém suscetível ao CABMV (Viana et al., 2016). Diferentemente, Preisigke et al. (2020b) relataram que o *P. edulis* ficou isolado dos demais genótipos avaliados devido sua susceptibilidade e produção total de frutos alta. Este fato reforça que dentro da população RC<sub>2</sub> já há genótipos mais próximos geneticamente da cultivar comercial.

Os genitores H5 - 14, H1 - 15 e RC1 - 355 que formaram o grupo 2, tiveram seu agrupamento relacionado com os valores para AACPDm (841,50 a 857,50) e número de frutos. Corroborando com o presente trabalho, Preisigke et al. (2020b) relataram que o híbrido interespecífico e três genótipos da população segregante RC<sub>1</sub> se agruparam juntos.

O grupo 3 foi formado apenas pelo genótipo G546, pertencente à família 355, que teve a pior AACPDM e a pior produção, porém foi o melhor para número de frutos, massa de polpa, rendimento e diâmetro. Além de ter se destacado para espessura de casca (3,36 mm). Apesar desse genótipo apresentar boas qualidades de fruto, não é indicado para os futuros cruzamentos direcionados do programa de melhoramento por apresentar baixo potencial produtivo (2,34kg) e altamente suscetível com AACPDM (1020,90) superior ao genitor suscetível (898,90). Estudo realizado em população segregante de RC<sub>1</sub> de *Passiflora* observaram a formação de um grupo semelhante ao do presente trabalho (Preisigke et al., 2020b).

O grupo 4, formado pelos genótipos G156, G332 e G323 (família 293) e G583 (família 355), se destacou como o melhor para resistência ao CABMV com nota de AACPDM  $\leq 682,50$ , além de ter produtividade média de 11,39kg/planta. Deve-se salientar que esses quatro genótipos foram indicados para dar continuidade ao programa de melhoramento do maracujazeiro via metodologia REML/BLUP.

O grupo 5 foi formado por 21 genótipos (G150, G159, G260, G277, G283, G322, G358, G378, G388, G441, G443, G483, G485, G495, G545, G564, G556, G571, G626, G643 e G693) o terceiro melhor para AACPM (média de 719,46) e o segundo pior para produção (média de 6kg/planta). Os genótipos G441, G495, G556 e G571 também foram indicados para dar continuidade ao programa de melhoramento do maracujazeiro via metodologia REML/BLUP.

No geral, os genótipos do grupo 6 (G87, G154, G162, G209, G213, G284, G328, G357, G438, G446, G448, G482, G500, G595 e G673) mostraram valores medianos sendo o terceiro pior grupo para AACPDM a qual variou de 825 a 753,75. Genótipos com essas características não são ideais para compor a próxima etapa do programa de melhoramento visando à resistência ao CABMV do maracujazeiro.

O grupo 7 foi considerado mais produtivo (média de 14,48 kg/genótipo) e o que produziu maior quantidade de frutos (172 frutos/planta) ficando com valores acima do *P. edulis* (média de 10,92 kg/planta e 90 frutos/planta). Os genótipos desse grupo (G632, G157 e G246) são indicados para compor os futuros cruzamentos do programa de melhoramento de maracujazeiro, pois apresentam boas características produtiva.

Pode-se indicar que os genótipos do grupo 4 e do grupo 7 devem ser selecionados para realizar cruzamento entre eles com o objetivo de aumentar os

alelos favoráveis para resistência ao CABMV e para produção de frutos. Segundo Negreiros et al. (2008), a escolha assertiva de genitores e de cruzamentos direcionados entre indivíduos com boas qualidades agronômicas e com certo grau de divergência genética, elevam ao máximo os genes favoráveis e a heterose. Assim, possibilitando a seleção de genótipos superiores com múltiplas características de interesse. Vale ressaltar que as características de qualidade de fruto não foram precisas para a formação dos grupos. Intui-se que eles podem não ser determinantes para as análises de agrupamento via distância euclidiana média.

Os resultados obtidos nesse trabalho são repletos de informações que subsidiam futuras etapas do programa de melhoramento genético do maracujazeiro visando à resistência ao CABMV da UENF. Pode-se observar que há fontes de tolerância ao CABMV de modo a minimizar as perdas na produção e da virose no campo. Ressalta-se também que foram encontrados genótipos mais produtivos, com elevada qualidade de frutos e outras características buscadas pelos melhoristas, agricultores e consumidores.

### **3.2.5. CONCLUSÕES**

A seleção dentro de famílias permite ganhos de seleção mantendo a variabilidade das próximas geração de melhoramento.

O uso do índice de seleção Mulamba e Mock é recomendado para seleção simultânea de resistência ao CABMV e características de produção e qualidade de frutos de maracujazeiro-azedo.

As correlações genóticas mostraram que há possibilidade de realizar seleção indireta a partir de 11 características avaliadas.

A análise multivariada permitiu observar que há variabilidade na população em processo de melhoramento.

Os genótipos do grupo 4 e 7 são indicados para dar continuidade ao programa de melhoramento do maracujazeiro visando resistência ao CABMV.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Assunção M.P., Krause W, Dallacort, R, Santos P.R.J. dos, Neves, L.G. (2015) Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUPR. *Rev. Caatinga*. 28(2): 57-63.
- Barros, D.R., Alfenas, Z.P., Beserra, J.E.A, Antunes, T.F.S., Zerbini, F.M. (2011) Comparative analysis of the genomes of two isolates of *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) obtained from different hosts. *Archives of virology*, 156(6):1085-91.
- Bernacci, L.C., Cervi, A.C., Milward, M.A. de Azevedo, Nunes, T.S., Imig, D.C., Mezzonato, A.C. (2015) Passifloraceae. In: Lista de espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB128567>>. Acesso em: 18 de outubro de 2017.
- Bernacci, L.C., Meletti, L.M.M., Soares-Scott, M.D., Passos, I.R.S., Junqueira, N.T.V. (2005) Espécies de maracujá: caracterização e conservação da biodiversidade. In: Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Braga, M.F. (Eds) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, p.559-586.
- Bernardes, P.M., Nicolía, C.F., Alexandre, R.B., Guilhen, J.H.S., Praça-Fontes, M.M., Ferreira, A., Ferreira, M.F da S. (2020) Vegetative and re productive

performance of species of the genus *Passiflora*. *Scientia Horticulturae*, 256 (1), 109193. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2020.109193>

Bertoldo, J.G.; Coimbra, J.L.M.; Guidolin, A.F.; Nodari, R.O.; Elias, H.T.; Barili, L.D.; Vale, N.M. do; Rozzetto, D.S. (2009) Rendimento de grãos em feijão preto: o componente que mais interfere no valor fenotípico é o ambiente. *Ciência Rural*, v.39, p.1974-1982. DOI: 10.1590/S0103-84782009005000166.

Bezerra, D.R.; Lima, J.A.A.; Xavier Filho, J. (1995) Purificação e caracterização de um isolado cearense do vírus do endurecimento dos frutos do maracujazeiro. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, v.20, p.553-560.

Borém A e Miranda GV (2013) *Melhoramento de Plantas*. Viçosa, 523p.

