

SELEÇÃO RECORRENTE EM *PASSIFLORA*: NOVA ABORDAGEM
PARA DESENVOLVIMENTO DE CULTIVARES RESISTENTES AO
CABMV E COM BOAS CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS

DÉBORA SOUZA MENDES

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO - 2023

SELEÇÃO RECORRENTE EM *PASSIFLORA*: NOVA ABORDAGEM
PARA DESENVOLVIMENTO DE CULTIVARES RESISTENTES AO
CABMV E COM BOAS CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS

DÉBORA SOUZA MENDES

“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 - 2023

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

M538

Mendes, Débora Souza.

SELEÇÃO RECORRENTE EM *PASSIFLORA* : NOVA ABORDAGEM PARA DESENVOLVIMENTO DE CULTIVARES RESISTENTES AO CABMV E COM BOAS CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS / Débora Souza Mendes. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2023.

132 f.

Bibliografia: 97 - 119.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2023.
Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. maracujazeiro. 2. *Potyvirus*. 3. virose do endurecimento dos frutos. 4. REML/BLUP. 5. índice de seleção. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

SELEÇÃO RECORRENTE EM *PASSIFLORA*: NOVA ABORDAGEM
PARA DESENVOLVIMENTO DE CULTIVARES RESISTENTES AO
CABMV E COM BOAS CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS

DÉBORA SOUZA MENDES

“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 08 de março de 2023

Comissão Examinadora:



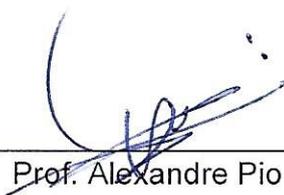
Prof.^a. Rosana Rodrigues (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF



Dr. Natan Ramos Cavalcante (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



Dr. Dario Grattapaglia (Ph.D., Genética) - EMBRAPA



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

“Quanto mais alto estejas,
Mais apto a prestar.
De quanto mais disponhas,
Mais poder de servir.
Quem possui mais cultura,
Pode ensinar melhor.
Não recuses doar,
Do que tenhas ou sejas.
Virtude sem trabalho,
Lembra riqueza morta.
Recorda: Deus te dá,
Para que também dêes.”
(Emmanuel)

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Vilma e João, pelo apoio, amor e ensinamentos ao longo destes anos; ao meu irmão, Herbert, por todo carinho e amor; ao meu noivo, Matheus, por todo apoio, carinho e amor.

Amo vocês!

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por se fazer presente em todos os momentos fáceis ou difíceis da minha vida, pois ao longo dessa jornada pude sentir a sua mão na minha, transmitindo-me segurança necessária para chegar até aqui;

Aos meus pais, em especial à minha mãe, pelo apoio e incentivo, sem os quais o trabalho seria muito mais difícil;

Ao meu irmão Herbert, obrigada pelo incentivo, carinho e apoio de sempre, além das nossas conversas que em alguns momentos me trouxeram paz e calma;

Ao meu noivo Matheus, pela paciência com a qual passamos por isso, pela sempre disponível ajuda, incentivo e apoio, o qual me acalmou em alguns momentos. Você faz parte dessa vitória!

Aos meus familiares, em especial minhas avós, minhas tias (os) e primos, que sempre que possível estiveram ao meu lado, obrigada pelo apoio, carinho e orações, além de todos os que torcem por mim;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, por tornar possível a realização de mais um sonho da minha carreira profissional e por contribuir eficientemente para o meu futuro;

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

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

Ao meu orientador Alexandre Pio Viana, pelos incentivos, ensinamentos, confiança, paciência, aconselhamentos e por estar sempre disponível;

Aos professores Rosana Rodrigues e Antônio Teixeira do Amaral Junior, pela coorientação, apoio e ensinamentos valiosos que levarei por toda a vida;

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, com os quais tive a grata oportunidade de adquirir e compartilhar conhecimentos;

Ao Sr. José Manoel, Marcelo, Eduardo e Durval, por toda a colaboração e incansável ajuda no experimento;

Ao secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, José Daniel Valle de Almeida, pela imensurável paciência e disponibilidade para me auxiliar em tudo o que precisei;

À Eileen e Natan, por também me orientarem na pesquisa e por todo conhecimento passado e pelos aconselhamentos;

Ao Dario Grattapaglia, pelas contribuições no meu trabalho de tese;

Ao Grupo de Pesquisa em Melhoramento de Frutíferas, pela ajuda na execução do experimento, apoio, amizade e momentos de alegria;

Aos amigos que fiz durante essa longa caminhada, pelo apoio, carinho, ajuda na execução do experimento, companheirismo e pelas risadas compartilhadas.

A todos, o meu muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo Geral	4
2.2. Objetivos Específicos.....	4
3. CAPÍTULOS	6
3.1. GANHOS GENÉTICOS EM <i>PASSIFLORA</i> PARA A RESISTÊNCIA AO cowpea aphid-borne mosaic virus USANDO SELEÇÃO RECORRENTE	6
3.1.1. INTRODUÇÃO	6
3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA	9
3.1.2.1. Origem e botânica do Gênero <i>Passiflora</i>	9
3.1.2.2. Importância econômica do Gênero <i>Passiflora</i>	10
3.1.2.3. Virose do endurecimento dos frutos.....	12
3.1.2.4. Melhoramento de maracujazeiro visando à resistência à virose da UENF.....	14
3.1.2.5. Seleção Recorrente no melhoramento de maracujazeiro	17
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1.3.1. Obtenção das progênies	19
3.1.3.2. Instalação e condução do experimento.....	22
3.1.3.3. Confirmação da presença do CABMV.....	23
3.1.3.4. Avaliação de resistência ao CABMV e desempenho agrônomico.....	24
3.1.3.5. Estimativas dos parâmetros genéticos e seleção de indivíduos via metodologia REML/BLUP.....	27
3.1.4. RESULTADO E DISCUSSÃO	28
3.1.4.1. Confirmação da presença do CABMV.....	28
3.1.4.2. Severidade dos sintomas.....	31
3.1.4.3. Componentes de variância e parâmetros genéticos.....	35
3.1.4.4. Seleção de indivíduos e estimativas dos ganhos via BLUP.....	38

3.1.5. CONCLUSÕES	42
3.2. PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS POR MEIO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO EM <i>PASSIFLORA</i> PARA RESISTÊNCIA AO CABMV E BOAS CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS	44
3.2.1. INTRODUÇÃO	44
3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA	46
3.2.2.1.Índice de seleção	46
3.2.2.2.Estudo de variabilidade	47
3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS	49
3.2.3.1.Área experimental e população avaliada	49
3.2.3.2.Instalação e Condução do Experimento.....	49
3.2.3.3.Avaliação de resistência ao CABMV e desempenho agrônômico.....	50
3.2.3.4.Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos.....	52
3.2.3.5.Seleção simultânea de características	54
3.2.3.6.Estudo de variabilidade	57
3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	58
3.2.4.1.Componentes de variância e parâmetros genéticos	58
3.2.4.2.Seleção simultânea de características via índice de seleção.....	62
3.2.4.3.Estudo de variabilidade	73
3.2.5. CONCLUSÕES	76
3.3. SELEÇÃO RECORRENTE GENÔMICA: MAXIMIZAÇÃO DA EFICIÊNCIA DO MELHORAMENTO DE <i>PASSIFLORA</i>	77
3.3.1. INTRODUÇÃO	77
3.3.2. REVISÃO DE LITERATURA	78
3.3.2.1.Seleção genômica.....	78
3.3.2.2.Método RR-BLUP	81
3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS	82
3.3.3.1.População de estudo	82
3.3.3.2.Fenotipagem	83
3.3.3.3.Genotipagem.....	83
3.3.3.4.Análises Estatísticas	84
3.3.3.4.1.Validação Cruzada.....	85
3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	86
3.3.4.1. Predição de valores genéticos genômicos	86
3.3.5. CONCLUSÕES	96
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	97

RESUMO

Souza Mendes, Débora; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; 08 de março de 2023. Seleção recorrente em *Passiflora*: Nova abordagem para desenvolvimento de cultivares resistentes ao CABMV e com boas características agronômicas. Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana. Conselheiros: Prof^a.Rosana Rodrigues e Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

Entre as doenças que ocorrem no maracujazeiro-azedo (*Passiflora edulis* Sims), a virose do endurecimento dos frutos é considerada a doença viral de maior importância econômica na cultura, sendo responsável por grandes perdas na produção em todo mundo. No Brasil, a doença é causada pelo cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). Este estudo teve como objetivo geral implementar a seleção recorrente visando ao desenvolvimento de cultivares de maracujazeiro resistentes ao CABMV e com bom desempenho agrônomico. Os objetivos do primeiro capítulo foram: (1) identificar, por meio de filogenia molecular, dois isolados de *Potyvirus*, associados ao endurecimento dos frutos; (2) estimar parâmetros genéticos e valores genotípicos pelo procedimento REML/BLUP (Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction), para resistência ao CABMV e produção; e (3) selecionar os melhores indivíduos, para avanço de geração no programa de seleção recorrente. No segundo capítulo, foi feita uma seleção simultânea de 10 diferentes características avaliadas pelo índice de seleção. Os objetivos foram: (1) estimar os parâmetros genéticos via metodologia REML/BLUP para resistência e desempenho agrônomico; (2) comparar os ganhos

genéticos preditos para as características de resistência e morfoagronômicas, utilizando cinco métodos de índices de seleção; (3) identificar a metodologia mais eficiente para a seleção de indivíduos superiores; e (4) averiguar a variabilidade genética dos indivíduos selecionados pela melhor metodologia de índice de seleção. No terceiro capítulo, foi conduzido um experimento de seleção genômica em uma amostra da população. O objetivo foi utilizar a seleção genômica para selecionar de forma otimizada os melhores indivíduos. O experimento foi conduzido no município de Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro – Brasil, em delineamento em blocos ao acaso, composto por 90 famílias de irmãos completos, com três repetições e três plantas por parcela. Foram avaliados a área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPD_M), o número de frutos por planta (NF), a produção total de frutos (PROD), o comprimento de fruto (CF), o diâmetro de fruto (DF), a massa média dos frutos (MF), a massa da polpa (MP), a espessura da casca (EC), o teor de sólidos solúveis (SS) e o rendimento de polpa (RP). As análises de estimativa dos componentes de variância e a predição dos ganhos genéticos foram feitas via procedimento REML/BLUP. Para a seleção simultânea via índice de seleção, foram utilizados o rank médio de Mulamba e Mock (MM), o índice aditivo (IA), o multiplicativo (IM), o rank médio adaptado de Mulamba e Mock (RM) e o índice de seleção combinada (ISC) para seleção dos indivíduos superiores. Para a seleção genômica, foi utilizada a metodologia de Regressão Aleatória (Random Regression) do tipo BLUP (RR-BLUP). No final das avaliações, todas as plantas apresentavam sintomas da doença, com diferentes níveis de severidade. O índice IA foi o mais consistente na seleção combinada dos indivíduos para as características avaliadas, principalmente para a resistência. As informações geradas sobre os valores genéticos genômicos para as características importantes do maracujazeiro usando a metodologia RR-BLUP podem ser muito úteis para acelerar os ciclos de seleção recorrente genômica no programa de melhoramento do maracujazeiro da UENF.

Palavras-chave: maracujazeiro; *Potyvirus*; virose do endurecimento dos frutos; REML/BLUP; índice de seleção; seleção genômica.

ABSTRACT

Souza Mendes, Débora; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March 8th, 2023. Recurrent selection in *Passiflora*: New approach for developing cultivars resistant to CABMV and with good agronomic traits. Advisor: Prof. Alexandre Pio Viana. Counsellor: Prof. Rosana Rodrigues and Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

Among the diseases that occur in passion fruit (*Passiflora edulis* Sims), the passion fruit woodiness disease is considered the viral disease of greatest economic importance for the crop, responsible for big losses in production worldwide. In Brazil, the disease is caused by the cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). The main goal of this study was to implement recurrent selection, aiming at the development of passion fruit cultivars resistant to CABMV and good agronomic performance. In the first chapter, the objectives were: (1) to identify, through molecular phylogeny, two isolates of *Potyvirus*, associated with fruit hardening in passion fruit; (2) to estimate genetic parameters and genotypic values by the REML/BLUP procedure (Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction), for CABMV resistance and yield; and (3) to select the best genotypes within different full-sib progenies, for generation advancement in the recurrent selection program, based on virus resistance and yield. In the second chapter, the simultaneous selection of 10 different traits evaluated through selection index was carried out. The objectives were: (1) to estimate the genetic

parameters via REML/BLUP for resistance and agronomic performance; (2) to compare the predicted genetic gains for resistance and morphoagronomic traits using five methods of selection indices; (3) to identify the most efficient selection index method for the selection of superior individuals to be submitted to a new cycle of recurrent selection, for the effective increase of favorable alleles in the population; and (4) to verify the captured genetic diversity of the individuals selected by the most efficient selection index method. In the third chapter, genomic selection was performed in a sample of the population to obtain genomic genetic values and evaluate the potential of the approach in passion fruit to optimally select the best individuals in the UENF Improvement Program. The experiment was carried out in the municipality of Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro - Brazil, in a randomized block design composed by 90 full sib families, with three replicates and three plants per plot. Traits measured included: the area under the disease progress curve (AUDPC), number of fruits per plant; total fruit production; fruit length; fruit diameter; average fruit mass; pulp mass; shell thickness; soluble solids content and pulp yield. Estimation of variance components and prediction of genetic gains were performed via REML/BLUP. For simultaneous selection for all traits via selection index, the following methods were evaluated: average rank of Mulamba and Mock (MM); additive index (AI); multiplicative (IM); average rank adapted from Mulamba and Mock (RM); and combined selection index (CSI). Genomic selection was performed using Random Regression BLUP (RR-BLUP). At the end of the evaluations, all plants showed symptoms of the disease, with different levels of severity. The AI index was the most efficient for the combined selection of individuals for the evaluated traits, mainly for resistance. The information on genomic genetic values for the evaluated traits using RR-BLUP could be useful to accelerate the recurrent breeding cycles of UENF's passion fruit program.

Keyword: Passion fruit; *Potyvirus*; Passion fruit woodiness disease; REML/BLUP; Selection index; Genomic selection.

1. INTRODUÇÃO

O maracujazeiro (*Passiflora spp.*) tem grande importância socioeconômica e tem ocupado um lugar de destaque na fruticultura, principalmente a espécie *Passiflora edulis* Sims (maracujazeiro-azedo), que é amplamente estudada e cultivada para consumo *in natura* e produção de sucos em quase todas as regiões tropicais, incluindo América do Sul, Austrália, Ásia e África (Cerqueira-Silva et al., 2014a; Santos-Jiménez et al., 2022).

A produção mundial de maracujá é estimada em 852 mil toneladas, o Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de maracujá (Ramyashree et al., 2019), sendo cultivado comercialmente no país há mais de 40 anos (Cerqueira-Silva et al., 2018). No ano de 2021, a produção média atingiu 683.993 toneladas em uma área de 44.827 ha, com rendimento médio de 15.259 kg/ha⁻¹ (IBGE, 2022). Entretanto, o rendimento é considerado baixo, em parte pela ocorrência de doenças que limitam o desenvolvimento da cultura, como a incidência do vírus do endurecimento dos frutos (Preisigke et al., 2020a; Costa et al., 2020; Gonçalves et al., 2021a).

O complexo viral responsável por infectar as plantas de maracujazeiro pertence ao gênero *Potyvirus*, família *Potyviridae*. No Brasil, a virose é causada pelo cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). Em decorrência da inexistência de cultivares resistentes ao CABMV e da ineficiência no controle da doença e do seu vetor, o lançamento de cultivares resistentes e adaptadas é a estratégia potencialmente mais eficiente (Mendes et al., 2022).

Em razão da importância da cultura e dos danos causados pelo CABMV, os programas de melhoramento visam a obter cultivares mais produtivas, adaptadas e resistentes. Mesmo com o empenho de pesquisadores em programas de melhoramento genético da cultura, ainda não existem cultivares comerciais resistentes ao CABMV. A seleção recorrente tem se mostrado um método promissor e eficiente na seleção de indivíduos de maracujazeiro com características agronômicas desejáveis (Viana et al., 2016a; Cavalcante et al., 2018; Cavalcante et al., 2019). Esse método foi proposto por Hull (1945) e visa a aumentar gradualmente a frequência de alelos favoráveis para características quantitativas, através de ciclos repetidos de seleção e recombinação, sem que ocorra perda significativa da variabilidade genética existente na população.

No melhoramento convencional, as estimativas dos parâmetros genéticos e o ganho genético são fundamentais, pois permitem fazer inferência sobre o controle genético das diferentes características e obter conhecimentos sobre a estrutura genética da população e do potencial genético. O procedimento cada vez mais recomendado e que melhor se aplica ao estudo de espécies perenes e semiperenes, principalmente em frutíferas, é a máxima verossimilhança restrita (REML, *Restricted Maximum Likelihood*) e a melhor predição linear não viesada (BLUP-*Best Linear Unbiased Prediction*) pela metodologia dos Modelos Mistos (REML/BLUP) (Resende, 2002; Viana e Resende, 2014; Nogueira et al., 2022).

O procedimento REML/BLUP lida naturalmente com o desbalanceamento, levando a estimações e predições mais precisas de parâmetros e valores genéticos, respectivamente (Resende, 2007). A metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP) é aquela que contém efeitos fixos e aleatórios no mesmo modelo, independentemente da média geral e do erro experimental, sendo possível obter estimativas para os efeitos fixos e predições para os efeitos aleatórios em conjunto (Resende, 2002; 2007).

Diversas pesquisas de melhoramento do maracujazeiro têm feito seleção dos indivíduos superiores com base em várias características de interesse pelo uso de índices de seleção (Santos et al., 2017; Cavalcante et al., 2018), com resultados satisfatórios e eficientes na seleção (Silva et al., 2017; Cavalcante et al., 2018; Dalbosco et al., 2018; Cordeiro et al., 2019; Dalbosco et al., 2019). É importante ressaltar que o uso da seleção simultânea maximiza as chances de sucesso em programas de melhoramento (Cruz et al., 2012), assim como a

quantificação da variabilidade genética existente na população, com contribuições efetivas na identificação de indivíduos para serem utilizados em programas de melhoramento genético.

É fundamental aplicar estratégias eficientes em programas de seleção recorrente para ser possível obter maiores níveis de ganho genético ao longo dos ciclos de seleção. E os métodos para predição de valores genéticos contribuem significativamente para aumentar a eficiência na seleção de indivíduos superiores (Yu et al., 2022). A seleção genômica (GS) é uma ferramenta que se destaca por potencialmente permitir a seleção precoce, impactando diretamente no aumento do ganho genético por unidade de tempo do programa. Isso é especialmente interessante em se tratando de espécies perenes e semiperenes, que demandam tempo mais longo para completar um ciclo de seleção e recombinação.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral

Implementar a seleção recorrente visando ao desenvolvimento de cultivares de maracujazeiro resistentes ao CABMV e com boas características agronômicas.

2.2. Objetivos Específicos

- ✓ Identificar, por meio de filogenia molecular e RT-PCR (*Reverse Transcription – Polymerase Chain Reaction*), isolados de *Potyvirus*, associados ao endurecimento dos frutos no maracujazeiro;
- ✓ Avaliar o desempenho da população quanto à resistência ao CABMV;
- ✓ Fenotipar a população com base na produção e qualidade de fruto;
- ✓ Estimar parâmetros genéticos e valores genotípicos pelo procedimento REML/BLUP para resistência ao CABMV, produção e qualidade de fruto;
- ✓ Selecionar os melhores indivíduos dentro de diferentes progênies de irmãos completos para avanço de geração no programa de seleção recorrente, com base na resistência ao vírus e desempenho agronômico;
- ✓ Comparar os ganhos genéticos preditos para as características de resistência e agronômicas, utilizando cinco métodos de índices de seleção;
- ✓ Verificar a variabilidade genética e realizar o agrupamento dos indivíduos selecionados pelo melhor método de índice de seleção; e

✓ Avaliar o desempenho da abordagem de Seleção Genômica na cultura do maracujazeiro para a seleção precoce de indivíduos superiores no Programa de Melhoramento da UENF.

3. CAPÍTULOS

3.1. GANHOS GENÉTICOS EM *PASSIFLORA* PARA A RESISTÊNCIA AO cowpea aphid-borne mosaic virus USANDO SELEÇÃO RECORRENTE

3.1.1. INTRODUÇÃO

O maracujazeiro é uma planta de clima tropical e subtropical, da família das passifloráceas. O maior e mais importante gênero dessa família é o *Passiflora*, ao qual pertence o maracujazeiro (*Passiflora* spp.). A espécie *Passiflora edulis* Sims (maracujazeiro-azedo) é a mais cultivada e estudada em todo o mundo. No Brasil, são conhecidas aproximadamente 157 espécies de *Passiflora* (Bernacci et al., 2022) e o país é um dos principais centros de diversidade genética (Cerqueira-Silva et al., 2014a).

O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial, com produção média de 683.993 toneladas em uma área de 44.827 ha, que atingiu, em 2021, rendimento médio de 15.259 kg/ha (IBGE, 2022). Entretanto, a cultura no país apresenta baixa produção, em razão, principalmente, da falta de cultivares produtivas resistentes aos patógenos e adaptadas às regiões de cultivo (Cerqueira-Silva et al., 2014b; Cavalcante et al., 2017).

Os principais responsáveis pela diminuição das áreas de plantio, perdas na produção e qualidade dos frutos do maracujazeiro são os problemas fitossanitários (Sacoman et al., 2018), relacionados principalmente aos fitopatógenos, o que causa uma oscilação na área colhida da cultura (Cavalcante et al., 2019). Entre eles, destaca-se a virose do endurecimento dos frutos (VEF), considerada a doença viral mais importante do maracujazeiro-azedo (Moritz et al., 2022; Mukoye et al., 2022). No Brasil, a doença é causada pelo cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV), que pertence ao gênero *Potyvirus*, família *Potyviridae* (Gibbs e Ohshima, 2010; Rodrigues et al., 2015). O vírus é transmitido naturalmente por diversas espécies de afídeos, de modo não persistente, ou seja, tanto a aquisição quanto a inoculação do vírus pelo inseto são rápidas, em questão de segundos, durante as picadas de prova (Santos-Jiménez et al., 2022). O CABMV também é facilmente transmitido por enxertia e inoculação mecânica (Fischer e Rezende, 2008; Gibbs e Ohshima, 2010).

O maracujazeiro-azedo é altamente suscetível ao CABMV (Sacoman et al., 2018). Com relação aos sintomas da virose, observa-se uma significativa redução da área foliar da planta, além de mosaico, acompanhado, em alguns casos, de enrugamento, deformações e bolhas no limbo foliar e redução de crescimento da planta. Nos frutos, o CABMV induz espessamento e endurecimento do pericarpo, além da redução do tamanho e do rendimento de polpa (Cerqueira-Silva et al., 2014a; Sacoman et al., 2018). Como a produção do maracujazeiro está diretamente relacionada ao enfolhamento da planta, os efeitos são nítidos, afetando drasticamente o rendimento e a longevidade dos pomares, inviabilizando o cultivo do maracujazeiro em todo mundo (Gonçalves et al., 2021b; Santos-Jiménez et al., 2022).

Devido à ineficiência dos métodos de manejo e controle para essa doença (Rodrigues et al., 2016; Spadotti et al., 2019; Preisigke et al., 2021), os programas de melhoramento genético dessa cultura visam ao desenvolvimento de cultivares resistentes ao CABMV, uma alternativa eficiente, uma vez que não existe qualquer cultivar de maracujazeiro-azedo resistente que tenha sido registrada até o momento (Santos et al., 2015a; Gonçalves et al., 2021b).

A equipe de pesquisa da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem somando contribuições importantes para o progresso genético da cultura, por meio de pesquisas que visam à obtenção de cultivares resistentes ao CABMV e com bom desempenho agrônomico. O programa teve início com a obtenção de híbridos interespecíficos (H_1), oriundos do cruzamento entre *Passiflora edulis* e *Passiflora setacea* e, desde então, é conduzido por diferentes vertentes, de retrocruzamentos com a primeira, segunda e terceira geração (RC_1 , RC_2 e RC_3) e recombinação entre os indivíduos da geração RC_1 . Os esquemas de retrocruzamentos têm sido eficientes em gerar novas populações segregantes, assim como selecionar indivíduos resistentes, entretanto tem sido observada dificuldade de piramidação de alelos favoráveis para características agrônomicas, principalmente de rendimento. Estudos preliminares relatam que a herança da resistência é poligênica (Freitas et al., 2015; Santos et al., 2019), sendo indicado o uso de métodos populacionais, como a seleção recorrente, por permitir aumento gradual da frequência de alelos favoráveis ao longo de ciclos sucessivos de seleção e recombinação dos indivíduos superiores, sem reduzir a variabilidade genética da população (Freitas et al., 2012; Borém et al., 2021). Neste caso, o programa de retrocruzamento foi fundamental na preparação da população para início da seleção recorrente. E resultados recentes do próprio grupo de pesquisa da UENF indicam que a avaliação de famílias proporcionará maiores ganhos genéticos para a resistência ao CABMV, o que comprova a importância da seleção recorrente como método de obtenção de novas cultivares (Vidal et al., 2021; Gonçalves et al., 2021b).

Nesse cenário, o objetivo geral deste estudo foi implementar a seleção recorrente visando ao desenvolvimento de cultivares de maracujazeiro resistentes ao CABMV e com bom desempenho agrônomico. Como objetivos específicos: (1) identificar, por meio de filogenia molecular, dois isolados de *Potyvirus*, associados ao endurecimento dos frutos no maracujazeiro; (2) estimar parâmetros genéticos e valores genotípicos pelo procedimento REML/BLUP para resistência ao CABMV e produção; e (3) selecionar os melhores indivíduos dentro de diferentes progênies de irmãos completos para avanço de geração no programa de seleção recorrente, com base na resistência ao vírus e produção.

3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.1.2.1. Origem e botânica do Gênero *Passiflora*

O gênero *Passiflora*, pertencente à família Passifloraceae, compreende em torno de 400 espécies (Silva et al., 2022). Esse gênero tem o maior número de espécies descritas dentro desta família, com, aproximadamente, 75% da diversidade (Bernacci et al., 2022; Cerqueira-Silva et al., 2014b).

A maioria das espécies de maracujazeiro tem origem na América Tropical (Jesus e Faleiro, 2016). Aproximadamente 96% das espécies são amplamente distribuídas em regiões tropicais e subtropicais, especialmente na América do Sul (Cerqueira-Silva et al., 2016; Ramaiya et al., 2019). Entretanto, existe também um pequeno número de registros de *Passiflora* spp. na Índia, China, Sudeste da Ásia, Austrália, Ilhas do Pacífico e regiões vizinhas (Cerqueira-Silva et al., 2016; Santos-Jiménez et al., 2022). O Brasil e a Colômbia são os maiores centros de diversidade do gênero *Passiflora* (Bernacci et al., 2022; Ocampo et al., 2010). Aproximadamente 157 espécies ocorrem no Brasil, sendo 87 espécies endêmicas. As áreas com maior diversidade de *Passiflora* do país, em ordem decrescente, são os biomas Mata Atlântica (84 spp.), Amazônia (77 spp.), Cerrado (50 spp.) e Caatinga (28 spp.) (Bernacci et al., 2022). Portanto, o país tem condições privilegiadas de recursos genéticos, uma importante fonte de diversidade genética que pode ser amplamente explorada pelos programas de melhoramento da cultura.

O gênero *Passiflora* compreende plantas classificadas botanicamente, em sua maioria, como trepadeiras herbáceas ou lenhosas, com gavinhas, caule cilíndrico ou quadrangular, glabro ou, às vezes, hirsuto (Costa et al., 2015; Jesus e Faleiro, 2016). As folhas, flores e frutos apresentam formatos, cores e tamanhos variados, dependendo da espécie (Jesus et al., 2017). As flores são hermafroditas, grandes, vistosas e protegidas na base por brácteas foliares, a corola é formada por vários filamentos, uma característica marcante do gênero *Passiflora* (Jesus e Faleiro, 2016). A formação de flores e frutos está diretamente relacionada à luminosidade, já que o florescimento ocorre em dias longos, necessitando de pelo menos 11 horas de luz por dia para florescer, apresentando

redução na emissão de botões florais quando exposta a menores níveis de radiação solar (Pires et al., 2011; Costa et al., 2008).

As principais espécies do gênero são diploides ($2n=18$ cromossomos), alógamas e autoincompatíveis (Martin e Nakasone, 1970), algumas espécies de *Passiflora* silvestres são autocompatíveis (Faleiro et al., 2012). A autoincompatibilidade é uma característica importante da biologia floral, pois determina a alogamia e contribui para o aumento da diversidade genética, uma vez que as espécies de *Passiflora* são plantas de polinização cruzada (Bruckner et al., 2005; Suassuna et al., 2003). Bruckner et al. (1995) estudaram a incompatibilidade do maracujazeiro e concluíram que é do tipo homomórfica esporofítica, de herança monofatorial. Entretanto, estudos conduzidos por Suassuna et al. (2003) em maracujazeiro sugeriram que há um gene de efeito gametofítico associado ao sistema esporofítico.

Dependendo da região, das condições climáticas e da espécie, o início da colheita varia de 6 a 9 meses após o plantio (Lima et al., 2006). O fruto é indeiscente, em forma de baga, que varia de oval a globosa, dependendo da espécie. A parte externa é formada pelo pericarpo, que tem predominantemente coloração amarela, porém existem frutos de coloração verde, amarelo esverdeado, vermelha, rosada, laranja, roxa e laranja-avermelhada. A parte interna apresenta polpa mucilaginosa e sementes numerosas, levemente comprimidas, reticuladas, foveoladas, envoltas por um arilo mucilaginoso (Costa et al., 2015; Jesus et al., 2017).

3.1.2.2. Importância econômica do Gênero *Passiflora*

O cultivo comercial de maracujá é registrado em diferentes regiões tropicais e subtropicais do mundo, incluindo as Américas, África, Ásia e Oceania (Faleiro et al., 2017; Santos-Jiménez et al., 2022). A produção mundial de maracujá é de aproximadamente 852 mil toneladas, sendo o Brasil o maior produtor e consumidor mundial da fruta (Ramaiya et al., 2019), sendo cultivado comercialmente no país há mais de 40 anos (Cerqueira-Silva et al., 2018).

No Brasil, o maracujazeiro-azedo tem maior expressão comercial, com mais de 98% da produção, em decorrência da qualidade de seus frutos e do maior rendimento industrial (Faleiro e Junqueira, 2016; Moreira et al., 2018). Além

do maracujazeiro-azedo, várias outras espécies do gênero *Passiflora* são cultivadas comercialmente no Brasil, Colômbia, Peru, Equador, Austrália, África do Sul, Costa Rica, entre outros países (Faleiro et al., 2017).

A produção média brasileira é de 683.993 toneladas em uma área de 44.827 ha, com um rendimento médio de 15,259 t/ha, no ano de 2021, sendo o Ceará o maior produtor, com área colhida de 7.374 ha, com rendimento médio de 24,043 t/ha, produzindo uma quantidade de 177.291 t, o que corresponde a 25,92% da produção nacional (IBGE, 2022).

No estado do Rio de Janeiro, a cultura do maracujazeiro, no ano 2021, registrou uma produção de 6.632 toneladas em uma área de 424 ha e rendimento médio de 15,532 t/ha. No mesmo ano, a Região Norte Fluminense produziu 1.694 t, correspondendo a 25,54% da produção do estado (IBGE, 2022). De acordo com Sampaio et al. (2008), as variações na produção são decorrentes principalmente da incidência endêmica do vírus do endurecimento dos frutos, que, a partir de 1996, encontra-se disseminado em importantes regiões produtoras.

A exploração comercial das diferentes partes da planta é bastante diversificada, podendo ser utilizadas a polpa, as sementes, a casca, as flores, as folhas e as ramas. O uso múltiplo do maracujá está relacionado à produção de frutos para consumo *in natura* (maracujá-doce), produção de frutos para sucos (maracujá-azedo), produção de flores para ornamentação (maracujá-ornamental), além do seu aproveitamento como planta medicinal, com a produção de matéria-prima com propriedades funcionais e medicinais para indústrias de alimentos, condimentos, cosméticos e farmacêutica (Faleiro et al., 2017).

A cadeia produtiva do maracujá tem um significativo potencial de geração de empregos, com cerca de 4 diretos e 7 a 8 indiretos, nos diversos elos da cadeia produtiva, gerando, aproximadamente, 500 mil empregos no Brasil (Meletti, 2011; Faleiro e Junqueira, 2016). A passicultura é explorada essencialmente em pequenas propriedades (1 ha a 5 ha) por agricultores familiares que a utilizam como fonte contínua de renda (Moreira et al., 2018). A atividade permite a esses produtores um rápido retorno econômico sendo o maracujá um produto de alto valor agregado, o que é de suma importância em se tratando de produtores rurais.

3.1.2.3. Virose do endurecimento dos frutos

No Brasil, os principais responsáveis pela diminuição das áreas de plantio, perdas na produção e qualidade dos frutos do maracujazeiro são os problemas fitossanitários, relacionados principalmente aos fitopatógenos, causando uma oscilação da área colhida da cultura (Sacoman et al., 2018; Vidal et al., 2021). Segundo Spadotti et al. (2019), devido à ocorrência de doenças, o período de vida útil dos pomares brasileiros é reduzido de seis para dois anos.

Entre as doenças que limitam o desenvolvimento da cultura e que não se conhece um controle químico eficiente e/ou econômico destacam-se a virose do endurecimento dos frutos e a fusariose (*Fusarium oxysporum* f.sp. *passiflorae*) (Meletti, 2011; Preisigke et al., 2017; Costa et al., 2018).

A virose do endurecimento dos frutos é a doença viral mais importante do maracujazeiro-azedo (Cerqueira-Silva et al., 2014a; Damatto Junior et al., 2014). O vírus pertence ao gênero *Potyvirus*, família *Potyviridae*, sendo este um dos principais gêneros de vírus que infectam as plantas. O *Potyvirus* tem partículas aquosas do tipo filamento flexível com comprimento de 700–750 nm, genoma contendo uma única molécula de RNA de sentido positivo com, aproximadamente, 10.000 nucleotídeos (Gibbs e Ohshima, 2010).