Borém, A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2017) *Melhoramento de Plantas*. 7.ed. Viçosa: Editora UFV, 543p.

Borges, V.; Soares, A.A.; Reis, M.S.; Resende, M.D.V.; Cornélio, V.M.O.; Leite, N.A.; Vieira, A.R. (2010) Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. *Bragantia*, v.69, p.833-841. DOI: 10.1590/S0006-87052010000400008.

Braga, M.F.; Junqueira, N.T. (2003) *Produção de mudas de maracujá-doce*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 28p. (Documentos/Embrapa Cerrados, ISSN 1517-5111:93).

Bruckner, C.H., Casali, V.W.D., Moraes, C.F., Regazzi, A.J., SILVA, E.A.M. (1995) Self- incompatibility in passion fruit (*Passiflora edulis* Sims). *Acta Horticulturae*, 370: 45- 57.

Bruckner, C.H., Meletti, L.M.M., OTONI, W.C., Zerbini-Júnior, F.M. (2002) Maracujazeiro. In: Bruckner, C.H. (ed.). *Melhoramento de fruteiras tropicais*. Viçosa: UFV, p.373- 409.

Bruckner, C.H., Otoni, W.C. (2009) *Hibridização em Maracujá*. In Bórem, A. (2ªEd.) *Hibridização artificial em plantas*. Viçosa: UFV, 452p.

- Bueno, C. J., Fischer, I. H., Parisi, M. C. M., Furtado, E. L. (2010) Comportamento do maracujazeiro amarelo, variedade Afruvec, ante uma população de *Fusarium solani*, agente causal da Podridão do colo. *Arquivos do Instituto Biológico*. 77: 533-537.
- Campbell CL and Madden LV (1990) Introduction to plant disease epidemiology. New York, 560p.
- Carvalho, F. I. F.; Lorencetti, C.; Benin, G. (2004) Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal. Pelotas: UFPel, 142p.
- Cavalcante NR, Viana AP, Almeida Filho JE, Pereira MG, et al. (2019) Novel selection strategy for half-sib families of sour passion fruit *Passiflora edulis* (Passifloraceae) under recurrent selection. *Genet. Mol. Res.* 18: (2): gmr18305. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18305>
- Cavalcante, N.R., Viana, A.P., Santos, P.R. dos, Preisigke, S. da C., Ribeiro, R.M., Tofanelli, E.J. (2018) Associations among production and physicochemical quality fruit traits in Passion fruit populations subjected to three cycles of intrapopulation recurrent selection *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40(5), e-013. <http://dx.doi.org/10.1590/0100-29452018013>
- Cerqueira-Silva, C.B.M.; Conceição, L.D.H.C.S.; Souza, A.P.; Corrêa, R.X. (2014) A history of passion fruit woodiness disease with emphasis on the current situation in Brazil and prospects for Brazilian passion fruit cultivation. *European Journal Plant Pathology*, v. 139, p. 261-270.
- Cervi, A.C., Azevedo, M.A.M., Bernacci, L.C. (2010) Passifloraceae. In: FORZZA RF. et al (Ed). *Catálogo de plantas e fungos do Brasil*. Rio de Janeiro: Jardim Botânico do Rio de Janeiro, v. 2, p. 1432-1436.
- Chagas, C.M., Kitajima, E.W. e LIN, M.T. (1981) Grave moléstia em maracujá amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) no Estado da Bahia causada por um isolado do vírus do "woodiness" do maracujá. *Fitopatologia Brasileira* 6:259-268.
- Chagas, C.M., Rezende, J.A.M., Colariccio, A., Piza Jr., C.T., Lopes, L.C., Ferrari, J.T. e Belluzi, B.M. (1992) Ocorrência do endurecimento do fruto do

maracujazeiro no Estado de São Paulo. *Revista Brasileira de Fruticultura* 14:187-190.

Colariccio, A., Peruch, L.A.M., Galleti, S.R., Lombardi, R., Chagas, C.M. (2008) O endurecimento dos frutos do maracujazeiro associado a severas perdas no litoral norte de Santa Catarina. *Anais do 41º Congresso Brasileiro de Fitopatologia*, Belo Horizonte - MG, v.33 (suplemento), p.300.

Comstock, R.E.; Robinson, H.F. (1948) The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, 4:254-266.

Cordeiro, M.H.M., Rosado, R.D.S., Souto, A.G. de L.; Cremasco, J.P.G., Santos, C.E.M dos; Bruckner, C.H. (2019) Estimates of Genetic Parameters and Selection Strategies in F1 Progenies Obtained from Endogamic Lines of Sour Passion Fruit. *Journal of Experimental Agriculture International*, v. 30, n. 6, p. 1-9.

Cruz Neto, A.J.D., Rosa, R.C.C., Oliveira, E.J.D., Sampaio, S.R., Santos, I.S.D., Souza, P.U., Jesus, O.N.D. (2016) Genetic parameters, adaptability and stability to selection of yellow passion fruit hybrids. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.*16, 321-329. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a48>

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3.ed. Viçosa: UFV, v.2 668p.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S., (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4.ed. Viçosa: UFV, v.1. 514p.

Cunha, M.A.P., Barbosa, L.V., Faria, G.A. (2004) Botânica. In: Lima, A.A e Cunha, M.A.P. Maracujá: produção e qualidade na passicultura. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 396 p.

D'Abadia, A.C.A. (2019) Variabilidade genética e caracterização de frutos de *Passiflora alata* curtis e *Passiflora cincinnata* mast conduzidos em latada e espaldeira. Universidade de Brasília

- Dalbosco, E.Z., Krause, W., Krause, D.P., Fachi, L.R., Dallacort, R., Viana, A.P. (2019) Restricted selection indexes used in sour passion fruit intrapopulation recurrent selection. *Rev. Cienc. Agrar.*, v. 62. <http://dx.doi.org/10.22491/rca.2019.3003>
- Dalbosco, E.Z., Krause, W., Neves, L.G., Araújo, D.V. de, Hiega, K.M.R., Silva, C.G. da. (2018). Parametric and non-parametric indexes applied in the selection of sour passion fruit progenies. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40(1), e-282. Epub February 26, 2018. <https://doi.org/10.1590/0100-29452018282>
- Di Piero, R.M., Novaes, Q. S., Pascholati, S.F. (2010) Effect of *Agaricus brasiliensis* and *Lentinula edodes* Mushrooms on the Infection of Passionflower with *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. *Brazilian Archives of Biology and Technology*. v.53 n.2: pp. 269-278.
- Falconer, D.S., Douglas S., Mackay, T.F.C. (1996) Introduction to quantitative genetics. Longman, 464p.
- Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V., Costa, A. M. (2016) Importância socioeconômica e cultura do maracujá. In: Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V. (Ed.) *Maracujá: o produtor pergunta, a Embrapa responde*. Brasília, DF :Embrapa, p. 16-21.
- Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F.; Oliveira, E. J.; Peixoto, J. R.; Costa, A. M. (2011) Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro histórico e perspectivas. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados (Documentos/Embrapa Cerrados), 307 36p.
- Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V.; Costa, A. M. (2015) Ações de pesquisa e desenvolvimento para o uso diversificado de espécies comerciais e silvestres de maracujá (*Passiflora* spp.). Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 26p.
- Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Braga, M.F., Bellon, G., Peixoto, J.R. (2005) Diversidade genética de variedades comerciais de maracujazeiro-azedo com base em marcadores RAPD. In: *Reunião técnica de pesquisas em maracujazeiro*, 4. ed, Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, p.105-109.
- Faria, PN, Oliveira, DS (2019) Cluster Analysis in the study of agronomic traits for corn. *Revista de Ciências Agrárias* 42(3), 743-750.