Pelo menos quatro *Potyvirus* podem causar a doença do endurecimento dos frutos em todo o mundo, o cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV), o passion fruit woodiness virus (PWV), originalmente descrito na Austrália (Damatto Junior et al., 2014), o east asian passiflora virus (EAPV), com ocorrência na Ásia (Iwai et al. 2006), e o ugandan passiflora virus (UPV), relatado na Uganda (Ochwo-Ssemakul et al., 2012). O primeiro registro da virose do endurecimento dos frutos do maracujazeiro foi feito na Austrália, no início do século XX, o qual descreveu o PWV como agente causador dessa doença (Shukla e Ward, 1988; Nascimento et al., 2006). No Brasil, a primeira ocorrência foi registrada no ano de 1978, em campos de cultivo de maracujazeiro no município de Feira de Santana, Bahia (Chagas et al., 1981). No espaço de alguns anos, a doença se espalhou para outros estados (Cerqueira-Silva et al., 2014b). Atualmente, ela pode ser encontrada em todos os campos de produção do país (Narita et al., 2012).

No Brasil, o vírus foi inicialmente caracterizado como pertencente ao complexo do PWV do maracujá, em razão dos testes em microscopia eletrônica, biológicos e sorológicos, disponíveis e realizados na época (Narita et al., 2012). Entretanto, com o avanço das técnicas de diagnóstico, estudos conduzidos a partir da década de 90, baseados na análise da sequência de aminoácidos da proteína capsial de isolados de Potyvirus (Nascimento et al., 2006), mostraram que esse vírus não seria o PWV, mas uma estirpe do CABMV (Narita et al., 2012; Cerqueira-Silva et al., 2014b), indicando-o como o principal senão o único agente etiológico do endurecimento dos frutos em maracujazeiros cultivados em território nacional. No Brasil, até o momento, todos os isolados sequenciados pertencem à espécie CABMV (Iwai et al., 2006; Barros et al., 2011; Rodrigues et al., 2015; Mendes et al., 2022). Segundo Nascimento et al. (2006), todos os isolados caracterizados até o momento no Brasil devem ser classificados como CABMV, e aqueles designados como PWV devem ter sua taxonomia atualizada.

O vírus é transmitido naturalmente por diversas espécies de afídeos (Hemiptera: Aphididae) de forma não circulativa e não persistente durante as picadas de prova, ou seja, tanto a aquisição como a inoculação do vírus pelo inseto são rápidas, em questão de segundos (Dáder et al., 2017; Santos-Jiménez et al., 2022). O CABMV também é facilmente transmitido por enxertia e inoculação mecânica (Gibbs e Ohshima, 2010).

Com relação à sintomatologia da virose, observa-se redução significativamente área foliar da planta, a folha apresenta o mosaico comum, acompanhado, em alguns casos, de enrugamento, deformações e bolhas no limbo foliar e redução de crescimento da planta, já no fruto ocorre redução do seu peso, tamanho e da cavidade polpar, espessura irregular do pericarpo e diminuição da produção de sementes, com conseqüente redução do número, da qualidade e do valor comercial dos frutos (Sacoman et al., 2018; Colariccio et al., 2018) (Figura 1). Como a produção do maracujazeiro está diretamente relacionada ao enfolhamento da planta, os efeitos são nítidos, afetando drasticamente a produtividade e a longevidade dos pomares, inviabilizando o cultivo do maracujazeiro (Nascimento et al., 2004; Cerqueira-Silva et al., 2008).

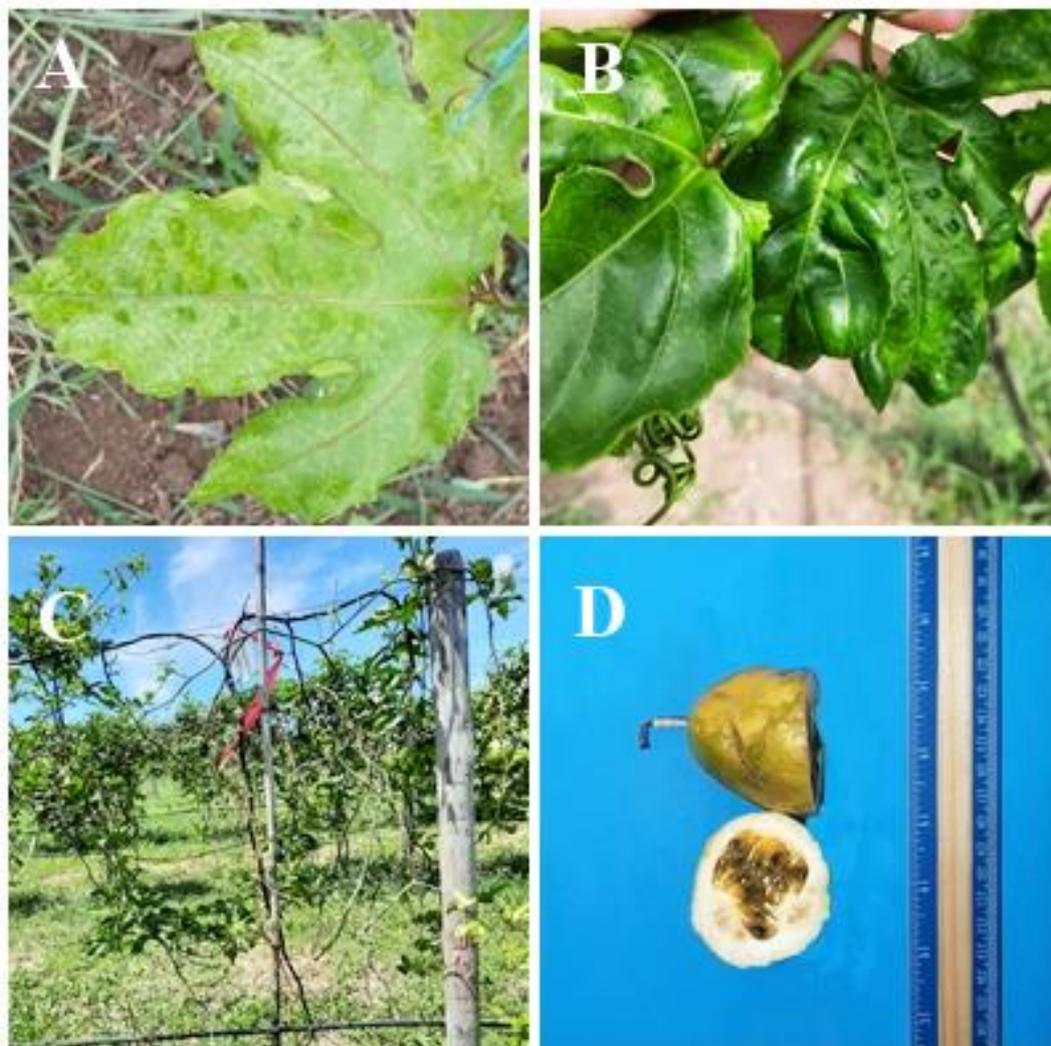


Figura 1. Sintomas de virose na folha (A e B), planta (C) e fruto (D) da população de maracujazeiro do primeiro ciclo de seleção recorrente, encontradas na área experimental localizada na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2023. Acervo: Próprio.

No Brasil, várias medidas de controle e manejo já foram adotadas, porém sem sucesso. O desenvolvimento de cultivares resistentes ao CABMV é uma estratégia promissora e viável (Costa et al., 2018).

3.1.2.4. Melhoramento de maracujazeiro visando à resistência à virose da UENF

Em razão da suscetibilidade das espécies comerciais de *Passiflora* à virose do endurecimento dos frutos e de por ainda não se conhecer uma medida

de controle e manejo efetivo para esta doença, são imprescindíveis técnicas alternativas para seu controle. Com isso, tem sido aumentada a preocupação no sentido de procurar nos programas de melhoramento, não somente cultivares com bom potencial agrônômico, mas também resistentes ou tolerantes a doenças e pragas (Pinto et al., 2008). Segundo Cerqueira-Silva et al. (2018), um dos principais desafios enfrentados pelos programas de melhoramento no desenvolvimento de cultivares de maracujazeiro é a produção de frutas frescas para o mercado (*in natura* ou indústria), com bom desempenho agrônômico e resistência a doenças.

O uso de cultivares resistentes, associado a outras técnicas de manejo integrado, é uma das medidas mais eficazes de controle de doenças, sendo uma estratégia mais prática e econômica para a redução das perdas causadas, além da redução das aplicações de defensivos agrícolas (Viana et al., 2016a). Neste contexto, o melhoramento genético do maracujazeiro pode ser realizado a partir de espécies silvestres resistentes à virose (Bellon et al., 2014). A exploração da variabilidade genética de espécies do gênero *Passiflora* pode contribuir para ampliação da base genética dos programas de melhoramento genético do maracujazeiro, voltado à resistência ao CABMV.

Muitos estudos estão envolvidos na busca de plantas de maracujá resistentes ao CABMV (Cerqueira-Silva et al., 2015), uma vez que não existe qualquer cultivar de maracujazeiro-azedo resistente que tenha sido registrada até o momento (Santos et al., 2015a), apesar dos esforços dos pesquisadores em programas de melhoramento genético do maracujazeiro. Há relatos apenas de resistência ao CABMV em espécies silvestres, como *P. nitida*, *P. suberosa*, *P. cincinnata* e *P. setacea* (Maciel et al., 2009; Oliveira et al., 2013; Gonçalves et al., 2018), e em híbridos interespecíficos (Freitas et al., 2015; Santos et al., 2015a).

O programa de melhoramento do maracujazeiro visando à resistência genética ao CABMV da UENF vem somando contribuições importantes para o progresso genético da cultura, pela condução de pesquisas que visam a obter uma cultivar resistente ao CABMV e com bom desempenho agrônômico. Este programa teve início no ano de 2010 com o trabalho de Santos et al. (2014), com a obtenção de 178 híbridos interespecíficos entre *P. edulis* (cultivar UENF Rio Dourado, suscetível ao CABMV) e *P. setacea* (resistente ao CABMV). Posteriormente, os híbridos 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; 2015a e b). Trabalho desenvolvido por Freitas et al. (2015) deu continuidade ao programa de melhoramento genético. Os híbridos selecionados foram retrocruzados com *P. edulis*, e os descendentes, inoculados com o CABMV para um estudo preliminar da herança da resistência, tendo sido constatado que a herança genética que controla a resistência ao CABMV não é monogênica (Freitas et al., 2015). Alguns híbridos interespecíficos obtidos nestes estudos são resistentes ao CABMV, mas não têm as características agronômicas exigidas pelo mercado consumidor, havendo necessidade de o genoma da cultivar comercial (*P. edulis*) ser recuperado.

Tendo esses resultados como referência, foram feitos retrocruzamentos entre o genitor recorrente (*P. edulis*) e os melhores indivíduos de híbridos interespecíficos, dando origem a uma população de primeira geração de retrocruzamento (RC₁) visando à resistência ao CABMV (Preisigke et al., 2020a e b). Os melhores indivíduos do RC₁ selecionados (genitor doador) foram retrocruzados com *P. edulis* para obtenção da segunda geração de retrocruzamento (RC₂), e as seleções foram baseadas nas características agronômicas e de resistência à virose (Vidal et al., 2021). Os indivíduos selecionados da população RC₂ deram origem à terceira geração de retrocruzamento (em andamento). Simultaneamente, foi conduzida e avaliada a população oriunda de recombinantes entre os melhores indivíduos da geração RC₁ (Gonçalves et al., 2021b). Os indivíduos selecionados das populações RC₂ e de recombinantes entre os indivíduos da geração RC₁, além de híbridos interespecíficos, deram origem à população do presente trabalho, do programa de seleção recorrente visando à resistência ao CABMV (Mendes et al., 2022).

Os esquemas de retrocruzamentos têm sido eficientes em gerar novas populações segregantes, assim como selecionar indivíduos resistentes, entretanto tem sido observada dificuldade de piramidação de alelos favoráveis para caracteres agronômicos, principalmente de rendimento. No entanto, pelo fato de a herança da resistência ser poligênica assim como das características quantitativas, para ocorrer ganho na seleção é necessário trabalhar com grandes populações e utilizar métodos de melhoramento mais complexos, como a seleção recorrente (Freitas et al., 2015).

Enfim, considerando a importância do cultivo de maracujazeiro-azedo no Brasil, bem como os prejuízos causados pelo CAMBV, e somando a falta de estratégias de controles mais eficazes, é de suma importância que trabalhos sejam conduzidos para atender a essas necessidades, com o desenvolvimento de cultivar resistente e com bom desempenho agrônomo, aumentando a consistência e a estabilidade na cadeia produtiva e comercial.

3.1.2.5. Seleção Recorrente no melhoramento de maracujazeiro

A seleção recorrente é um método de melhoramento populacional que permite o aumento gradual da frequência de alelos favoráveis para características através de ciclos sucessivos de seleção e recombinação dos indivíduos superiores, sem reduzir significativamente a variabilidade genética da população (Borém et al., 2021). Trata-se de uma estratégia muito eficiente para o desenvolvimento de cultivares com alta frequência de alelos favoráveis para resistência e também para outras características desejáveis.

A seleção recorrente é composta basicamente por três etapas: obtenção de progênies, avaliação de progênies e recombinação de progênies (Bernardo, 2010). Estas etapas são conduzidas de forma cíclica até que sejam atingidos níveis satisfatórios na frequência de alelos favoráveis na população (Hallauer et al., 2010).

Os esquemas de seleção recorrente são classificados em duas categorias: seleção recorrente intrapopulacional e interpopulacional. Na seleção recorrente intrapopulacional, o objetivo é melhorar as *performances per se* das populações, ou seja, para melhoria do comportamento de uma única população. Enquanto na interpopulacional, o objetivo é a melhoria simultânea de duas populações, ou seja, visando ao desenvolvimento de linhagens com alta capacidade de combinação para obtenção de híbridos (Bernardo, 2010; Hallauer et al., 2010; Borém et al., 2021).

A seleção recorrente tem sido utilizada com eficiência no maracujazeiro nos programas de melhoramento da UENF e UNEMAT (Universidade do Estado de Mato Grosso). Em 1999, a UENF iniciou o programa de melhoramento de maracujazeiro, com a coleta inicial de vários indivíduos em três regiões produtoras e distintas do estado do Rio de Janeiro (Viana et al., 2003; 2004). De

acordo os estudos iniciais, para a etapa seguinte, procedeu-se a uma amostragem mais ampla em áreas comerciais da região Norte Fluminense, onde, por meio de delineamentos genéticos apropriados, como o Delineamento I de Comstock e Robinson (1948), obteve-se um maior número de progênies. Deste modo, com base nos resultados destas análises iniciais, optou-se pela elaboração de um programa de seleção recorrente intrapopulacional (Gonçalves et al., 2008; 2009; Silva et al., 2009; Reis et al., 2011; Ferreira et al., 2016; Silva et al., 2016; Cavalcante et al., 2018; Cavalcante et al., 2019).

Após o terceiro ciclo de seleção recorrente do maracujazeiro, em agosto de 2015 foi liberado, pelo Ministério da Agricultura, o registro da Cultivar UENF Rio Dourado, de polinização aberta, visando à produção, e adaptada às regiões Norte e Noroeste Fluminense (Viana et al., 2016a). Introduzir essa nova vertente, com a implementação da seleção recorrente, é uma proposta pioneira em termos de pesquisa no programa de melhoramento genético do maracujazeiro para, ou seja, o desenvolvimento de cultivares resistentes ao CABMV.

A seleção recorrente como método de melhoramento associado às ferramentas biométricas pode auxiliar na seleção de indivíduos superiores (Hallauer e Miranda Filho, 1988), facilitando a determinação dos ganhos preditos de seleção (Silva et al., 2009). E para auxiliar o processo de seleção recorrente, a metodologia REML/BLUP é ótima alternativa. Essa metodologia envolve a estimação dos componentes de variância pelo método de máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não viciada (BLUP), resultando em um processo de seleção mais acurado (Resende, 2002; Alves e Resende, 2008).

As principais vantagens da metodologia REML/BLUP na estimação simultânea de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos envolvem permitir comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações e anos) e espaço (locais e blocos), não exigir dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, permitir a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos, permitir lidar com estruturas complexas de dados, como medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos, poder ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais (Resende, 2007).

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Obtenção das progênies

Para obtenção das progênies, a população inicial (C_0), submetida à seleção recorrente, foi constituída por indivíduos de duas populações, a população da segunda geração de retrocruzamento (RC_2) (Vidal et al., 2021) e a população oriunda de recombinantes entre os indivíduos da geração RC_1 (Gonçalves et al., 2021b), além de híbridos interespecíficos (*P. edulis* – ‘UENF Rio Dourado’ x *P. setacea*) (Santos et al., 2014) (Figura 2). Após a avaliação e o ranqueamento desses indivíduos, foram selecionados os 38 melhores relacionados à resistência e à produção, os quais foram inter cruzados em pares para a formação das progênies de irmãos completos (Tabela 1). Os botões florais dos genitores femininos em pré-antese foram emasculados e protegidos com sacos de papel pela manhã, sendo o mesmo procedimento adotado para os genitores masculinos, exceto a emasculação. A polinização foi feita a partir das 12 horas, horário de antese dos genitores. Durante as polinizações, as anteras dos indivíduos doadores foram esfregadas no estigma dos indivíduos receptores com o auxílio de uma pinça.

Após a hibridação artificial, os cruzamentos foram identificados e as flores, novamente protegidas por até 24 horas. Os frutos resultantes dos cruzamentos foram protegidos com rede de náilon até o seu completo amadurecimento. Posteriormente, as sementes foram extraídas, secas em temperatura ambiente, armazenadas em sacos de papel revestidos por sacos plásticos e conservadas em geladeira a 10 °C no Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) da UENF. Dessa forma, foram originadas 90 famílias de irmãos completos, que foram avaliadas no programa de seleção recorrente visando à resistência ao CABMV.