- Ferrão, M. A. G.; Vieira, C.; Cruz, C. D.; Cardoso, A. A. (2002) Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 37, n. 8, p. 1089-1098.
- Ferreira RT, Viana AP, Silva FH de L, Santos E A, et al. (2016) Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Rev. Bras. Frutic.* 38(1): 158-166. <http://dx.doi.org/10.1590/0100-2945-260/14>
- Ferreira, A.F.N., Krause, W., Cordeiro, M.H.M., Viana, A.P. Santos, E.A., Viera, H.D. (2021). Multivariate analysis to quantify genetic diversity and family selection in sour passion fruit under recurrent selection. *Euphytica* 217, 11 <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02740-5>
- Ferreira, F.M., Neves, L.G., Bruckner, C.H., Viana, A.P., Cruz, C.D., Barelli, M.A.A. (2010) Formação de supercaracteres para seleção de famílias de maracujazeiro amarelo. *Acta Scientiarum Agronomy.* 32: 247-254.
- Ferreira, R.T.; Viana, A.P.; Silva, F.H.de L., Santos, E.A.; Santos, J.O. (2016) Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38(1):158-166.
- Fonseca, A.F.A., Sedyama, T., Cruz, C.D., Sakaiyama, N.S., Ferrão, M.A.G., Ferrão, R.G., Bragança S.M. (2006) Divergência genética em café conilon. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41: 599-605.
- Fonseca, K.G. da, Faleiro, F.G., Peixoto, J.R., Junqueira, N.T.V., Junqueira, K.P., Silva, M.S., Vaz, C.D.E.F. (2009) Análise da recuperação do genitor recorrente em maracujazeiro-azedo por meio de marcadores RAPD. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 31(1):145-153.
- Freitas, J.C.O., Viana, A.P., Santos, E.A., Silva, F.H.L., Paiva, C. L., Rodrigues, R., Souza, M. M., Eiras, M. (2015) Genetic basis of the resistance of a passion fruit segregant population to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). *Trop. plant pathol.*, v. 40, p. 291-297. <https://doi.org/10.1007/s40858-015-0048-2>
- Freitas, J. C. O., Pio Viana, A., Santos, E. A., Paiva, C. L., Silva, F. H. L.; Souza, M. M. (2016) Sour passion fruit breeding: Strategy applied to individual selection in

segregating population of *Passiflora* resistant to *Cowpea aphid-born mosaic virus* (CABMV). *Scientia Horticulturae*, v. 211, p. 241-247.

- Freitas, J. P. X., Oliveira, E. J., Jesus, O. N., Cruz Neto, A. J., & Santos, L. R. (2012) Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro-azedo com uso de índices de seleção. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47(3), 393-401.
- Fuhrmann, E., Junqueira, N.T.V., Blum, L.E.B., Braga, M.W., Bellon, G., Junqueira, K.P., Fuhrmann, E., Junqueira, N.T.V., Blum, L.E.B., Braga, M.W., Bellon, G., Junqueira, K.P. (2014) Reação de híbridos interespecíficos de *Passiflora* spp. a *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*. *Ciência Rural*, v. 44, p. 1404-1410.
- Gibbs A, Ohshima K (2010) Potyviruses and the digital revolution. *Annu. Rev. Phytopathol.* 48: 205-223. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-073009-114404>
- Gioria, R.; Bosquê, G.G.; Rezende, J.A.M.; Amorim, L.; Kitajima, E.W. (2000) Incidência de viroses de maracujazeiro na Alta Paulista – SP, e danos causados pelo “Passion fruit woodiness vírus”. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, v.25, p.182-189.
- Gonçalves Júnior, D.H. (2019) Prospecção dentro de famílias de retrocruzamento em *Passiflora*: implicações para o melhoramento visando resistência ao CABMV. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Campos dos Goytacazes - Rio de Janeiro.
- Gonçalves, G.M., Viana, A.P., Bezerra Neto, F.V., Pereira, M.G., Pereira, T.N.S. (2007) Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. *Pesqui Agropecuária Bras*, v. 42, p.193 198.
- Greco, S. M. L., Peixoto, J. R., Ferreira, L. M. (2015). Avaliação física, físico-química e estimativas de parâmetros genéticos de 32 genótipos de maracujazeiro-azedo cultivados no Distrito Federal. *Bioscience Journal*, v. 30, p. 360-370.
- Guedes, J. M., Vilela, D. J. M., Rezende, J. C., Silva, F. L., Botelho, C. E., Carvalho, S. P. (2013) Genetic divergence between coffee trees of the Maragogipe germplasm. *Bragantia*, v. 72, n. 2, p. 127 –132.

- Hallauer, A.R., Miranda, Filho, J.B., Carena, M.J. (2010) Quantitative Genetics in Maize Breeding. New York, 664p.
- Hallauer, A. R. (2007) History, contribution, and future of quantitative genetics in plant breeding: lessons from maize. *Crop Science*, Madison, v. 47, p. 4-19.
- Hazel, H. N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28: 476- 490
- IBGE (2020) Banco de Dados Agregados. SIDRA: Produção agrícola. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457> (Acessado: 23 de novembro de 2020).
- Jesus, O. N. de, Lima, L. K. S., Souza, P. U., Girardi, E. A. (2021) Genetic parameters, correlation and repeatability of agronomic characters of yellow passion fruit genotypes in three harvest cycles. *Bragantia*, 80, e1621. doi: 10.1590/1678-4499.20200294.
- Jung, M.S.; Vieira, E.A.; Brancker, A.; Nodari, R.O. (2008) Herdabilidade e ganho genético em caracteres do fruto do maracujazeiro-doce. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.30, p.209-214.
- Köppen W e Geiger R (1928) Die Klimate der Erde. Wall-map 150cmx200cm. Gotha: Verlag Justus Perthes
- Krause, D. P., Fachi, L. R., Dalbosco, E. Z., Campos, T. N. V., Freitas, A. P., Lima, K. S., Krause, W. (2021) Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de maracujazeiro via metodologia REML/BLUP. *Scientific Electronic Archives*, v. 14, p. 42-48. doi: 10.36560/14520211268.
- Krause, W.; Souza, R.S. de; Neves, L.G.; Carvalho, M.L. da S.; Viana, A.P.; Faleiro, F.G. (2012) Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro-amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.47, p.51-57. DOI: 10.1590/S0100-204X2012000100008.
- Leite, W. S., Pavan, B. E., Matos Filho, C. H. A., De Alcantara Neto, F., DE Oliveira, C. B., Feitosa, F. S. (2016) Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. *Comunicata Scientiae*, v. 7, n. 3, p. 302-310.

- Lima, J.A.A., Santos, C.D.G. e Kitajima, E.W. (1985) Isolamento de um potyvírus de plantas de maracujá com sintomas de mosaico. *Fitopatologia Brasileira* 10: 305. 1985 (Resumo).
- Lima, V.J. de, Viana, A.P., Amaral Júnior, A.T. do, Kamphorst, S.H., Leite, J.T., Santos, P.H.A.D., Bispo, R.B., Santos, T. de O. (2020) Exploring the use of testers to maximize selection accuracy of partially inbred S3 popcorn progenies. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 15, n. 2, ref. 32.
- Machado, B.Q.V. (2017) Diversidade genética em soja com diferentes níveis de resistência ao *Sclerotinia sclerotiorum*, correlações, análise de trilha e população de plantas. Dissertação (Mestrado) -Universidade Federal de Uberlândia 103p.
- Maciel, S.C., Nakano, D.H., Rezende, J.A.M., Vieira, M.L.C. (2009) Screening of passiflora species for reaction to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* reveals an immune wild species. *Scientia. Agricola*, V. 66(3), p. 414-418.
- Meletti LMM (2011) Avanços na cultura do maracujá no Brasil. *Rev. Bras. de Frutic.* 33(spe1): 83-91. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-29452011000500012>
- Meletti LMM, Brückner CH (2001) Melhoramento genético. In: Brückner CH, Picanço MC. Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria e mercado. Cinco Continentes, Porto Alegre, pp 345-385.
- Meletti, L.M.M., Bernacci, L.C., Soares-Scott, M.D., Azevedo Filho, J.A., Martins, A.L.M. (2003) Variabilidade genética em caracteres morfológicos, agronômicos e citogenéticos de populações de maracujazeiro-doce (*Passiflora alata* Curtis). *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 25(2), p. 275-278.
- Meletti, L.M.M., Brückner, C.H. (2001) Melhoramento Genético. In: Brückner, C.H.; Picanço, M.C. Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado. Porto Alegre: Cinco Continentes, 345-385.
- Meletti, L.M.M., Oliveira, J.C., Ruggiero, C. (2010) Maracujá. Jaboticabal: FUNEP (Série Frutas Nativas, 6).

- Meletti, L.M.M., Soares-Scott, M.D., Bernacci, L.C., Passos, I.R.S. (2005) Melhoramento genético do maracujá: passado e futuro. In: Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Braga, M.F. (ed.) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. EMBRAPA Cerrados, Planaltina, p.55-78.
- Meletti, L.M.M.; Santos, R.R.; Minami, K. (2000) Melhoramento do maracujazeiro amarelo: Obtenção do “Composto IAC-27”. *Scientia Agrícola*, v. 56, p. 491-498.
- Mojena, R. (1977) Hierárquical grouping method and stopping rules: an evaluation. *Computer Journal*, v. 110.20, p.359-363.
- Monteiro-Hara, A.C.B.A., Jadão, A.S., Mendes, B.M.J., Rezende, J.A.M., Trevisan, F., Mello, A.P.O.A., Vieira, M.I.C., Meletti, I.M.M., Piedade, S.M. de S. (2011) Genetic transformation of passionflower and evaluation of R<sub>1</sub> and R<sub>2</sub> generation for resistance to *Cowpea aphid borne mosaic virus*. *Plant Disease*, v. 95, p. 1021-1025.
- Mulamba, N. N.; Mock, J. J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, v. 7, p. 40–51.
- Nascimento, A.V.S., Santana, E.N., Braz, A.S.K., Alfenas, P.F., Pio-Ribeiro, G., Andrade, G.P., Carvalho, M.G., Zerbini, F.M. (2006) *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) is widespread in passionfruit in Brazil and causes passion-fruit woodiness disease. *Archives of Virology*, v. 151, p. 1797-1809.
- Nascimento, A.V.S., Souza, A.R.R., Alfenas, P.S., Andrade, G.P., Carvalho, M.G., Pio-Ribeiro, G., Zerbini, F.M. (2004) Análise filogenética de potyvírus causando endurecimento dos frutos do maracujazeiro no Nordeste do Brasil. *Fitopatologia Brasileira*, v. 29(4), p. 378-383.
- Negreiros, J..R. da S., Alexandre, R. S., Álvares, V. de S., Bruckner, C. H., Cruz, C. D. (2008) Divergência genética entre progênes de maracujazeiro- amarelo com base em características das plântulas. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 30(1), p. 197-201.

- Negreiros, J.R. da S., Álvares, V. de S., Bruckner, C.H., Morgado, M.A.D., Cruz, C.D. (2007) Relação entre características físicas e o rendimento de polpa de maracujá-amarelo. *Rev Bras Frutic*, v. 29, p. 546-549.
- Neves, L. G.; Bruckner, C. H.; Cruz, C. D.; Viana, A. P.; Barelli, M. A. A. (2011) Gain prediction with different selection index for yellow passion fruit characterization. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 33, n. 4, p. 1322-1330.
- Neves, L.G., Bruckner, C.H., Cruz, C.D., Duarte, L P., Krause, W. (2011) Predição de ganhos genéticos utilizando o Delineamento I em população de maracujazeiro. *Revista Ciência Agronômica*, v. 42, p. 495-501.
- Nogueira, A. P. O.; Sedyama, T.; Sousa, L. B.; Hamawaki, O. T.; Cruz, C. D.; Pereira, D. G.; Matsuo, E. (2012) Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. *Bioscience Journal*, v. 28, n. 6, p. 877-888.
- Oliveira EJ, Soares TL, Barbosa CJ, Santos-Filho HP, et al. (2013) Severidade de doenças em maracujazeiro para identificação de fontes de resistência em condições de campo. *Rev. Bras. Frutic.*, v 35(2), p. 485-492. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452013000200018>
- Oliveira, J. da S., Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Viana, M.L. (2017) Genetic and morphoagronomic diversity of *Passiflora* spp. based on quantitative measurements of flowers and fruits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 39(1), e-003. <https://dx.doi.org/10.1590/0100-29452017003>
- Oliveira, J.C., Ruggiero, C. (1998) Aspectos sobre o melhoramento do maracujazeiro-amarelo. *Anais do Simpósio Brasileiro Sobre a Cultura do Maracujazeiro*, 5. Jaboticabal: FUNEP, p.291-310.
- Oliveira, R. A., Daros, E., Bessalho Filho, J. C., Zambon, J. L. C., Ido, O. T., Weber, H., Resende, M. D.V., Neto, H. Z. (2008). Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. *Scientia agraria*, v. 9(3), p. 269-274.
- Paiva, C. L.; Viana, A. P.; Santos, E. A.; Freitas, J. C. O.; Silva, R. N. O.; Oliveira, E. J. (2014a) Genetic variability assessment in the genus *Passiflora* by SSR markers. *Chilean Journal of Agricultural Research*, v. 74, p. 355-360.