As sementes foram transferidas para bandejas de isopor de 128 células contendo substrato comercial Basaplant® e mantidas em casa de vegetação. Após o surgimento de dois pares de folhas definitivas, as mudas foram transplantadas para sacos plásticos de polietileno, com capacidade para meio litro, contendo o mesmo substrato comercial citado anteriormente. Com 108 dias após a semeadura, as mudas foram conduzidas para a área definitiva.

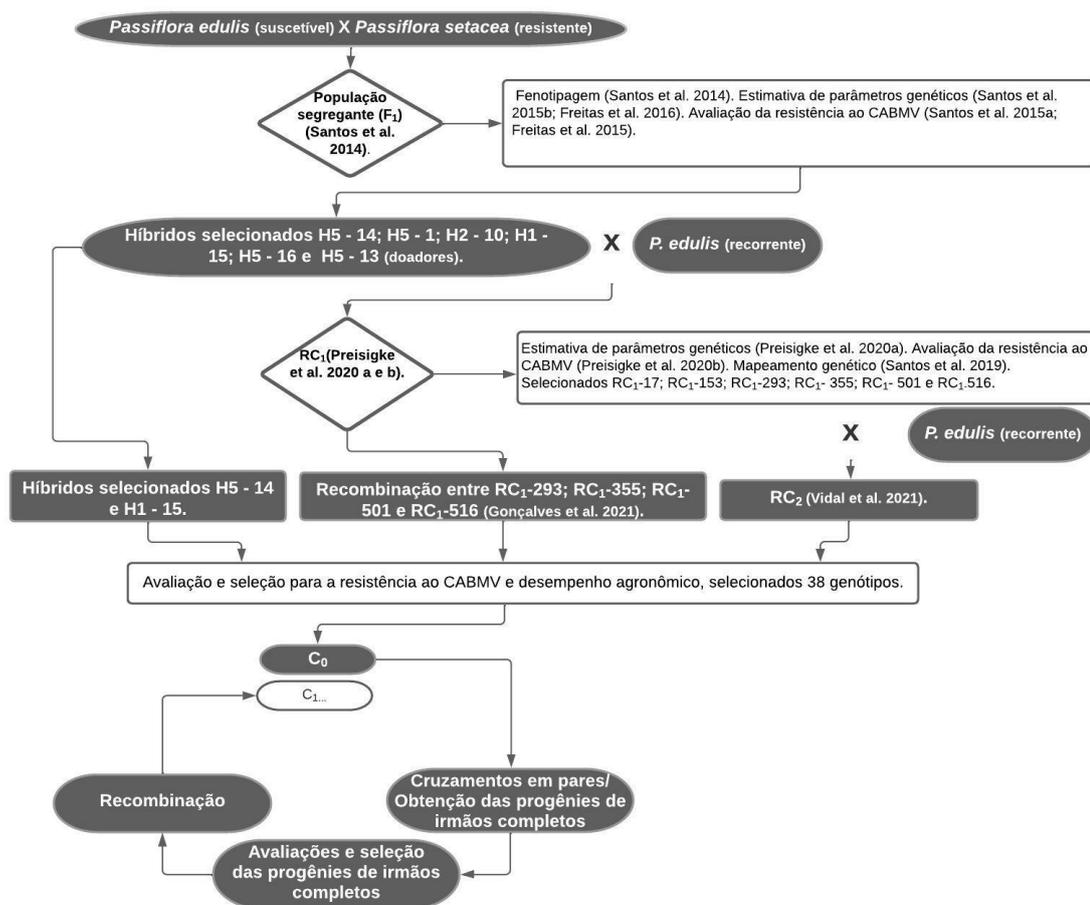


Figura 2. Organograma das etapas do programa de melhoramento de maracujazeiro para resistência ao CABMV da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2023.

Tabela 1. Origem e identificação da população de estudo composta por famílias de irmãos completos, *P. setacea* e *P. edulis*. Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Descrição	Cruzamentos	Descrição	Cruzamentos	Descrição	Cruzamentos
SR1	42 (RC ₂ -355) x 571 (RC ₂ -501)	SR35	167 (FIC ₂) x 583 (RC ₂ -355)	SR67	565 (RC ₂ -501) x 572 (RC ₂ -501)
SR2	42 (RC ₂ -355) x 495 (RC ₂ -293)	SR36	167 (FIC ₂) x 82 (FIC ₁)	SR68	572 (RC ₂ -501) x 95 (RC ₂ -501)
SR3	42 (RC ₂ -355) x 82 (FIC ₁)	SR37	238 (RC ₂ -153) x 95 (RC ₂ -501)	SR69	572 (RC ₂ -501) x 495 (RC ₂ -293)
SR4	74 (RC ₂ -501) x 95 (RC ₂ -501)	SR38	238 (RC ₂ -153) x 495 (RC ₂ -293)	SR70	572 (RC ₂ -501) x 24 (FIC ₂)
SR5	74 (RC ₂ -501) x 156 (RC ₂ -293)	SR39	323 (RC ₂ -293) x 95 (RC ₂ -501)	SR71	572 (RC ₂ -501) x 82 (FIC ₁)
SR6	74 (RC ₂ -501) x 495 (RC ₂ -293)	SR40	323 (RC ₂ -293) x 441 (RC ₂ -355)	SR72	583 (RC ₂ -355) x 441 (RC ₂ -355)
SR7	74 (RC ₂ -501) x 571 (RC ₂ -501)	SR41	325 (RC ₂ -293) x 495 (RC ₂ -293)	SR73	593 (RC ₂ -355) x 95 (RC ₂ -501)
SR8	74 (RC ₂ -501) x 24 (FIC ₂)	SR42	332 (RC ₂ -293) x 95 (RC ₂ -501)	SR74	627 (RC ₂ -293) x 281 (RC ₂ -355)
SR10	89 (RC ₂ -501) x 281 (RC ₂ -355)	SR43	376 (RC ₂ -501) x 156 (RC ₂ -293)	SR75	627 (RC ₂ -293) x 583 (RC ₂ -355)
SR11	95 (RC ₂ -501) x 42 (RC ₂ -355)	SR44	377 (RC ₂ -501) x 495 (RC ₂ -293)	SR76	24 (FIC ₂) x 42 (RC ₂ -355)
SR13	95 (RC ₂ -501) x 281 (RC ₂ -355)	SR45	391 (RC ₂ -153) x 95 (RC ₂ -501)	SR77	24 (FIC ₂) x 167 (FIC ₂)
SR14	95 (RC ₂ -501) x 571 (RC ₂ -501)	SR46	391 (RC ₂ -153) x 82 (FIC ₁)	SR78	62 (FIC ₂) x 167 (FIC ₂)
SR16	103 (RC ₂ -153) x 441 (RC ₂ -355)	SR47	441 (RC ₂ -355) x 42 (RC ₂ -355)	SR79	62 (FIC ₂) x 572 (RC ₂ -501)
SR17	138 (RC ₂ -17) x 42 (RC ₂ -355)	SR48	441 (RC ₂ -355) x 572 (RC ₂ -501)	SR80	82 (FIC ₁) x 495 (RC ₂ -293)
SR18	138 (RC ₂ -17) x 95 (RC ₂ -501)	SR49	495 (RC ₂ -293) x 95 (RC ₂ -501)	SR82	34 (FIC ₂) x 95 (RC ₂ -501)
SR19	138 (RC ₂ -17) x 571 (RC ₂ -501)	SR50	495 (RC ₂ -293) x 281 (RC ₂ -355)	SR83	34 (FIC ₂) x 495 (RC ₂ -293)
SR20	138 (RC ₂ -17) x 593 (RC ₂ -355)	SR51	495 (RC ₂ -293) x 441 (RC ₂ -355)	SR84	34 (FIC ₂) x 24 (FIC ₂)
SR21	138 (RC ₂ -17) x 82 (FIC ₁)	SR53	508 (HI5-14) x 82 (FIC ₁)	SR85	34 (FIC ₂) x 82 (FIC ₁)
SR22	156 (RC ₂ -293) x 42 (RC ₂ -355)	SR54	551 (RC ₂ -501) x 42 (RC ₂ -355)	SR86	231 (FIC ₁) x 95 (RC ₂ -501)
SR23	156 (RC ₂ -293) x 95 (RC ₂ -501)	SR55	551 (RC ₂ -501) x 74 (RC ₂ -501)	SR87	231 (FIC ₁) x 281 (RC ₂ -355)
SR24	156 (RC ₂ -293) x 281 (RC ₂ -355)	SR56	551 (RC ₂ -501) x 281 (RC ₂ -355)	SR88	231 (FIC ₁) x 323 (RC ₂ -293)
SR25	156 (RC ₂ -293) x 571 (RC ₂ -501)	SR57	551 (RC ₂ -501) x 441 (RC ₂ -355)	SR89	231 (FIC ₁) x 495 (RC ₂ -293)
SR26	156 (RC ₂ -293) x 24 (FIC ₂)	SR58	551 (RC ₂ -501) x 495 (RC ₂ -293)	SR90	231 (FIC ₁) x 572 (RC ₂ -501)
SR27	162 (RC ₂ -293) x 95 (RC ₂ -501)	SR59	551 (RC ₂ -501) x 572 (RC ₂ -501)	SR91	231 (FIC ₁) x 583 (RC ₂ -355)
SR28	162 (RC ₂ -293) x 441 (RC ₂ -355)	SR60	551 (RC ₂ -501) x 583 (RC ₂ -355)	SR92	231 (FIC ₁) x 593 (RC ₂ -355)
SR29	166 (RC ₂ -293) x 42 (RC ₂ -355)	SR61	551 (RC ₂ -501) x 167 (FIC ₂)	SR93	7 (HI1-15) x 95 (RC ₂ -501)
SR30	166 (RC ₂ -293) x 95 (RC ₂ -501)	SR62	556 (RC ₂ -501) x 495 (RC ₂ -293)	SR94	339 (HI5-14) x 167 (FIC ₂)
SR31	167 (FIC ₂) x 95 (RC ₂ -501)	SR63	556 (RC ₂ -501) x 24 (FIC ₂)	SR95	507 (HI5-14) x 495 (RC ₂ -293)
SR32	167 (FIC ₂) x 483 (RC ₂ -293)	SR64	556 (RC ₂ -501) x 82 (FIC ₁)		
SR33	167 (FIC ₂) x 495 (RC ₂ -293)	SR65	556 (RC ₂ -501) x 167 (FIC ₂)	<i>P. setacea</i>	Coleção de germoplasma da UENF
SR34	167 (FIC ₂) x 572 (RC ₂ -501)	SR66	565 (RC ₂ -501) x 281 (RC ₂ -355)	<i>P. edulis</i>	Cultivar UENF Rio Dourado

SR-Famílias de irmãos completos submetidas à seleção recorrente; FIC (1, 2 e 3)- Famílias de irmãos completos, oriundas da recombinação de indivíduos selecionados do RC₁ (Gonçalves et al., 2021b); HI- Híbridos interespecíficos selecionados (Santos et al., 2015 a,b); RC₂- Famílias de irmãos completos da segunda geração de retrocruzamento (Vidal et al., 2021); Cultivar UENF Rio Dourado: cultivar do programa de melhoramento genético do maracujá por seleção recorrente no estudo de Viana et al. (2016^a)).

3.1.3.2. Instalação e condução do experimento

O experimento foi conduzido entre novembro de 2019 e abril de 2021 na área experimental da Escola Técnica Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do Estado do Rio de Janeiro (21° 74' S, 41° 33' W e 11,2 m de altitude), Brasil (Figura 3). A região tem temperatura média anual de 23,9 °C e precipitação média anual de 1112 mm, com chuvas concentradas nos meses de outubro a março (INMET, 2022).



Figura 3. Condução das plantas de maracujazeiro na área experimental localizada na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2023. Acervo: Próprio.

Após a obtenção das mudas, o experimento foi estabelecido em um delineamento em blocos ao acaso, composto por 90 famílias, com três repetições e três plantas por parcela, totalizando 810 plantas. Além das famílias de irmãos completos, a cultivar UENF Rio Dourado (*P. edulis*) (Viana et al., 2016a) e *P. setacea* também foram conduzidas em campo. Foram feitas avaliações individuais das plantas.

Para condução das plantas, foi utilizado o sistema de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m de altura, espaçados de 4 m, com um fio de arame número 12 a 1,80 m do solo. A distância entre as linhas de plantio foi de 3,5 m. Foi utilizada irrigação do tipo localizada, por gotejamento. A calagem, as adubações de plantio e de cobertura foram feitas segundo a análise de solo, seguindo as recomendações de Costa et al. (2008). Os tratos culturais foram feitos sempre que necessário, conforme recomendações para a cultura do maracujazeiro (Costa et al., 2008).

3.1.3.3. Confirmação da presença do CABMV

Para identificar o vírus que infecta o maracujazeiro na área experimental, foram coletadas folhas com sintomas típicos da virose. Foi feita uma amostragem com 15 indivíduos, caracterizados por meio de RT-PCR (*Reverse Transcription – Polymerase Chain Reaction*). O teste foi feito no Instituto Biológico de São Paulo – SP, de acordo com protocolo utilizado por Santos et al. (2015a). O RNA total foi extraído usando TRizol® Reagent (Invitrogen), seguindo as instruções do fabricante. As sequências complementares de DNA (cDNA) foram sintetizadas com aproximadamente 100 ng de RNA total como molde em um sistema RT-PCR (*Reverse Transcription – Polymerase Chain Reaction*), usando o *High-Capacity cDNA Reverse Transcription Kit* (Applied Biosystems), 1 µL de mistura de desoxinucleotídeo trifosfato (dNTPs) 0,03 M, 1 µL (50U / µL) de transcriptase reversa MultiScribe™ (Applied Biosystems) e 30 ng do primer: CIRev (5' ACICCRTTYTCDATDATRTTIGTIGC 3') para anelar em regiões específicas do genoma do CABMV (inclusão citoplasmática cilíndrica - CI) desenvolvidos por Ha et al. (2008).

A PCR foi feita utilizando 3 µL de cDNA, 1U de Taq DNA polimerase (Gibco BRL), 1 µL de dNTPs 0,03 M, 5 µL de tampão de enzima (Gibco BRL) e primers específicos desenhados para o anelamento em porções genômicas que incluem a CI de espécies de *Potyvirus*, CIRev (5'-ACICCRTTYTCDATDATRTTIGTIGC-3') e CIFor (5'-GGIVVIGTIGGIWSIGGIAARTCIAC-3') (Ha et al., 2008), que amplificam fragmentos de DNA de, aproximadamente, 700 pb. As amostras foram amplificadas em termociclador PTC100 (MJ Research) e as condições para amplificação foram 5 min a 92 °C, seguidos de 40 ciclos de 50 s a 92 °C, 1 min a

54 °C, 1 min e 30 s a 72 °C, com uma extensão final de 5 min a 72 °C. Após as amplificações, os fragmentos de DNA foram submetidos a uma eletroforese em gel de agarose 1%, em presença de brometo de etídeo, e visualizados sob luz ultravioleta (Sambrook et al., 1989). Os produtos de DNA amplificados via RT-PCR foram eluídos de géis de agarose com o kit Concert™ Rapid Gel (GIBCO BRL®), precipitados e ressuspensos em água estéril, de acordo com a recomendação dos fabricantes.

Os produtos de DNA purificados de dois isolados foram submetidos a sequenciamento direto pelo método de terminação em cadeia (Sanger et al., 1977), utilizando o kit Big Dye (Applied Biosystems) e o sequenciador ABI 377 – ABI Prism/Applied Biosystems, conforme instruções do fabricante. O sequenciamento dos fragmentos amplificados da CI foi feito com os mesmos primers usados na PCR.

As sequências da CI dos dois isolados caracterizados neste trabalho foram comparadas com outras sequências já depositadas no Genbank, com o programa *Basic Local Alignment Search Tool* (BLASTn), do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Para a filogenia molecular, foi construído um banco de dados composto por 30 sequências da porção genômica da CI dos vírus cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) e turnip mosaic virus (TuMV) de diversas regiões brasileiras, disponíveis no Genbank, sendo o TuMV usado como *outgroup*. O alinhamento das sequências foi feito com o algoritmo CLUSTAL W, disponível no programa MEGA X (Kumar et al., 2018). A seleção do melhor modelo de substituição de nucleotídeos foi feita pelo programa jModelTest v2.1.9 (Posada e Crandall, 1998). A distância entre pares foi calculada com o modelo de substituição de Tamura-Nei + G (Tamura et al., 2013). A reconstrução filogenética foi estimada pelo método de máxima verossimilhança. Para a análise de confiança dos grupos, foi utilizado o teste de *Bootstrap* com 1000 pseudorréplicas. A análise filogenética foi feita no programa MEGA X (Kumar et al., 2018).

3.1.3.4. Avaliação de resistência ao CABMV e desempenho agrônomico

A área experimental onde as plantas foram cultivadas apresenta histórico da doença e as avaliações foram iniciadas após a ocorrência natural da virose. Também no local havia indivíduos de *P. edulis* que estavam previamente

infectados com o CABMV (Carvalho et al., 2021). Além disso, era praticada a poda dos ramos, sem a higienização dos equipamentos, o que pode favorecer o aumento da incidência do CABMV (Jesus et al., 2021; Vidal et al., 2021).