- Paiva, C.L., Viana, A.P., Santos, E.A.; Silva, R.N.O., Oliveira, E.J. de. (2014b) Diversidade genética de espécies do gênero *Passiflora* com o uso da estratégia WARD-MLM. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 36(2), p. 381 - 390.
- Pinto, P. H. T.; Peixoto, J. R.; Junqueira, N. T. V.; Resende, R. O.; Mattos, J. K. A.; Melo, B. (2008) Reação de genótipo de maracujazeiro-azedo ao vírus do endurecimento do fruto (*Cowpea aphid-borne mosaic vírus CABMV*) *Biosci. J.*, v. 24 (2), p. 19-26.
- Pio-Ribeiro, G., Mariano, R.L.R.D. (1997) 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.
- Preisigke, S.C., Viana, A.P., Santos, E.A., Santos, P.R., Ambrósio, M., Santos, V. O. dos, Silva, F.A. da. (2020a). Individual selection of the first backcross generation of passion fruit potentially resistant to the fruit woodiness disease. *An Acad Bras Cienc.* v. 92(Suppl.1), p. e20180797. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202020180797>
- Preisigke, S.C., Viana, A.P., Santos, E.A., Santos, P.R., Ambrósio, M., Santos, V. O. dos, Silva, F.A. da., Walter, F.H. de B. (2020b). Selection strategies in a segregating passion fruit population aided by classic and molecular techniques. *Bragantia*, v. 79(1), p. 47-61. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20190291>
- R Core Team. (2018) R: A Language and Environment for Statistical Computing. Viena, Austria, ISBN 3-900051-07-0: R Foundation for Statistical Computing.
- Ramalho MAP, Santos JB, Abreu AFB, Nunes JAR (2012a). Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas. Universidade Federal de Lavras, Lavras, 522p.
- Ramalho MAP, Santos JB, Pinto CABP (2012b) Genética na Agropecuária. Universidade Federal de Lavras, Lavras, 565p.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Silva, F.F. da., Viana, A.P., Ferregueti, G.A. (2011) Seasonal and genetic influences on sex expression in a backcrossed segregating papaya population. *Crop Breed Appl Biotechnol*, v. 11, p. 97-105

- Resende, M.D.V. de (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breed. Appl. Biotechnol*, v. 16(4), p. 330-339. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>
- Resende, M. D. V.; Silva, F. F.; Azevedo, C. F. (2014) Estatística matemática, biométrica e computacional: Modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. Viçosa: Suprema, 881 p.
- Resende, M.D.V., Furlani-Júnior, E., Moraes, M.LT., Fazuoli, L.C. (2001) Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. *Bragantia*, v. 60(3), p. 185-193.
- Rezende, J.A.M. (2006) Práticas culturais para prevenção e convivência com as viroses do maracujazeiro. In: Sampaio, A.C., Fumis, T.F., Rossi, A.D., Almeida, A.M., Garcia, M.J.M. (Eds.). Manejo no controle do vírus do endurecimento dos frutos (PWV) do maracujazeiro. Jaboticabal: Multipress, p.47-58.
- Ribeiro RM, Viana AP, Santos EA, Rodrigues DL, et al. (2019) Breeding passion fruit populations - review and perspectives. *Functional Plant Breeding Journal*, v. 1(1), p. 1-14. <https://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v1n1a2>
- Rodrigues, D.L., Viana, A.P., Vieira, H.D., Santos, E.A, Silva, F.H. de L., Santos, C.L. (2017) Contribution of production and seed variables to the genetic divergence in passion fruit under different nutrient availabilities. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 52(8), p. 607-614. <https://doi.org/10.1590/s0100-204x2017000800006>
- Rosado, L. D. S., Santos, C. E. M. D., Bruckner, C. H., Nunes, E. S., Cruz, C. D. (2012) Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. *Revista Ceres*, v. 59, n. 1, p. 95-101.
- Rosado, R.D.S., Rosado, L.D.S., Cremasco, J.P.G., Santos, C.E.M. dos, Dias, D.C.F. dos S., Cruz, C.D. (2017) Genetic divergence between passion fruit hybrids and reciprocals based on seedling emergence and vigor. *Journal of*



- Seed Science*, v. 39(4), p. 417-425. <https://dx.doi.org/10.1590/2317-1545v39n4183293>
- Sabião, R.R., Silva, A.C.C., Martins, A.B.G., Cardoso, E.R. (2011) Enraizamento de estacas de *Passiflora nitida* submetidas a diferentes concentrações de ácido indolbutírico (AIB). *Rev. Bras. Frutic.*, v. 33 (spe1), p. 654-657. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452011000500091>
- Sampaio, A.C.; Fumis, T. de F.; Almeida, A.M. de; Pinotti, R.N.; Garcia, M.J. de M.; Pallamin, M.L. (2008) Manejo cultural do maracujazeiro-amarelo em ciclo anual visando à convivência com o vírus do endurecimento dos frutos: um estudo de caso. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.30, p.343-347
- Santos, E.A., Viana, A.P., Barros, W.F.H. de, Freitas, J.C. de O, Ramos, H.C.C., Boechat, M.S.B. (2019a) First report of a genetic map and evidence of QTL for resistance to CABMV in a segregating population of *Passiflora*. *Eur. J. Plant. Pathol.* v. 155, p. 903-915. <https://doi.org/10.1007/s10658-019-01822-y>
- Santos, E.A., Viana, A.P., Freitas, J.C. de O., Souza, M.M., Paiva, C.L., Rodrigues, D.L., Tavares, R.F. (2014). Phenotyping of *Passiflora edulis*, *P. setacea*, and their hybrids by a multivariate approach. *Genet. Mol. Res.* 13: 9828-9845. <http://dx.doi.org/10.4238/2014.November.27.10>
- Santos, E.A., Viana, A.P., Freitas, J.C.O., Rodrigues, D.L., Tavares, R.F., Paiva, C.L., Souza, M.M. (2015a) Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. *Euphytica*. 204: 1-11. <https://doi.org/10.1007/s10681-015-1367-6>
- Santos, C.L., Viana, A.P., Freitas, M.S.M. de, Carvalho, A.J.C. de, Rodrigues, D.L. (2017) Relationship between yield and fruit quality of passion fruit c03 progenies under different nutritional levels. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 39(2), p. e-691. <https://dx.doi.org/10.1590/0100-29452017691>
- Santos, E.A., Viana, A.P., Freitas, J.C.O., Silva, F.H.L., Rodrigues, R., Eiras, M. (2015b). Resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in species and hybrids of *Passiflora*: advances for the control of the passion fruit woodiness disease in Brazil. *European Journal of Plant Pathology*, 2:1-14.