A partir dos primeiros sintomas observados, as plantas foram avaliadas quinzenalmente, no período de 15 meses, totalizando 30 avaliações entre janeiro de 2020 e março de 2021. As avaliações dos sintomas da virose foram feitas visualmente em folhas jovens, na terceira folha a partir da folha mais jovem nos ramos novos e, também, foi avaliada a distribuição dos sintomas da virose em toda a área ocupada pela planta. Foi utilizada uma escala de notas (Novaes e Rezende, 1999) com modificações sugeridas por Oliveira et al. (2013). Tanto para as folhas novas e quanto para a área total da planta, as notas de severidade variam de 1 a 4, em que: para as folhas novas, 1 = sem sintomas de mosaico; 2 = sintoma de mosaico leve e sem deformações foliares; 3 = sintomas de mosaico severo e sem deformações foliares; e 4 = sintomas de mosaico severo, com bolhas e deformações foliares. Já para a planta, 1 = sem sintomas; 2 = poucas folhas com sintomas, mosaico leve ou enrugamento leve das folhas; 3 = quantidade moderada de folhas com sintomas, mosaico leve e enrugamento nas folhas; e 4 = muitas folhas com sintomas, mosaico, enrugamento severo e deformação foliar (Figura 4).

Após as avaliações, com os dados obtidos, foi estimada a área abaixo da curva de progresso da doença para as folhas jovens e para área total da planta de cada indivíduo:

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

Em que Y_i = proporção da doença na i -ésima observação, T_i = tempo em dias da i -ésima observação e n = número de observações (Campbell e Madden, 1990). Após estimados os valores médios de AACPD para as folhas jovens e para área total da planta, foi obtida uma média aritmética com as AACPDs (AACPDM), utilizando os valores da AACPD para ambas as avaliações.

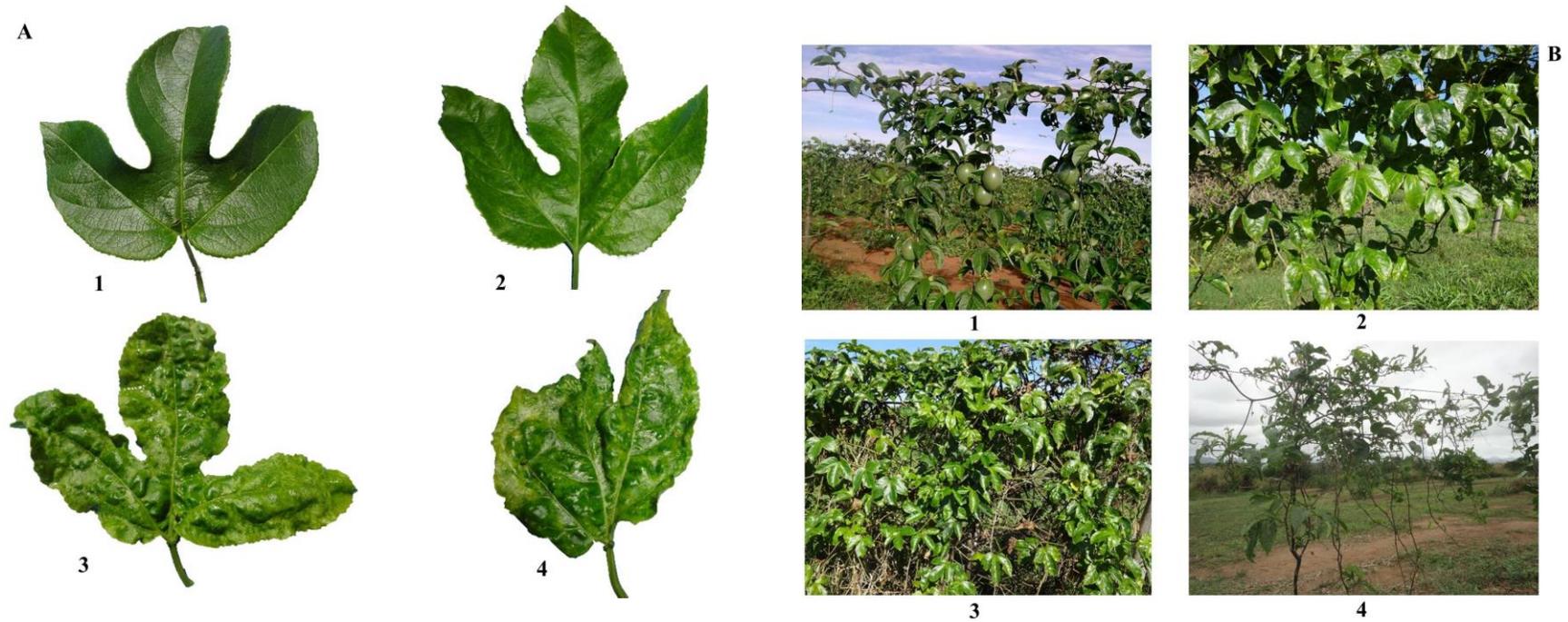


Figura 4. Sintomas da virose induzida pelo cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) em maracujazeiro: A) escala de notas de sintomas em folha jovem, variando de 1 para plantas sem sintomas a 4 para sintomas mais severos; B) escala de notas para a área total ocupada pela planta, variando de 1 para planta sem sintomas a 4 para sintomas mais severos. Fonte: Preisigke et al. (2020 b).

Os indivíduos foram avaliados quanto ao desempenho agrônômico por meio da característica de produção total por planta (PROD), sendo que todos os frutos produzidos por cada indivíduo ao longo do período de avaliação de abril de 2020 a abril de 2021 foram pesados em balança digital semianalítica e o peso expresso em gramas (g). Para a produção de frutos, a polinização natural foi feita por abelhas do gênero *Xylocopa*. A colheita dos frutos foi feita semanalmente. Foram coletados os frutos caídos no chão e aderidos à planta quando estavam no estágio “verde-amarelo” (Ceagesp, 2001). Os frutos de cada indivíduo foram identificados e acondicionados em caixas plásticas, transportadas para o Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) da UENF para avaliação.

3.1.3.5. Estimativas dos parâmetros genéticos e seleção de indivíduos via metodologia REML/BLUP

As análises genético-estatísticas para AACPD e PROD foram feitas seguindo a metodologia REML/BLUP. Para a estimativa dos componentes de variâncias e parâmetros genéticos, foi utilizado o REML, e a predição dos valores aditivos e genotípicos dos indivíduos e das famílias foi feita via BLUP (Resende, 2002; 2007). As análises foram feitas utilizando o programa SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2016), utilizando o modelo estatístico 147 do programa Selegen, sendo este o que mais se aproxima da real estrutura genética das progênies. Este modelo é designado para avaliação em um local, mais de uma planta por parcela e em indivíduos de progênies de irmãos completos de plantas alógamas.

A análise seguiu o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + Wp + e$$

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) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram estimados os seguintes componentes de variância e parâmetros genéticos (REML Individual): σ_g^2 : variância genotípica entre progênies de irmãos completos, equivalendo a 1/2 da variância genética aditiva mais 1/4 da variância

genética de dominância, ignorando a epistasia; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; \hat{h}^2_a : = h^2 : herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando a fração (1/4) da variância genética de dominância; \hat{h}^2_{mp} : herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa; Acprog: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa; \hat{h}^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando a fração (1/4) da variância genética de dominância e média geral do experimento.

De acordo com o modelo descrito por Viana e Resende (2014), foi feita a análise de deviance (ANADEV) do seguinte modo:

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

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

Em que $\ln(L)$ = ponto máximo da função de logaritmo de máxima verossimilhança restrita (REML); y = vetor da variável analisada; m = vetor dos efeitos das observações, assumido fixo; X = matriz de incidência dos efeitos fixos; e V = matriz de variância-covariância de y .

Para testar a significância dos efeitos, foi utilizado o teste estatístico LRT (teste de razão de verossimilhança):

$$LRT: | - 2\ln(Lse) + 2\ln(Lfm)$$

Em que Lse = ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos) e Lfm = ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo.

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1.4.1. Confirmação da presença do CABMV

O RNA total extraído das folhas coletadas com sintomas induzidos pelo CABMV, das diferentes amostras de maracujazeiro, foi submetido a RT-PCR com *primers* desenhados para anelar em regiões específicas do genoma do CABMV (CI) (Figura 5).

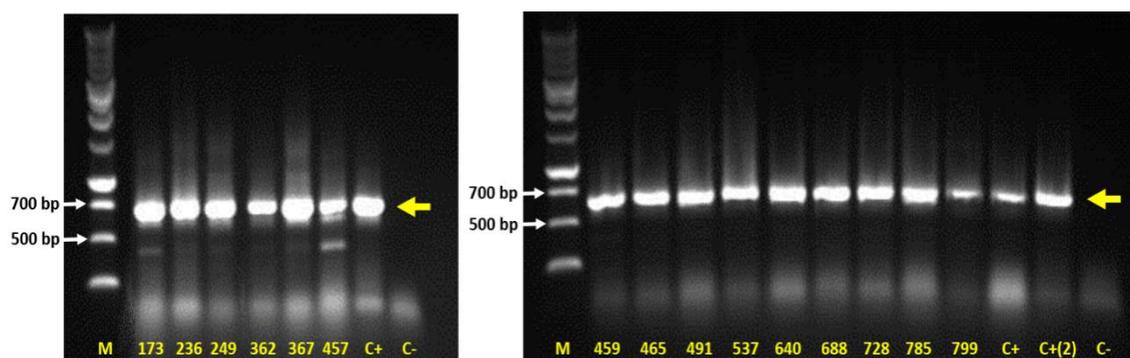


Figura 5. Resultados da eletroforese em géis de agarose (1,2%) em presença de brometo de etídeo (0,01%) dos produtos de DNA amplificados, com tamanho de cerca de 600 pares de bases (setas amarelas), via RT-PCR, com *primers* específicos que anelam em uma região genômica conservada entre os potyvírus, correspondente à inclusão citoplasmática, CI (Ha et al., 2008), a partir de RNAs totais extraídos de amostras de folhas de maracujazeiros. Os números das amostras estão indicados nas partes inferiores dos géis. M= marcador 1 kb DNA ladder; C+ e C+(2) = Controles positivos (maracujazeiros infectados pelo cowpea aphid-borne mosaic virus); C-= controle negativo (maracujazeiro sádio).

Os resultados obtidos para RT-PCR possibilitaram a confirmação da presença de bandas de tamanho esperado, cerca de 600 pb para CI, indicando que todas as amostras estavam infectadas pelo CABMV, com isso, confirma-se que o agente casual do endurecimento dos frutos em maracujazeiros provenientes de Campos dos Goytacazes - RJ é causado pelo vírus CABMV. Confirmando os relatos de Santos et al. (2015a), Carvalho et al. (2021) e Mendes et al. (2022), que afirmam que os isolados provenientes de Campos dos Goytacazes – RJ pertencem à espécie e que, até o momento, o CABMV é a única espécie de *Potyvirus*, associada à virose do endurecimento dos frutos no país.

Ratificado pelos resultados encontrados na análise filogenética de máxima verossimilhança, utilizando as sequências de CI de 30 isolados, foi identificado que os dois isolados (SAMPLE 236 CABMV_RJ e SAMPLE 640_CABMV_RJ) usados neste estudo se agruparam no mesmo clado com todos os outros isolados das diferentes regiões brasileiras de CABMV, não agrupando com isolados de TuMV (*outgroup*). Isso confirma também que o CABMV está presente na área experimental, sendo responsável por infectar as plantas de maracujazeiro (Figura 6).

Pelo menos quatro *Potyvirus* podem causar a VEF em todo o mundo: o CABMV, o passion fruit woodiness virus (PWV), originalmente descrito na

Austrália, o east asian passiflora virus (EAPV), com ocorrência na Ásia (Iwai et al., 2006), e o ugandan passiflora virus (UPV), relatado na Uganda (Ochwo-Ssemakul et al., 2012). No entanto, Vidal et al. (2018) avaliaram plantas de maracujazeiro-azedo que apresentavam sintomas de mosaico, bolhas e deformação foliar no estado da Bahia no ano de 2015 e relataram ocorrência de infecção mista do CABMV, com o cucurbit aphid-borne yellows vírus (CABYV) (gênero *Polerovirus*, família *Solemoviridae*), causando sintomas severos na cultura.

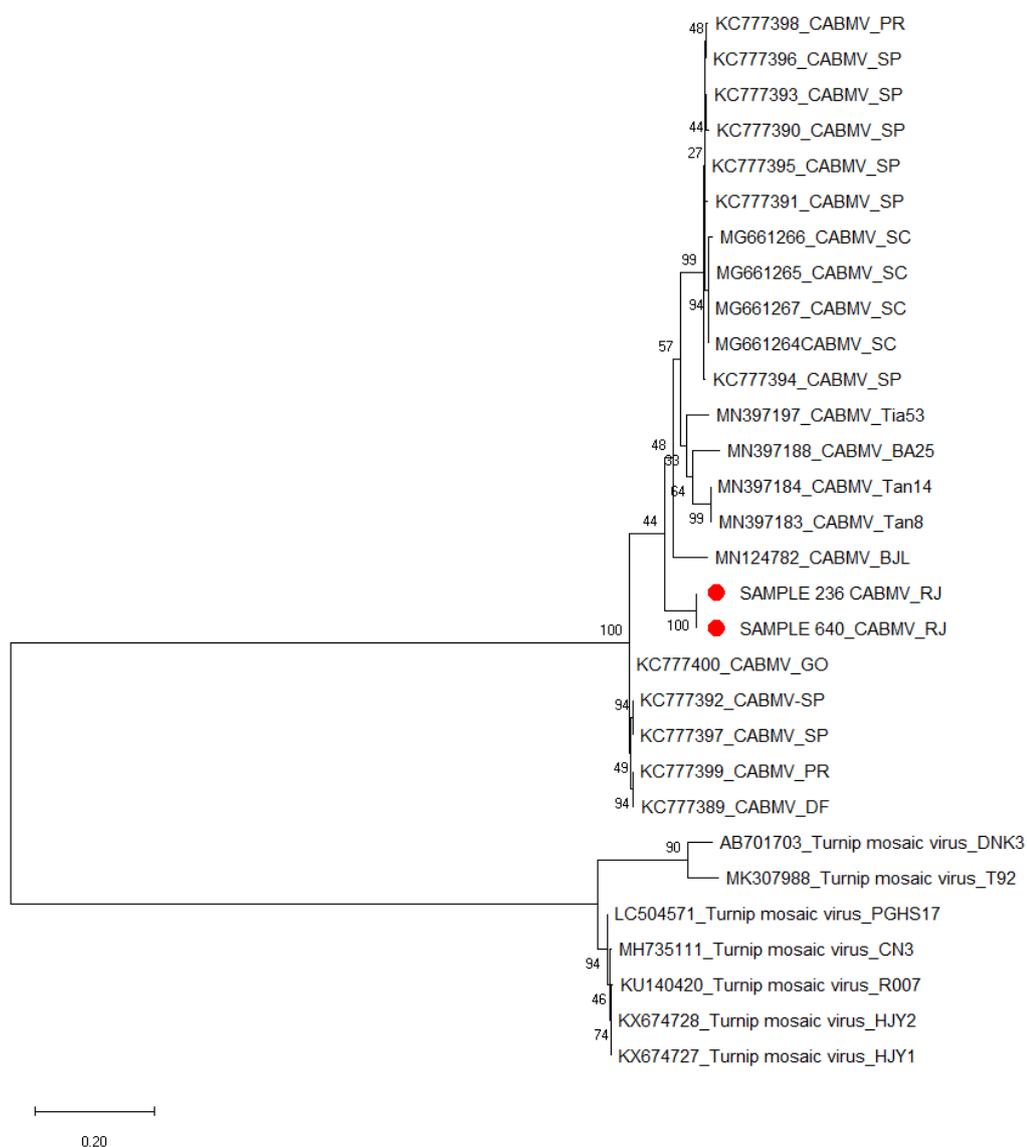


Figura 6. Árvore filogenética de máxima verossimilhança de sequências da inclusão citoplasmática cilíndrica de 23 isolados de CABMV, incluindo os dois isolados deste estudo, indicados pelo círculo vermelho, e 7 isolados de TuMV, utilizados como *outgroup*. Campos dos Goytacazes, RJ – Brasil, 2023.

No Brasil, o vírus associado ao endurecimento dos frutos foi inicialmente caracterizado como pertencente ao complexo do PWV do maracujazeiro, em razão dos testes em microscopia eletrônica, biológicos e sorológicos, disponíveis feitos na época. Entretanto, com o avanço das técnicas de diagnóstico, estudos conduzidos a partir da década de 1990, baseados na análise da sequência de aminoácidos da proteína capsidial de isolados de *Potyvirus*, mostraram que esse vírus não seria o PWV, mas uma estirpe do CABMV (Nascimento et al., 2006; Barros et al., 2011), indicando-o como o principal senão o único agente etiológico do endurecimento dos frutos em maracujazeiros cultivados em território nacional (Nascimento et al., 2006; Rodrigues et al., 2015).

Até o momento, nenhum isolado brasileiro sequenciado pertence à espécie PWV (Cerqueira Silva et al., 2008; Barros et al., 2011; Rodrigues et al., 2015). Iwai et al. (2006) estudaram a filogenia de algumas cepas do vírus que causam o endurecimento dos frutos em maracujazeiro e verificaram que os isolados brasileiros, identificados anteriormente como PWV, são, na verdade, cepas da espécie CABMV.

A comparação de isolados brasileiros de CABMV mostrou valores de identidade que variaram de 89,57 a 88,17% e cobertura de 99 a 96% para CI. Para os isolados de CABMV, observou-se formação de cinco grupos distintos. As duas amostras sequenciadas neste trabalho, do município de Campos dos Goytacazes, formaram um grupo monofilético apoiado por um alto valor de bootstrap de 100%. Além disso, os dois isolados ficaram em uma posição mais basal, ou seja, não agrupando em clados mais internos, podendo-se deduzir que as linhagens que deram origem a esses dois isolados, possivelmente, sejam ancestrais de outros isolados brasileiros de CABMV.

3.1.4.2. Severidade dos sintomas

Os primeiros sintomas induzidos pelo CABMV foram observados aos 39 dias após o plantio (DAP), com 3,39% das plantas apresentando mosaico leve e sem deformações foliares e com posterior desenvolvimento do mosqueado, formação de bolhas e distorção foliar. Segundo Carvalho et al. (2019), em maracujazeiro-azedo, espécie suscetível, a doença se manifesta por uma falha no

sistema de sinalização, que mesmo ativando algumas rotas de resposta, essas rotas não são capazes de impedir o estabelecimento da doença.

No nono mês após o plantio, todos os indivíduos de *P. edulis* apresentavam sintomas da doença. No mesmo período, 80,4% das progênies apresentaram características típicas dos sintomas causados por CABMV, enquanto os indivíduos de *P. setacea* estavam assintomáticos (Figura 7). Diferentemente dos resultados encontrados por Santos et al. (2015a), que avaliaram a resistência ao CABMV em híbridos interespecíficos (*P. edulis* e *P. setacea*) e verificaram que, após nove meses de monitoramento, 40% dos indivíduos de *P. edulis* e 26% dos híbridos apresentavam sintomas, Gonçalves et al. (2021b) relataram o aparecimento dos primeiros sintomas aos 50 dias após o início do experimento e, no nono mês de avaliação, todas as plantas estavam sintomáticas, variando de sintomas leves a muito severos.

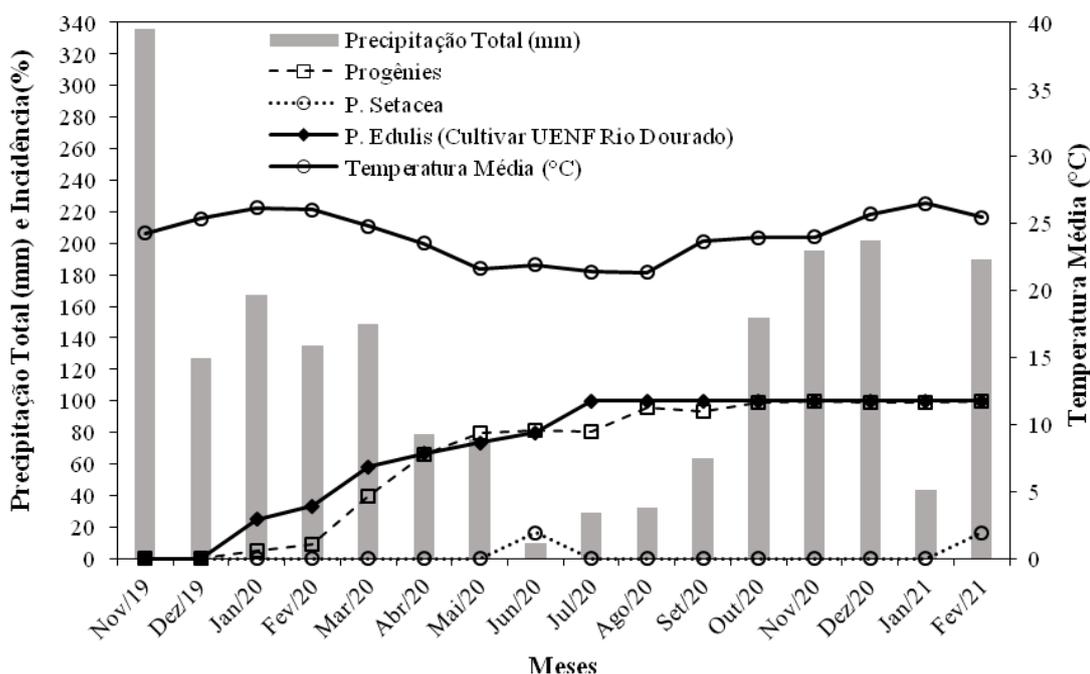


Figura 7. Precipitação, temperatura média e incidência de plantas infectadas por cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). Dados climáticos fornecidos pelo Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), conforme registrado mensalmente na Estação Automática de Campos dos Goytacazes, RJ, entre novembro de 2019 e fevereiro de 2021. Campos dos Goytacazes, RJ – Brasil, 2023.

No final das avaliações, verificou-se que 100% das plantas apresentavam sintomas da doença, com diferentes níveis de severidade. Os valores da AACPDM variaram de 468,75 a 1717,50 para os indivíduos 438/Família SR84, que apresentava mosaico muito leve em poucas folhas e sem deformação foliar, e 604/ Família SR31, que apresentava sintomas severos, com mosaico severo, bolhas e deformação das folhas em toda planta (Figura 8). A diferença nos níveis de severidade pode estar relacionada com a variabilidade genética existente tanto na população segregante quanto nos isolados virais (Cerqueira-Silva et al., 2008).

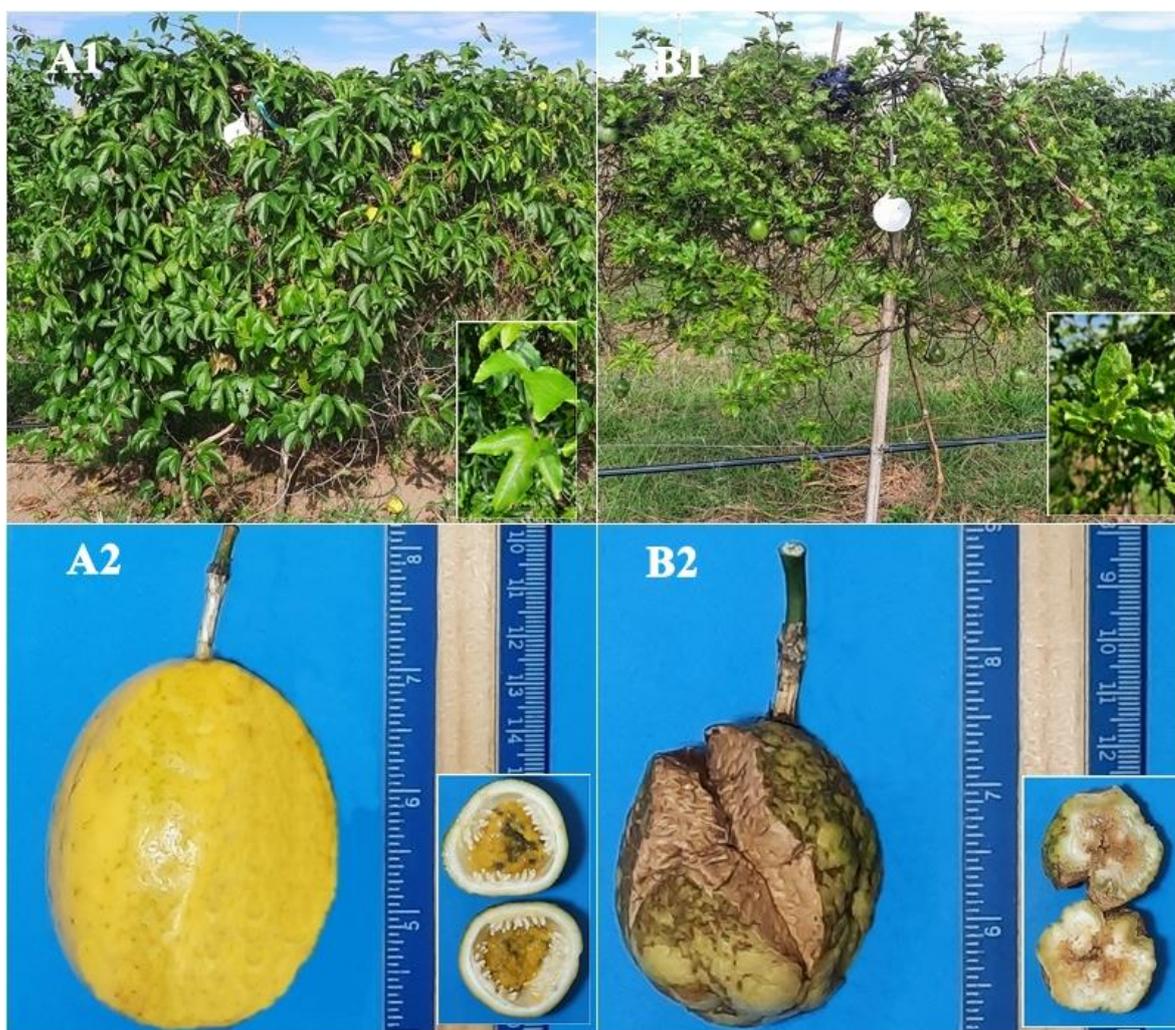


Figura 8. Variação dos sintomas induzidos pelo cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) na área total da planta e no fruto apresentados pelos indivíduos 438/Família SR84 (A1 e A2) e 604/Família SR31 (B1 e B2) em estudo. Campos dos Goytacazes, RJ – Brasil, 2023.

Um outro fator a ser considerado é a quantidade de genes envolvidos na herança de resistência ao CABMV, tendo sido encontrados sete locos de menor efeito (QTLs) associados à resistência ao vírus (Santos et al., 2019). Além disso, fatores ambientais como temperatura, umidade e precipitação e diferenças na idade entre as plantas podem atuar na variação de resistência entre os indivíduos (Pinto et al., 2008). Esses fatores podem influenciar na virulência do patógeno e na manifestação dos sintomas da doença.

Durante o período de avaliação do experimento, as temperaturas mínimas e máximas variaram de 17,9 a 23,7 °C e 27,7 a 33 °C, respectivamente. A precipitação média mensal variou de 10,2 a 336 mm, com total acumulado de 2278,6 mm. No período do inverno, (junho - 204 DAP a setembro - 298 DAP), quando a temperatura e a precipitação são mais baixas, foi verificado aumento dos sintomas da virose nas plantas (Figura 7).

Esse período é caracterizado por apresentar menor incidência de luz natural e, conseqüentemente, redução da atividade vegetativa da planta (Fischer e Rezende, 2008), o que pode causar maior desenvolvimento dos sintomas foliares do CABMV (Santos et al., 2021).

Além disso, a epidemiologia da virose, principalmente na densidade populacional de pulgões no campo, é seriamente afetada por fatores abióticos, como condições climáticas (Garcêz et al., 2015; Rodrigues et al., 2016). Com a redução do nível de chuva e da temperatura foi possível observar aumento de plantas sintomáticas, sendo que resultados semelhantes foram constatados por Garcêz et al. (2015) e Gonçalves et al. (2021b). De acordo com alguns estudos, as condições favoráveis para a maioria das espécies de pulgões descritas no Brasil são de temperaturas na faixa de 20 a 24 °C e baixa precipitação, pois beneficia a formação de grandes colônias desses insetos (Garcêz et al., 2015). Temperaturas acima de 25 °C inibem a atividade biológica de pulgões alados, os principais responsáveis pela transmissão e disseminação do CABMV, interferindo diretamente na mobilidade e no comportamento de voo dos afídeos (Rodrigues et al., 2016). Essa interferência na mobilidade dos pulgões pode causar impacto positivo na dispersão de CABMV (Katis et al., 2007).

3.1.4.3. Componentes de variância e parâmetros genéticos

A significância dos efeitos genotípicos estimados foi avaliada pela análise de deviance. Foram detectadas diferenças significativas entre os indivíduos em 1% de probabilidade para as características AACPDM e PROD (Tabela 2), denotando presença de variabilidade genética na população avaliada, ou seja, seus efeitos explicam parte da variação total, o que possibilita êxito na seleção de indivíduos promissores para futuros ciclos de seleção recorrente e, conseqüentemente, obtenção de ganhos genéticos nesta população.

Tabela 2. Análise de deviance e estimativas dos parâmetros genéticos via procedimento REML para a área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM) e para produção de fruto (PROD) em famílias de irmãos completos de maracujazeiro provenientes de seleção recorrente. Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Efeito	AACPDM		PROD	
	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)
Indivíduos	7221,2	29,8**	10753,3	30,5**
Modelo completo	7191,4		10722,8	
Parâmetros Genéticos				
	AACPDM		PROD	
σ^2_g	8238,49		1934753,35	
σ^2_{parc}	4084,01		488648,01	
σ^2_{dentro}	23203,54		6636139,46	
σ^2_f	35526,04		9059540,83	
h^2_a	0,46		0,43	
h^2_{mp}	0,86		0,92	
h^2_{ad}	0,36		0,29	
C^2_{parc}	0,11		0,05	
AC_{prog}	0,93		0,96	
Média geral	1171,98		3794,60	

** significativo a 1 % de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. LRT(χ^2): teste de razão de verossimilhança. σ_g^2 : Variância genotípica entre famílias de maracujazeiro; σ_{parc}^2 : variância ambiental entre parcelas; σ_{dentro}^2 : variância residual dentro de parcela; σ_f^2 : variância fenotípica individual; h_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; h_{mp}^2 : herdabilidade com base na média de família; h_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro de parcela; C_{parc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; AC_{prog} : acurácia da seleção de famílias.

Com base nas estimativas de componentes de variância, é possível destacar que a contribuição da variância genotípica entre famílias para a variância fenotípica individual foi moderada, com base nos valores de porcentagem, foram de 23 e 21%, predominando a variância residual dentro de parcela (65 e 73%)

para ambas as características, AACPDM e PROD, respectivamente (Tabela 2). Este resultado indica que a maioria da variação ambiental se encontra dentro de parcelas e evidencia alta segregação dentro das famílias, visto que a população é derivada de cruzamento interespecífico entre duas espécies diploides e heterozigotas, além dos híbridos, era constituída de indivíduos de duas populações segregantes (RC_2 e recombinantes entre RC_1). Ressalta-se, porém, que tais resultados não são prejudiciais quando é utilizada a seleção direcionada para plantas individuais dentro das famílias. Além da segregação existente na população, o maracujazeiro é uma planta alógama, heterozigota e autoincompatível (Preisigke et al., 2020 b), o que possibilita a obtenção de uma grande variabilidade dentro das famílias.

As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) e a herdabilidade aditiva dentro de parcela (h^2_{ad}) foram classificadas de magnitude moderada, considerando as características AACPDM (0,46 e 0,36, respectivamente) e PROD (0,43 e 0,29, respectivamente). Esses resultados podem ser explicados pela natureza das características, pois elas são poligênicas e apresentam herança complexa e, em sua maioria, condicionadas por muitos genes com efeitos individuais pequenos e muito influenciados pelo ambiente (Cruz et al., 2014). Ressalta-se que, como se trata do primeiro ciclo de seleção recorrente da população, ainda não foi proporcionado um equilíbrio para maior adaptação nas gerações segregantes. Ao considerar a herdabilidade em relação às médias de famílias (h^2_{mp}), observam-se magnitudes significativamente superiores, de 0,86 e 0,92 para AACPDM e PROD, respectivamente. É um resultado esperado, uma vez que os efeitos ambientais (residuais) são minimizados, pois são divididos pelo número de repetições e pelo número de plantas por parcela e, conseqüentemente, os valores fenotípicos aproximam-se dos valores genotípicos.

Conforme resultados da estimativa da herdabilidade, a seleção com base nas médias das famílias deve ser mais eficiente, pois proporcionará ganhos genéticos mais significativos e seleção mais precisa para obtenção de indivíduos resistentes e produtivos. Contudo, os valores de herdabilidade aqui registrados foram considerados adequados levando em conta a natureza poligênica das características analisadas. Deve-se observar também que é viável a seleção individual, pois os valores estimados para ambas as características se situaram

acima de 40%. Xavier et al. (2014) ressaltam que na seleção de famílias que não considera a variância genética dentro de cada progênie corre-se o risco de excluir indivíduos superiores em populações com médias inferiores, mas com ampla variabilidade.

Gonçalves et al. (2021b) avaliaram três famílias de irmãos completos oriundas da recombinação entre os indivíduos da geração RC₁, e os valores de herdabilidades (h^2_a , h^2_{ad} e h^2_{mp}) apresentaram certa discrepância, para PROD (0,035; 0,018 e 0,505, respectivamente) e também para a AACPDM (0,05; 0,025 e 0,76, respectivamente). Vidal et al. (2021) avaliaram a população da segunda geração de retrocruzamento (RC₂) e também verificaram valores inferiores de herdabilidades (h^2_a , h^2_{ad} e h^2_{mp}) para a AACPDM (0,03; 0,01 e 0,56, respectivamente), no entanto, para a PROD os valores observados foram 0,56; 0,41 e 0,96, respectivamente. Sabe-se que a herdabilidade de uma característica não é uma estimativa imutável e a comparação entre resultados de parâmetros genéticos, como a herdabilidade, torna-se tendenciosa, pois, além da própria característica, devem ser consideradas também a população e as circunstâncias do ambiente, às quais os indivíduos foram submetidos (Falconer, 1987; Ramalho et al., 2012). Para se obter maior estimativa de herdabilidade, são necessárias uma população com maior variação genética e também a realização de um efetivo controle das condições ambientais (Ramalho et al., 2012). Estes resultados destacam o potencial da seleção recorrente intrapopulacional para a obtenção de ganhos genéticos no programa de melhoramento genético do maracujazeiro da UENF visando à resistência ao CABMV.