- Santos, V.O. dos, Viana, A.P., Preisigke, S. da C, Santos, E.A. (2019b). Backcrosses in a segregating population of *Passiflora* mediated by morphoagronomic and resistance traits. *Bragantia*, v. 78(4), p. 542-552. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20180470>
- Sebbenn, A. M.; Freitas, M. L. M.; Morais, E.; Zanatto, A. C. S. (2005) Variação genética em procedências e progênes de *Pinus patula* ssp. *tecunumanii* no noroeste do Estado de São Paulo. *Revista Instituto Florestal*, v. 17, n. 1, p. 1-15.
- SEBRAE. (2015) Agronegócio: Fruticultura. Boletim de inteligência. SEBRAE: Brasília. Disponível em: <<http://http://www.sebraemercados.com.br/wp-content/uploads/2015/11/Panorama-do-mercado-de-fruticultura-no-Brasil.pdf>>.
- Severino, L. S.; Sakiyama, N. S.; Pereira, A. A.; Miranda, G. V.; Zambolim, L.; Barros, U. V. (2002) Associações da produtividade com outras características agronômicas de café (*Coffea arabica* L. "Catimor"). *Acta Scientiarum Agronomy*, v. 24, n. 5, p. 1467-1471.
- Silva, F.H.L., Viana, A.P., Santos, E.A., Freitas, J.C.O., Rodrigues, D.L., Amaral Junior, A.T. do A. (2017) Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. *Acta Scientiarum Agronomy* v. 39(2), p. 183-190. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v39i2.32554>
- Silva, M.G.M., Viana, A.P., Gonçalves, G.M., Amaral Junior, A.T., Pereira, M.P. (2009) Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: Alternativa de capitalização de ganhos genéticos. *Ciênc. Agrotec.* v. 33, p. 170-176. <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542009000100024>
- Silva, M.G.M., Viana, A.P., Gonçalves, G.M., Amaral Junior, A.T.do., Pereira, M.G. 2009. Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: alternativa de capitalização de ganhos genéticos. *Ciência e Agrotecnologia*, v. 33(1), p. 170-176.

- Silveira, G.F. da, Rossi, A.A.B, Oliviera, U.A. de, Varela, T.L., Rossi, F.S., Cavallari, A.A., Galvanin, E.A. dos S. (2019) Análise biométrica de frutos e sementes de *Passiflora cristalina* Vanderplank & Zappi. *Nativa*, v. 7, n. 2, p. 138-144.
- Smith, H. F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, v. 7, p. 240-250.
- Sokal, R.R.; Rohlf, F.J. (1962). The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, v. 11, p. 33-40
- Sousa, L. B de., Hamawaki, O. T., Sanots Junior, C. D., Oliveira, V.M., Nogueira, A.P.O., Mundim, F. de M., Hamawaki, R. L., Hamawaki, C. D.L. (2015) Correlation between yield components in F6 soybean progenies derive d from seven biparental crosses. *Bioscience Journal*, v. 31, n. 6.
- Souza, V.C.; Lorenzi, H. (2008) Botânica Sistemática: guia ilustrado para identificação das famílias de fanerógamas nativas e exóticas no Brasil, baseado em APG II. 2º Ed. Nova Odessa, SP: Instituto Plantarum.
- Stangarlin, O.S., Mello, A.P.O.A., Rezende, J.A.M., Vieira, C.R.Y.I., Oliveira, I. (2011) Ocorrência do vírus do endurecimento dos frutos do maracujazeiro no Mato Grosso do Sul. Anais do XXXIV Congresso Paulista de Fitopatologia, Campinas. Summa Phytopathologica. Botucatu: Associação Paulista de Fitopatologia, v.37.
- Torres, G.X., Viana, A.P., Vieira, H.D., Rodrigues, D.L., Santos, V.O. dos. (2019). Contribution of seed traits to the genetic diversity of a segregating population of *Passiflora* spp. *Chilean journal of agricultural research*, v. 79(2), p. 288-295. <https://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392019000200288>.
- Ulmer, T.; Macdougall, J.M. (2004) *Passiflora*: passion flowers of the world. Portland: Timber Press, 430 p.
- Valois, A.C.C., Nass, L.L., Goes, M. In: Nass, L.L., Melo, I.S., Valadres-Inglis, M.C.(ed.) (2001) Recursos genéticos e melhoramento Plantas. Rondonópolis: Fundação MT, p.123-149.

- Van Regenmortel, M.H.V., Fauquet, C.M., Bishop, D.H.L., Carstens, E., Estes, M.K., Lemon, S., Maniloff, J., Mayo, J.A., McGeoch, D.J., Pringle, C.R. e Wickner, R. (Eds.) (2000) Virus taxonomy. Classification and nomenclature of viruses. Seventh report of the International Committee on the Taxonomy of Viruses. New York: Academic Press.
- Vanderplank, J. (2000) Passion flowers, 3.ed. Cambridge: The MIT Press, 224p.
- Vasconcelos, E.S., Ferreira, R.P., Cruz, C.D., Moreira, A., Rassini, J.B., Freitas, A.R. 2010. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. *Revista Ceres*, v. 57, p. 205-210.
- Viana AP, Silva FHL, Gonçalves GM, Silva MGM, et al. (2016) UENF Rio Dourado: a new passion fruit cultivar with high yield potential. *Crop Breed. Appl. Biotechnol*, v. 16(3), p. 250-253. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n3c38>
- Viana CA dos S, Pires M de C, Peixoto JR, Junqueira NTV, et al. (2014) Partial resistance of passionfruit genotypes to the virose of the woodiness of the fruit (*Cowpea aphid-borne mosaic virus* - CABMV). *Bioscience Journal*, v. 30(suplem), p. 338-345.
- Viana, A.P., F.H.L. Silva, L.S. Glória, R.M. Ribeiro, W. Krause, M.S.B. Boechat. (2017) Implementing genomic selection in sour passion fruit population. *Euphytica*, v. 213: 228. doi: 10.1007/s10681-017-2020-3,
- Viana, A.P., Resende, M.D.V., (2014) Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras. 1. ed. Editora Interciência, Rio de Janeiro.
- Viana, A.P., T.N.S. Pereira, M.G. Pereira, M.M. Souza, J.F.M. Maldonado, Amaral, A.T.Jr. (2003) Diversidade genética entre genótipos comerciais de maracujazeiro-amarelo (*P. edulis f. flavicarpa*) e entre espécies de Passifloras nativas determinada por marcadores RAPD *Rev. Bras. Frutic.*, v. 25, p. 489 - 493. doi: 10.1590/S0100-29452003000300032
- Vianna, V.F., Unêda-Trevisoli, S.H., Desidério, J.A., Santiago, S., Charnai, K., Ferreira Júnior, J.A., Ferraudo, A.S., Mauro, A.O. (2013) The multivariate

approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes.  
*African Journal of Agricultural Research*, v. 8, p. 4162-4169.

Yuki, V.A., Mizote, F.A., Narita, N., Hojo, H., Hojo, H., Delfino, M.A., Oliveira, D.A.  
(2006) Epidemiologia do vírus do endurecimento dos frutos do maracujazeiro  
na região produtora da Alta Paulista, SP. *Summa Phytopathologica*, 32: 19.

## APÉNDICE

**Tabela suplementar 1.** Valores fenotípicos e novos valores preditos estimados dos 48 melhores genótipos provenientes da segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro para a resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic vírus* baseado na área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPD), para produção (kg), número de fruto, produtividade (t) e massa de fruto (g) via índice de seleção por Mulamba e Mock adaptado por Viana et al. (2014).