Os valores de acurácia (AC_{prog}) de 0,93 e 0,96, encontrados para AACPDM e PROD, respectivamente, são considerados de altíssima magnitude, o que mostra uma expressiva correlação entre os valores genotípicos reais dos indivíduos e os valores genotípicos preditos (Resende, 2002). Tais resultados indicam a confiabilidade nas avaliações e nos procedimentos usados na predição dos valores genéticos e, conseqüentemente, aumentam a precisão na seleção, com maior possibilidade de obter ganhos genéticos.

No mesmo programa de melhoramento para resistência ao CABMV, Preisigke et al. (2021) avaliaram a RC₁ e também observaram valor muito alto de acurácia para AACPDM (0,98), mas com estimativa baixa para produção (0,41). Contudo, na população oriunda de recombinantes entre os indivíduos da geração

RC₁, obtiveram acurácias altas de 0,71 (PROD) e 0,79 (AACPDM) (Gonçalves et al., 2021b). Vidal et al. (2021) também verificaram valores de alta e de altíssima magnitude, de 0,75 e 0,98 para AACPDM e PROD, respectivamente, na população RC₂. Isto destaca o potencial desta população na obtenção de ganhos genéticos durante a consecução do programa de melhoramento genético de maracujazeiro visando à resistência ao CABMV da UENF por meio da seleção recorrente.

3.1.4.4. Seleção de indivíduos e estimativas dos ganhos via BLUP

Os 30 melhores indivíduos foram selecionados para as duas características analisadas, com predições dos ganhos genéticos e estimações de novas médias (Tabela 3 e 4).

A AACPDM corresponde a interações numéricas da proporção de doenças em relação ao tempo e possibilita inferir a severidade da doença ao longo do período. Portanto, quanto mais resistente for o indivíduo, menor será o valor da AACPDM (Gonçalves et al., 2021b). Desse modo, o ranqueamento para AACPDM foi direcionado, em ordem crescente, para os valores dos efeitos genéticos aditivos preditos e ganhos (seleção para menores valores) e para PROD, na ordem decrescente (seleção para maiores valores).

Todos os indivíduos selecionados tiveram estimativas negativas para os efeitos genéticos aditivos preditos para AACPDM, que oscilou entre -336,98 e -154,04, dessa forma, possibilitando que o progresso e a gravidade da doença sejam reduzidos, aumentando a resistência nas próximas gerações. Entretanto, os ganhos variaram de 0,52 a 1,40% para os indivíduos 497 e 74, respectivamente, em que quanto menor o valor de ganho, mais resistente é o indivíduo. Comparando os resultados de ganhos apresentados para resistência ao CABMV, Gonçalves et al. (2021b) avaliaram três famílias de irmãos completos oriundas da recombinação entre os indivíduos da geração RC₁. Em sua pesquisa, os ganhos para AACPDM variaram de -0,15 a 0,58%, sendo que dos 20 indivíduos selecionados, 15 tiveram ganhos negativos. Já na população RC₂, os valores genéticos variaram de -7,28 a -3,89 e os ganhos positivos, de 0,60 a 1,92% (Vidal et al., 2021).

Tabela 3. Ranqueamento dos 30 indivíduos com as melhores estimativas de ganho (%) e a nova média predita, estimados via REML/BLUP, em indivíduos de maracujazeiro oriundos da seleção recorrente, para área abaixo da curva de progresso da doença média (AAPDM). Campos dos Goytacazes, RJ – Brasil, 2023.

AAPDM				
Ordem	Indivíduo (Família/Bloco)	A	Ganho (%)	Nova Média
1	497 (91/2)	-336,98	0,52	1178,1
2	582 (91/3)	-314,61	0,57	1178,64
3	438 (84/2)	-312,13	0,61	1179,14
4	495 (91/2)	-311,68	0,65	1179,65
5	581 (91/3)	-295,97	0,7	1180,15
6	92 (91/1)	-267,29	0,74	1180,64
7	791 (89/3)	-234,08	0,78	1181,07
8	506 (75/2)	-214,75	0,81	1181,46
9	488 (89/2)	-214,36	0,84	1181,82
10	552 (18/3)	-213,34	0,87	1182,18
11	183 (89/1)	-203,04	0,9	1182,53
12	443 (39/2)	-199,28	0,93	1182,87
13	681 (95/3)	-198,69	0,96	1183,21
14	669 (78/3)	-197,31	0,99	1183,55
15	219 (39/1)	-195,03	1,02	1183,88
16	713 (84/3)	-194,46	1,04	1184,22
17	724 (39/3)	-192,94	1,07	1184,55
18	72 (84/1)	-184,66	1,1	1184,88
19	189 (86/1)	-178,32	1,13	1185,2
20	746 (87/3)	-168,1	1,15	1185,51
21	704 (44/3)	-166,68	1,18	1185,81
22	71 (90/1)	-162,55	1,2	1186,1
23	378 (21/2)	-162,16	1,23	1186,39
24	680 (95/3)	-160,08	1,25	1186,68
25	782 (90/3)	-158,84	1,28	1186,96
26	477 (85/2)	-156,72	1,3	1187,25
27	244 (75/1)	-156,61	1,33	1187,53
28	583 (91/3)	-156,17	1,35	1187,81
29	239 (82/1)	-156,01	1,37	1188,09
30	74 (84/1)	-154,04	1,4	1188,38

a: efeito genético aditivo predito.

Tabela 4. Ranqueamento dos 30 indivíduos com as melhores estimativas de ganho (%) e a nova média predita, estimados via REML/BLUP, em indivíduos de maracujazeiro oriundos da seleção recorrente, para produção total por planta (PROD). Campos dos Goytacazes, RJ – Brasil, 2023.

Ordem	Indivíduo (Família/Bloco)	PROD		
		a	Ganho (%)	Nova Média
1	126 (54/1)	5037,35	132,75	8831,95
2	611 (33/3)	4985,26	132,06	8805,9
3	672 (25/3)	4755,6	129,82	8720,67
4	336 (30/2)	4738,62	128,58	8673,8
5	194 (30/1)	4077,92	124,36	8513,55
6	317 (33/2)	4017,66	121,28	8396,66
7	156 (60/1)	3916,48	118,7	8298,72
8	79 (33/1)	3906,8	116,73	8224,06
9	579 (22/3)	3650,9	114,45	8137,55
10	612 (33/3)	3597,64	112,49	8063,02
11	229 (25/1)	3427,97	110,47	7986,61
12	150 (34/1)	3307,49	108,53	7912,9
13	374 (64/2)	3256,86	106,78	7846,64
14	86 (22/1)	3247,8	105,27	7789,19
15	199 (32/1)	3229,54	103,93	7738,19
16	198 (32/1)	3226,71	102,75	7693,38
17	665 (60/3)	3207,36	101,67	7652,71
18	753 (30/3)	3138,39	100,62	7612,73
19	200 (32/1)	3046,86	99,55	7572,13
20	467 (32/2)	3042,91	98,58	7535,4
21	231 (83/1)	3028,48	97,69	7501,48
22	598 (47/3)	2965,16	96,8	7467,77
23	289 (60/2)	2913,6	95,93	7434,74
24	174 (77/1)	2900,57	95,12	7403,93
25	465 (32/2)	2900,17	94,37	7375,56
26	613 (33/3)	2869,49	93,65	7348,2
27	213 (47/1)	2853,21	92,97	7322,26
28	220 (39/1)	2846,28	92,32	7297,92
29	723 (39/3)	2760,23	91,65	7272,3
30	650 (64/3)	2726,93	90,99	7247,27

a: efeito genético aditivo predito.

Tendo em vista que o ganho com a seleção depende da herdabilidade, do desvio padrão da variância fenotípica e da intensidade de seleção (Hallauer e Miranda Filho, 1988), o valor obtido para o componente de variância genotípica entre famílias foi superior, em relação aos trabalhos anteriores e, conseqüentemente, obteve maior estimativa de herdabilidade, proporcionando maiores proporções de ganhos e sucesso na escolha de indivíduos resistentes.

A seleção de indivíduos para AACPDm teve como destaque as famílias SR91 e SR84 com o maior número de indivíduos resistentes selecionados, tendo os indivíduos 497 (SR91), 582 (SR91), 438 (SR84), 495 (SR91), 581 (SR91) e 92 (SR91) ocupado as seis primeiras posições (Figura 9). Esses indivíduos devem ser selecionados como fonte de alelos favoráveis para resistência, para compor o próximo ciclo de seleção recorrente.



Figura 9. Indivíduos 497 (A), 582 (B), 438 (C), 495 (D), 581 (E) e 92 (F), da população de maracujazeiro do primeiro ciclo de seleção recorrente, na área experimental localizada no Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2023. Acervo: Próprio.

Para as famílias SR32 e SR33, foram obtidos os maiores números de indivíduos selecionados para PROD. O ganho dos 30 indivíduos selecionados variou de 132,75% para o indivíduo 126 (SR54) a 90,98% para o indivíduo 650 (SR64). O melhor indivíduo classificado teve nova média predita igual a 8831,94 g planta⁻¹, indicando aumento de 5037,35 g planta⁻¹ na média da população original.

Entretanto, foi observado que a ordenação dos indivíduos era diferente para as características estudadas, pois os indivíduos classificados nas primeiras posições como mais resistentes não foram selecionados para a PROD. Somente a família SR39 foi selecionada para ambas as características, mas com diferentes indivíduos. Resultados semelhantes foram obtidos na população segregante de RC₁, em que os indivíduos selecionados como mais produtivos não foram os mesmos selecionados para resistência. Desta forma, a estratégia utilizada foi selecionar os indivíduos com base na resistência ao CABMV para compor a próxima geração, vez que a resistência é o principal objetivo do programa e as características agrônômicas são recuperadas com o avanço das gerações de retrocruzamento (Preisigke et al., 2021).

A metodologia REML / BLUP fornece a ordenação dos indivíduos potenciais para seleção, considerando cada característica analisada separadamente (Resende e Duarte, 2007). Na seleção, devem ser levados em consideração aqueles indivíduos que são diretamente superiores para uma característica específica, pois eles são fontes de alelos favoráveis e devem ser levados em consideração durante a fase de recombinação de indivíduos superiores na seleção recorrente (Santa-Catarina et al., 2020). A metodologia REML/BLUP mais uma vez se mostrou eficiente, tendo selecionado indivíduos com desempenhos elevados, ganhos genéticos preditos promissores, que fornecem alelos favoráveis para compor a fase de recombinação da seleção recorrente.

3.1.5. CONCLUSÕES

De acordo com análise filogenética molecular de uma porção genômica referente à inclusão citoplasmática cilíndrica (CI), confirmou-se que o CABMV está presente na área experimental, sendo responsável por infectar as plantas de maracujazeiro e induzir sintomas associados ao endurecimento dos frutos.

Altos valores de h^2_{mp} e moderados valores de h^2_a e h^2_{ad} para AACPD e PROD sugerem excelentes possibilidades para selecionar indivíduos superiores dentro das famílias.

A seleção recorrente aplicada a famílias de irmãos completos se mostrou eficiente na obtenção de altos ganhos genéticos para AACPDM e PROD.

Entre os 30 indivíduos ranqueados para resistência ao CABMV e produção, os indivíduos selecionados para compor a fase de recombinação da seleção recorrente foram aqueles que apresentaram menores valores de AACPDM, juntamente com as melhores características produtivas e com boa arquitetura da planta, como fonte de alelos favoráveis. Os indivíduos 497, 582, 438, 495, 581, 92, 791, 506, 552, 183, 443, 669, 219, 724, 189, 378, 477, 244, 239, 126 e 174 são promissores e podem ser empregados como genitores para obtenção das progênies, para dar continuidade ao programa de seleção recorrente.

3.2. PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS POR MEIO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO EM *PASSIFLORA* PARA RESISTÊNCIA AO CABMV E BOAS CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS

3.2.1. INTRODUÇÃO

A virose do endurecimento dos frutos é considerada a doença viral de maior importância econômica na cultura do maracujazeiro-azedo, sendo responsável por grandes perdas na produção em todo mundo (Santos-Jiménez et al., 2022).

A carência de indivíduos resistentes ao cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV), adaptados às condições edafoclimáticas e produtivos, tem sido um fator limitante para elevar a qualidade e a produtividade dos pomares. Além disso, várias medidas para controle e manejo são adotadas, porém, até o momento, nenhuma teve resultado satisfatório e eficiente, principalmente em razão da forma de transmissão do vírus, pois tanto a aquisição quanto a inoculação do vírus pelo inseto (afídeos) são rápidas, em questão de segundos, durante as picadas de prova (Gibbs e Ohshima, 2010; Santos-Jiménez et al., 2022).

Na seleção recorrente, a etapa de seleção requer indivíduos com uma série de características favoráveis e que mantenham a variabilidade genética em níveis adequados, que confirmam resistência à virose, bom desempenho

agronômico e satisfaçam as exigências do mercado, com isso, a seleção baseada em múltiplas características deve ser empregada.

Para alcançar os objetivos desejados em um programa de melhoramento, é fundamental estabelecer critérios de seleção que identifiquem indivíduos superiores que acumulem alelos favoráveis nas mais diferentes características estudadas. No melhoramento de frutíferas, a seleção baseada em um índice de seleção combinada para várias características é essencial, principalmente em culturas perenes ou de ciclo longo, que demandam uma seleção quase impecável, sem direito a erros grosseiros (Viana e Resende, 2014).

O procedimento de índice de seleção foi inicialmente proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), com o objetivo de selecionar várias características quantitativas simultaneamente. Na literatura, são encontrados diferentes índices de seleção, que podem ser utilizados no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2004). Entre os índices de seleção disponíveis para utilização, estão o índice de Mulamba e Mock (1978), que consiste na soma de postos (ou “ranks”) em ordem favorável ao melhoramento; o índice aditivo, que utiliza os valores genéticos padronizados e as importâncias relativas das características; o multiplicativo, em que o agregado genotípico se refere ao produto das características; e o índice de rank médio, adaptado de Mulamba e Mock, em que os valores genotípicos são classificados para cada características (Viana e Resende, 2014).

Aliada à seleção, a utilização de métodos multivariados para estimar a variabilidade genética entre os indivíduos selecionados e com isso indicar cruzamentos promissores para a continuidade do programa de melhoramento é de extrema importância para estabelecer a melhor estratégia. Pelo exposto, o presente trabalho objetiva: (1) estimar os parâmetros genéticos via metodologia REML/BLUP para resistência e desempenho agrônômico; (2) comparar os ganhos genéticos preditos para as características de resistência e agrônômicos, utilizando cinco métodos de índices de seleção; (3) identificar o método mais eficiente para a seleção de indivíduos superiores a serem submetidos a novo ciclo de seleção recorrente; e (4) averiguar a variabilidade genética dos indivíduos selecionados pelo método selecionado de índice de seleção.

3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.2.2.1. Índice de seleção

Em um programa de melhoramento genético vegetal, o indivíduo selecionado reúne, ao mesmo tempo, uma série de características favoráveis, com desempenho comparativamente mais elevado e que satisfaça as exigências do produtor e consumidor (Cruz et al., 2012). Uma metodologia indicada para a seleção de indivíduos superiores é a seleção combinada utilizando índice de seleção (Cruz, 2006), que consiste em uma técnica multivariada que associa as informações relativas a várias características de interesse agrônômico com os atributos genéticos da população avaliada (Neves et al., 2011).

Possibilita a seleção de indivíduos superiores, combinando as diferentes informações sobre o indivíduo em estudo, tornando o processo de melhoramento potencialmente mais eficaz, robusto e viável (Cruz et al., 2012), aumentando as chances de êxito no programa de melhoramento (Resende et al., 2014).

A metodologia de índice de seleção foi proposta inicialmente por Smith (1936), com a finalidade de selecionar diversas características simultaneamente. Posteriormente, Hazel (1943) adaptou esse procedimento ao melhoramento animal. Na literatura, são encontrados vários índices de seleção que podem ser utilizados no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2004).

O índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978) é um tipo de índice fenotípico, de fácil aplicabilidade. O método dispensa a necessidade de obtenção das matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, assim como a identificação dos pesos econômicos relativos às diferentes características. Esse índice consiste em classificar os indivíduos pela média de cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento, e posterior somatório das suas classificações, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção.

Os índices de seleção construídos pela metodologia REML/BLUP para prever os ganhos genéticos podem ser obtidos por três diferentes abordagens: aditivo, multiplicativo e rank médio. No índice de seleção aditivo, são fornecidas as importâncias econômicas relativas ou pesos de cada característica e os valores genéticos padronizados. Para o índice multiplicativo, o agregado

genotípico refere-se ao produto das características, e o índice de rank médio, adaptado de Mulamba e Mock, e os valores genotípicos são classificados para cada característica, e a média dos rankings de cada indivíduo para todas as características é apresentada como resultado final (Viana e Resende, 2014).

O índice de seleção combinada foi proposto e retificado por Silva et al. (2008) e Ramos et al. (2014) e associa pesos às médias padronizadas das características selecionadas, sendo os valores genéticos padronizados multiplicados pelos pesos agrônômicos. Cortes et al. (2018) concluíram que o índice de seleção combinada com base no valor genético padronizado foi consistente na seleção de linhagens superiores de mamoeiro, permitindo ganhos promissores para características produção de frutos e espessura de polpa, demonstrando a vantagem da padronização dos dados.