Genótipos	AACPD		Produção (kg)		Número de fruto		Produtividade (t)		Massa de fruto (g)	
	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor
<b>323</b>	637,5	630,90	11,48	15,46	112	150,25	16,40	22,08	124,97	164,43
<b>583</b>	641,25	634,65	17,16	21,14	110	148,25	24,50	30,19	260,72	300,18
<b>156</b>	652,5	645,90	9,05	13,04	92	130,25	12,93	18,61	133,41	172,87
<b>378</b>	667,5	660,90	3,59	7,57	45	83,25	5,13	10,81	137,97	177,43
<b>332</b>	682,5	675,90	7,86	11,84	106	144,25	11,22	16,91	128,01	167,47
<b>571</b>	682,5	675,90	7,46	11,45	79	117,25	10,66	16,34	118,11	157,57
<b>632</b>	690	683,40	12,33	16,31	205	243,25	17,61	23,29	117,09	156,54
<b>483</b>	697,5	690,90	7,41	11,39	68	106,25	10,58	16,27	207,89	247,35
<b>443</b>	701,25	694,65	4,53	8,51	67	105,25	6,47	12,15	96,77	136,23
<b>495</b>	701,25	694,65	6,26	10,24	72	110,25	8,94	14,63	144,19	183,64
<b>277</b>	705	698,40	6,28	10,26	76	114,25	8,97	14,65	127,32	166,78
<b>626</b>	705	698,40	5,29	9,27	73	111,25	7,56	13,24	101,16	140,61
<b>545</b>	708,75	702,15	9,67	13,65	89	127,25	13,80	19,49	187,02	226,47
<b>159</b>	716,25	709,65	7,28	11,27	84	122,25	10,40	16,09	131,49	170,95
<b>260</b>	720	713,40	2,39	6,37	34	72,25	3,42	9,10	185,41	224,86
<b>322</b>	720	713,40	7,66	11,64	97	135,25	10,94	16,63	155,14	194,60
<b>388</b>	720	713,40	5,75	9,73	47	85,25	8,20	13,89	216,69	256,15
<b>283</b>	723,75	717,15	4,72	8,70	54	92,25	6,74	12,42	103,69	143,15

Tabela suplementar 1 – Cont.

Genótipos	AACPD		Produção (kg)		Número de fruto		Produtividade (t)		Massa de fruto (g)	
	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor
<b>643</b>	723,75	717,15	6,76	10,74	89	127,25	9,65	15,34	114,81	154,27
<b>150</b>	727,5	720,90	5,47	9,46	86	124,25	7,82	13,50	117,83	157,29
<b>564</b>	727,5	720,90	7,11	11,09	87	125,25	10,15	15,84	105,01	144,47
<b>693</b>	727,5	720,90	8,36	12,34	82	120,25	11,93	17,62	110,50	149,96
<b>157</b>	731,25	724,65	17,62	21,61	177	215,25	25,17	30,85	132,28	171,73
<b>441</b>	731,25	724,65	8,84	12,82	73	111,25	12,62	18,30	120,84	160,30
<b>246</b>	735	728,40	13,50	17,48	134	172,25	19,27	24,96	115,17	154,63
<b>556</b>	735	728,40	4,00	7,98	55	93,25	5,71	11,39	135,75	175,21
<b>358</b>	738,75	732,15	5,45	9,43	61	99,25	7,79	13,47	122,18	161,64
<b>154</b>	753,75	747,15	8,95	12,93	104	142,25	12,78	18,46	145,72	185,17
<b>485</b>	753,75	747,15	5,35	9,33	46	84,25	7,64	13,32	144,32	183,77
<b>162</b>	765	758,40	8,53	12,51	92	130,25	12,18	17,87	122,82	162,28
<b>595</b>	765	758,40	8,63	12,61	73	111,25	12,33	18,01	136,13	175,59
<b>438</b>	772,5	765,90	6,41	10,39	51	89,25	9,16	14,84	193,67	233,12
<b>448</b>	780	773,40	7,66	11,64	59	97,25	10,94	16,62	152,25	191,71
<b>446</b>	783,75	777,15	7,74	11,72	78	116,25	11,06	16,74	159,43	198,88
<b>213</b>	791,25	784,65	6,07	10,06	50	88,25	8,67	14,36	220,88	260,34
<b>482</b>	791,25	784,65	9,56	13,54	120	158,25	13,64	19,33	109,63	149,08
<b>357</b>	795	788,40	4,19	8,17	49	87,25	5,98	11,67	127,85	167,31
<b>284</b>	802,5	795,90	3,72	7,70	31	69,25	5,32	11,00	158,57	198,03
<b>500</b>	802,5	795,90	5,01	8,99	74	112,25	7,15	12,84	136,17	175,63
<b>673</b>	810	803,40	6,14	10,13	45	83,25	8,77	14,46	153,21	192,67
<b>328</b>	813,75	807,15	6,99	10,97	65	103,25	9,98	15,66	163,76	203,22
<b>87</b>	821,25	814,65	3,22	7,20	31	69,25	4,60	10,29	136,47	175,92



Tabela suplementar 1 – Cont.

Genótipos	AACPD		Produção (kg)		Número de fruto		Produtividade (t)		Massa de fruto (g)	
	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor
<b>209</b>	825	818,40	7,26	11,24	50	88,25	10,37	16,05	195,69	235,15
<b>692</b>	881,25	874,65	16,62	20,61	146	184,25	23,74	29,43	133,33	172,79
<b>548</b>	930	923,40	14,12	18,10	117	155,25	20,17	25,85	127,57	167,02
<b>678</b>	937,5	930,90	9,52	13,50	83	121,25	13,59	19,28	129,49	168,94
<b>214</b>	952,5	945,90	11,15	15,14	78	116,25	15,93	21,61	218,22	257,68
<b>546</b>	1027,5	1020,90	2,34	6,32	25	63,25	3,35	9,03	192,70	232,16
<b>Nova média</b>	<b>751,84</b>		<b>11,74</b>		<b>117,85</b>		<b>16,77</b>		<b>185,48</b>	
<b>Média Geral</b>	<b>767,5738</b>		<b>3,6015</b>		<b>40,2546</b>		<b>5,1429</b>		<b>103,9233</b>	
<b>Média selecionados</b>	<b>758,4375</b>		<b>7,7602</b>		<b>79,6042</b>		<b>11,0816</b>		<b>146,0277</b>	

**Tabela suplementar 2.** Valores fenotípicos e novos valores preditos estimados dos 48 melhores genótipos provenientes da segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro para massa de polpa (g), rendimento, comprimento (cm), diâmetro (cm), espessura (cm) e Brix<sup>o</sup> via índice de seleção por Mulamba e Mock adaptado por Viana et al. (2014).

Genótipos	Massa de polpa (g)		Rendimento		Comprimento (cm)		Diâmetro (cm)		Espessura (cm)		Brix <sup>o</sup>	
	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor
<b>323</b>	42,56	63,58	33,36	38,01	71,37	78,15	67,66	74,46	5,82	6,22	15,6	16,57
<b>583</b>	109,33	130,36	42,05	46,69	103,14	109,92	83,78	90,58	5,42	5,83	16,0	17,03
<b>156</b>	58,27	79,29	43,49	48,13	69,64	76,43	68,64	75,44	4,82	5,23	17,1	18,13
<b>378</b>	65,07	86,09	44,62	49,26	87,55	94,33	64,68	71,48	4,76	5,16	14,4	15,37
<b>332</b>	52,11	73,14	40,62	45,26	82,24	89,02	69,01	75,81	5,81	6,21	12,4	13,41
<b>571</b>	55,30	76,33	46,36	51,01	87,40	94,19	65,59	72,39	3,40	3,81	18,0	19,05
<b>632</b>	51,44	72,46	44,15	48,79	66,91	73,69	63,45	70,25	5,97	6,37	18,1	19,13
<b>483</b>	85,21	106,23	40,94	45,59	88,36	95,14	77,05	83,85	6,44	6,84	15,8	16,77
<b>443</b>	35,74	56,77	36,67	41,32	88,63	95,42	67,35	74,15	3,92	4,32	15,7	16,73
<b>495</b>	63,92	84,94	41,81	46,46	78,79	85,57	71,72	78,52	6,26	6,67	15,9	16,89
<b>277</b>	62,04	83,06	48,79	53,44	83,08	89,87	67,28	74,08	3,57	3,98	16,9	17,93
<b>626</b>	42,57	63,60	41,24	45,88	76,25	83,03	63,04	69,83	4,48	4,88	15,8	16,81
<b>545</b>	63,70	84,72	32,84	37,49	87,72	94,50	77,42	84,22	6,78	7,18	15,3	16,31
<b>159</b>	55,03	76,06	42,22	46,86	79,30	86,08	66,61	73,41	5,37	5,77	16,1	17,09
<b>260</b>	79,41	100,44	42,43	47,07	88,76	95,55	76,82	83,62	5,36	5,76	14,4	15,36
<b>322</b>	75,53	96,55	48,59	53,24	75,34	82,12	68,21	75,01	6,32	6,72	15,9	16,91
<b>388</b>	95,96	116,99	42,39	47,03	92,59	99,38	73,73	80,53	6,65	7,05	13,7	14,73
<b>283</b>	42,83	63,85	40,52	45,16	77,57	84,36	64,81	71,60	2,99	3,40	16,3	17,31
<b>643</b>	54,52	75,54	50,29	54,93	72,60	79,38	59,80	66,60	4,79	5,19	15,2	16,19
<b>150</b>	59,70	80,73	49,61	54,25	73,51	80,30	66,13	72,93	4,32	4,72	16,8	17,79
<b>564</b>	48,15	69,18	44,53	49,17	70,94	77,73	61,23	68,03	4,29	4,69	18,3	19,35
<b>693</b>	43,69	64,71	39,44	44,08	77,25	84,03	71,32	78,12	4,52	4,92	17,0	18,01

Tabela suplementar 2 – Cont.

Genótipos	Massa de polpa (g)		Rendimento		Comprimento (cm)		Diâmetro (cm)		Espessura (cm)		Brix <sup>o</sup>	
	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor
<b>157</b>	47,83	68,86	33,90	38,55	78,51	85,29	70,31	77,10	5,13	5,53	16,3	17,27
<b>441</b>	46,22	67,25	34,97	39,61	86,26	93,04	66,36	73,15	4,89	5,29	14,3	15,27
<b>246</b>	54,45	75,47	50,51	55,15	70,80	77,59	60,36	67,16	4,90	5,30	14,6	15,61
<b>556</b>	66,92	87,94	51,36	56,00	80,89	87,68	66,62	73,42	4,80	5,21	14,5	15,55
<b>358</b>	60,21	81,24	48,52	53,16	80,82	87,61	63,18	69,98	4,06	4,46	19,1	20,09
<b>154</b>	57,90	78,93	39,86	44,51	86,74	93,52	68,20	75,00	5,00	5,41	15,4	16,37
<b>485</b>	66,72	87,75	45,31	49,95	82,37	89,15	69,58	76,37	4,96	5,37	16,5	17,49
<b>162</b>	54,80	75,83	44,44	49,08	78,10	84,88	66,16	72,96	4,87	5,28	18,3	19,35
<b>595</b>	44,18	65,20	31,85	36,49	88,74	95,52	71,12	77,92	4,47	4,88	13,2	14,21
<b>438</b>	81,52	102,55	42,05	46,69	90,27	97,05	78,69	85,48	5,09	5,49	17,3	18,27
<b>448</b>	54,38	75,40	34,22	38,86	89,82	96,61	75,54	82,33	4,98	5,38	15,3	16,29
<b>446</b>	67,88	88,91	41,45	46,09	91,04	97,82	77,71	84,51	5,87	6,28	14,5	15,55
<b>213</b>	91,01	112,03	42,16	46,81	91,01	97,80	78,03	84,83	6,66	7,07	15,2	16,19
<b>482</b>	45,72	66,75	42,67	47,31	75,90	82,69	66,63	73,43	5,27	5,67	16,5	17,47
<b>357</b>	60,96	81,98	47,41	52,06	79,07	85,85	69,26	76,05	4,33	4,73	17,5	18,47
<b>284</b>	55,58	76,60	34,02	38,66	92,39	99,17	76,22	83,02	4,83	5,24	17,0	18,03
<b>500</b>	69,96	90,98	51,56	56,20	71,43	78,21	66,56	73,36	5,67	6,08	17,5	18,49
<b>673</b>	68,36	89,38	43,38	48,02	88,97	95,75	76,91	83,70	4,40	4,80	13,3	14,33
<b>328</b>	65,78	86,80	39,38	44,02	84,96	91,75	75,63	82,42	6,03	6,44	15,7	16,67
<b>87</b>	63,52	84,54	44,83	49,47	94,49	101,27	75,89	82,69	2,37	2,77	18,5	19,51
<b>209</b>	80,86	101,89	40,77	45,42	89,24	96,02	72,87	79,66	6,60	7,00	16,8	17,85
<b>692</b>	58,66	79,68	43,01	47,66	89,08	95,86	69,88	76,68	3,79	4,20	15,2	16,21
<b>548</b>	65,80	86,83	51,01	55,65	76,91	83,69	68,58	75,38	4,56	4,96	14,3	15,35

Tabela suplementar 2 – Cont.

Genótipos	Massa de polpa (g)		Rendimento		Comprimento (cm)		Diâmetro (cm)		Espessura (cm)		Brix <sup>o</sup>	
	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor	Valor fenotípico	Novo valor
<b>678</b>	53,98	75,01	41,91	46,55	82,00	88,79	67,16	73,95	4,36	4,77	16,3	17,31
<b>214</b>	86,88	107,90	40,47	45,11	84,71	91,49	77,41	84,20	7,80	8,20	11,3	12,27
<b>546</b>	101,79	122,81	54,09	58,73	89,70	96,48	86,23	93,03	3,36	3,76	13,9	14,91
<b>Nova média</b>	<b>83,82</b>		<b>47,39</b>		<b>89,56</b>		<b>77,14</b>		<b>5,43</b>		<b>16,82</b>	
<b>Média Geral</b>	<b>40,69</b>		<b>37,90</b>		<b>75,67</b>		<b>63,05</b>		<b>4,58</b>		<b>14,72</b>	
<b>Média selecionados</b>	<b>62,79</b>		<b>42,75</b>		<b>82,77</b>		<b>70,34</b>		<b>5,02</b>		<b>15,81</b>	