Os índices de seleção vêm sendo aplicados no melhoramento de diversas culturas, contribuindo de forma eficiente para selecionar múltiplas características simultaneamente em diferentes culturas. A estratégia de índice de seleção também tem sido adotada para a cultura do maracujazeiro-azedo e tem apresentado bons resultados nos ganhos genéticos (Gonçalves et al., 2007; Silva et al., 2017; Dalbosco et al., 2018; Cavalcante et al., 2019; Vidal, 2021).

3.2.2.2. Estudo de variabilidade

Em um programa de melhoramento, um passo essencial é caracterizar os germoplasmas de modo a obter informações básicas sobre os indivíduos, contribuindo substancialmente nas diferentes etapas dos programas por permitir a determinação das singularidades e das diferenças em relação à constituição genética e fenotípica de indivíduos (Franco et al., 2001), possibilitando a escolha de parentais mais divergentes a serem cruzados e, assim, a obtenção de populações segregantes com maior variabilidade genética (Cruz et al., 2012). O estudo de variabilidade genética é definido como o processo pelo qual a variação entre indivíduos, grupos de indivíduos ou populações é realizada por um método específico ou uma combinação de métodos, a partir de diversos grupos de dados, podendo ser estimada tendo como referência características morfológicas, fisiológicas, bioquímicas, citogenéticas e moleculares (Mohammadi et al., 2003).

A quantificação da variabilidade genética feita pelas características morfológicas pode ser estimada pelas análises multivariadas, que se baseiam nas diferenças entre os indivíduos, permitindo analisar múltiplas informações de um conjunto de caracteres, extraídas das unidades experimentais (Fonseca et al., 2006).

Os algoritmos mais utilizados para estudos de variabilidade genética são os componentes principais da análise de variáveis canônicas, bem como métodos de agrupamento (Sudré et al., 2007). O método de agrupamento envolve duas etapas: a primeira refere-se ao cálculo das medidas de distância de dissimilaridade e a segunda, à utilização de uma técnica de agrupamento para formação dos grupos (Cruz et al., 2012). Para tal, podem ser utilizadas a distância generalizada de Mahalanobis, a distância euclidiana, entre outras. A distância euclidiana média pode ser obtida por observações individuais dos indivíduos, sem depender do uso de uma matriz de covariâncias residuais estimadas pelos ensaios experimentais com repetição, já que um experimento com culturas perenes nem sempre é possível atender essas condições (Cruz et al., 2012).

Um dos principais métodos hierárquicos utilizados pelos pesquisadores é o método da ligação média não ponderada entre grupos, mais conhecido como UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*). Essa técnica de agrupamento utiliza as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade, evitando caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os indivíduos considerados, sendo a construção dos dendrogramas estabelecida pelos modelos ajustados de menor dissimilaridade (Cruz et al., 2012).

Considerando que esta proposta tem como objetivo o início do programa de melhoramento via seleção recorrente e que a população escolhida para compor o ciclo zero compreende indivíduos selecionados de populações segregantes, torna-se alvissareiro o estudo da variabilidade dos indivíduos envolvidos na etapa inicial do programa, sendo aventada a possibilidade do estudo de formação de grupos heteróticos (Silva et al., 2014)

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Área experimental e população avaliada

O experimento foi conduzido na unidade experimental da UENF, localizada na Escola Técnica Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do Estado do Rio de Janeiro, entre os meses de novembro de 2019 e abril de 2021. O Clima é classificado como tropical úmido (Aw), segundo classificação Köppen. A região tem temperatura média anual de 23,9 °C e precipitação média anual de 1112 mm, com chuvas concentradas nos meses de outubro a março (INMET, 2022).

As progênes submetidas à seleção recorrente são provenientes da recombinação de indivíduos da população de segunda geração de retrocruzamento (RC₂) (Vidal et al., 2021), indivíduos da população oriunda de recombinantes entre os indivíduos da geração RC₁ (Gonçalves et al., 2021b) e de híbridos interespecíficos entre *P. edulis* – ‘UENF Rio Dourado’ (suscetível) *P. setacea* (resistente) (Santos et al., 2014), do programa de melhoramento do maracujazeiro visando à resistência ao CABMV da UENF. Foram selecionados 38 indivíduos superiores em relação à resistência e ao desempenho agrônômico, os quais foram inter cruzados em pares para a formação das 90 progênes de irmãos completos.

3.2.3.2. Instalação e Condução do Experimento

O delineamento experimental adotado foi em blocos ao acaso, composto por 90 famílias, com três repetições e três plantas por parcela, totalizando 810 plantas. Foram feitas avaliações individuais das plantas. Além das famílias de irmãos completos, a cultivar UENF Rio Dourado (*P. edulis*) (Viana et al., 2016a) e *P. setacea* também foram conduzidas em campo.

O sistema utilizado para a condução das plantas em campo foi em espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m de altura, espaçados de 4 m, com um fio de arame número 12 a 1,80 m do solo. A distância entre as linhas de plantio foi de 3,5 m e 2 m entre covas. Foi utilizada irrigação do tipo localizada por gotejamento. A calagem e as adubações de plantio e de cobertura foram feitas de

acordo com a análise de solo, seguindo as recomendações de Costa et al. (2008). Os tratos culturais foram feitos sempre que necessário, conforme recomendações para a cultura do maracujazeiro (Costa et al., 2008) (Figura 1).



Figura 1. Alguns dos tratos culturais realizados na população de maracujazeiro do primeiro ciclo de seleção recorrente, na área experimental localizada na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2023. Acervo: Próprio.

3.2.3.3. Avaliação de resistência ao CABMV e desempenho agrônômico

As avaliações da severidade da virose nos indivíduos foram feitas a partir dos primeiros sintomas observados, tendo as plantas sido avaliadas quinzenalmente, no período de 15 meses, totalizando 30 avaliações entre janeiro de 2020 e março de 2021. Não houve necessidade de inoculação do vírus nas plantas em estudo, pois elas foram conduzidas em uma área com histórico da doença, sendo avaliadas segundo a ocorrência natural do CABMV. Também na área experimental havia indivíduos de *P. edulis* que estavam previamente

infectados com o CABMV (Carvalho et al., 2021). Além disso, era praticada a poda dos ramos, sem a higienização dos equipamentos, que pode favorecer o aumento da incidência do CABMV.

As avaliações dos sintomas da virose foram feitas visualmente em folhas jovens, a partir da terceira folha mais jovem nos ramos novos e na planta inteira, pela distribuição dos sintomas da virose em toda a área ocupada pela planta. A severidade dos sintomas foi quantificada por meio de uma escala diagramática de notas com modificações, proposta por Novaes e Rezende (1999), modificada por Oliveira et al. (2013). Ao final das avaliações, com os dados obtidos, foi estimada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para folhas jovens e para o percentual de sintoma na planta (Campbell e Madden, 1990), para cada indivíduo avaliado:

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

Em que, Y_i = proporção da doença na i -ésima observação; T_i = tempo em dias da i -ésima observação; e n = número de observações (Campbell e Madden, 1990). Após estimados os valores médios de AACPD para as folhas jovens e para a área total da planta, foi obtida uma média aritmética simples com as AACPDs (AACPDM).

O período de colheita e de avaliação das nove características morfoagronômicas relacionadas à produção e à qualidade de fruto foi de abril de 2020 a abril de 2021, ao final da safra, foram avaliados individualmente 636 indivíduos. Para as características de qualidade de fruto, foram considerados os indivíduos que produziram pelo menos cinco frutos por planta, os quais foram avaliados individualmente e, em seguida, foram feitas as médias aritméticas por indivíduo. As características avaliadas foram:

- Número de frutos por planta (NF): Os frutos foram colhidos duas vezes por semana e o número total de frutos foi contabilizado para cada indivíduo durante o período de avaliação;
- Produção total por planta (PROD): Todos os frutos maduros coletados ao longo do período de avaliação foram pesados em balança digital semianalítica, e a massa, expressa em gramas por planta (g.planta⁻¹);

- Comprimento do fruto (CF): Foi obtido pelo comprimento longitudinal do fruto, com auxílio de um paquímetro digital, expresso em milímetros (mm).
- Diâmetro do fruto (DF): Foi obtido pela quantificação do comprimento transversal do fruto, com auxílio de um paquímetro digital, e os resultados, expressos em milímetros (mm).
- Massa média dos frutos (MF): Os frutos foram pesados individualmente em balança digital semianalítica, e a massa, expressa em gramas (g);
- Massa da polpa (MP): Obtida pela pesagem da polpa (sementes com arilo), com o auxílio de balança semianalítica, e a massa, expressa em gramas (g);
- Espessura da casca (EC): Determinada pela média aritmética das medidas de quatro pontos da casca externa, com a utilização de paquímetro digital, expressa em mm;
- Teor de sólidos solúveis (SS): A determinação dos sólidos solúveis foi feita por refratometria, expresso em °Brix, sendo obtido com auxílio de um refratômetro analógico, com leitura na faixa de 0 a 32 °Brix; e
- Rendimento da polpa (RP): Obtido pela relação entre a massa da polpa bruta (sementes com arilo) e a massa total dos frutos multiplicada por 100, expresso em porcentagem (%).

3.2.3.4. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos

Os componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (*Restricted Maximum Likelihood* - REML) e para a predição dos valores aditivos e genotípicos dos indivíduos e das progênes, foram feitos pelo Melhor Preditor Linear Não Viciado (*Best Linear Unbiased Prediction* - BLUP). As análises foram feitas no programa Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016), utilizando o modelo estatístico 147, que possibilita avaliação de indivíduos em progênes de irmãos completos com várias observações por parcela, em um local e uma safra, em delineamento em blocos casualizados.

A análise seguiu o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + Wp + e$$

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), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

De acordo com o modelo descrito por Viana e Resende (2014), foi feita a análise de deviance (ANADEV) do seguinte modo:

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

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

Em que, $\ln(L)$ = ponto máximo da função de logaritmo de máxima verossimilhança restrita (REML); y = vetor da variável analisada; m = vetor dos efeitos das observações, assumido fixo; X = matriz de incidência dos efeitos fixos; e V = matriz de variância-covariância de y .

O teste estatístico LRT (teste de razão de verossimilhança) foi utilizado para testar significância dos efeitos (Viana e Resende, 2014):

$$LRT: | - 2\ln(Lse) + 2\ln(Lfm)$$

Em que, Lse = ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos) e; Lfm = ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo.

Foram estimados os seguintes componentes de variância e parâmetros genéticos (REML Individual): $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre progênes de irmãos completos, equivalendo a 1/2 da variância genética aditiva mais 1/4 da variância genética de dominância, ignorando a epistasia; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; \tilde{h}^2_a := h^2 : herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando a fração (1/4) da variância genética de dominância; \tilde{h}^2_{mp} : herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa; $Acprog$: acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa; \tilde{h}^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro

de parcela, obtida ignorando a fração (1/4) da variância genética de dominância e média geral do experimento.

3.2.3.5. Seleção simultânea de características

No presente estudo, os melhores indivíduos foram selecionados, considerando simultaneamente todas as características, por meio do índice de seleção, compreendendo três etapas. Tendo como base a metodologia REML/BLUP, na primeira fase, foram testados os índices aditivo, multiplicativo e mulamba e mock, considerado 612 indivíduos. Para isso, foi utilizado o programa Selegen (Resende, 2016). Os pesos econômicos (índice de seleção aditivo) e as diferentes direções da seleção (índice de seleção aditivo e mulamba e mock) atribuídos às 10 características foram: AACPDM (-100; menor), NF (50; maior), PROD (50; maior), CF (30; maior), DF (30; maior), MF (30; maior), MP (40; maior), EC (-30; menor), SS (10; maior) e RP (40; maior). Os pesos e direções foram estabelecidos com base no objetivo da pesquisa e na importância agrônômica de cada característica, de acordo com o conhecimento dos melhoristas do programa de melhoramento do maracujazeiro da UENF. Nessa etapa, foram indicadas as 26 melhores famílias para seleção dos indivíduos, considerando os melhores ganhos.

Na segunda etapa, os índices de seleção simultânea visando ao ganho individual de cada indivíduo em um agregado genotípico formado por várias características foram realizados no programa Microsoft Excel®. Os 196 indivíduos das 26 melhores famílias, foram agrupados considerando a supervariável (valor do índice) para cada indivíduo com base nos valores genotípicos preditos via REML/BLUP das 10 características avaliadas.

Foram testados cinco diferentes índices de seleção: rank médio de Mulamba e Mock (1978) (MM); índice aditivo (IA); multiplicativo (IM); rank médio adaptado de Mulamba e Mock (RM); e índice de seleção combinada (ISC), para seleção dos indivíduos superiores.

Tendo em vista os valores genotípicos preditos, foram aplicados o índice aditivo (IA), o multiplicativo (IM) e o rank médio adaptado de Mulamba e Mock (RM), construídos com base na metodologia REML/BLUP, sucintamente apresentados a seguir:

$$IA = (p * C1) * (VG1 * C1) + (p * C2) * (VG2 * C2) + \dots + (p * Cn) * (VGn * Cn)$$

$$IM = (VG1 * C1) + (VG2 * C2) + \dots + (VGn * Cn)$$

$$RM = (r1 * VG1 * C1) + (r2 * VG2 * C2) + \dots + (rn * VGn * Cn)$$

Em que, * é o sinal de multiplicação; p é o peso econômico estabelecido para a característica; VG é o valor genotípico predito; r é o posto do indivíduo; C é a característica de interesse (valor fenotípico), podendo ser acrescentadas quantas forem necessárias na equação; e n é o número de características consideradas para o índice (Viana e Resende, 2014).

Com os valores genotípicos preditos, foi estimado o índice proposto, retificado por Silva et al. (2008) e Ramos et al. (2014), que associa pesos às médias padronizadas das características selecionadas. Para o presente estudo, foram empregados os valores genotípicos. O índice pode ser estimado pela seguinte equação:

$$ISC = (VG1 * p1) + (VG2 * p2) + \dots + (VGn * pn)$$

Em que, * é o sinal de multiplicação; p é o peso econômico estabelecido para a característica, podendo ser positivo ou negativo de acordo com a direção da seleção; e VG é o valor genotípico predito padronizado da característica.

Ao índice de rank médio de Mulamba e Mock (1978), foram somadas as ordens de cada indivíduo, dando origem ao índice de seleção, representado da seguinte forma:

$$MM = r1 + r2 + \dots + rn$$

Em que, r é a classificação (ou posto) de um indivíduo em relação à j -ésima característica e n é o número de característica consideradas para o índice.

Para aplicação dos índices de rank médio Mulamba e Mock (1978) (MM) e rank médio adaptado de Mulamba e Mock (RM), foram mantidas as tendências de acréscimo e decréscimo aplicadas para o índice aditivo (a partir da metodologia REML/BLUP), mas sem a atribuição de pesos econômicos. Os valores genotípicos foram classificados em ordem decrescente para todas as características, exceto para as características AACDPM e espessura de casca,

que foram classificadas em ordem crescente, seleção para menores valores, pois para essas características são desejados os menores valores dos efeitos genéticos aditivos preditos e ganhos. Então, foram atribuídos números de 1 a 196 para o ranqueamento em cada característica, após a classificação, foram somadas as ordens de cada indivíduo, referentes a cada característica, resultando em um valor geral considerado o índice de seleção.

Para a terceira etapa, foi feita a seleção nos indivíduos da segunda etapa em cada índice de seleção. A intensidade de seleção utilizada foi de 18,36%, correspondendo a 36 indivíduos, de acordo com Cruz et al. (2014), que indicam intensidade de seleção de 10 a 20% dos indivíduos superiores. Após a seleção dos 36 indivíduos superiores, foi calculado o diferencial de seleção de acordo com a seguinte equação:

$$D_s = X_s - X_o$$

Em que, D_s é o diferencial de seleção; X_s é a média dos indivíduos selecionados; e X_o é a média de todos os indivíduos da população.

O ganho por seleção foi estimado pela seguinte equação:

$$G_s = h \times D_s$$

Em que, G_s é o ganho com a seleção e h é a herdabilidade de cada característica, que, neste caso, foi considerada a herdabilidade com base na média de família.

Foram feitas comparações entre as estratégias de seleção pela análise de coincidência dos 36 indivíduos selecionados. Para estimar o índice de coincidência, foi utilizado o método de Pedrozo et al. (2009). Obtido pela relação entre o dobro do número de indivíduos que coincidem em dois índices de seleção (A e B) e a soma do número total de indivíduos que contêm o índice de seleção "A" mais o número total de indivíduos que contêm o índice de seleção "B".

Para identificar a tendência dos ganhos nas três etapas realizadas para a seleção dos melhores indivíduos (1º etapa - 612 indivíduos, 2º etapa - 196 indivíduos e 3º etapa- 36 indivíduos do melhor índice de seleção), foram construídos gráficos *Boxplots* para as 10 características avaliadas. Os gráficos foram constituídos pelos valores fenotípicos de cada indivíduo e pelos parentais

(*P. edulis* e *P. setacea*). Os gráficos de *Boxplots* foram feitos no programa R, utilizando o pacote: *ggplot2* (R Core Team, 2022).

3.2.3.6. Estudo de variabilidade

Para o estudo de variabilidade, foram utilizados os 36 indivíduos indicados pelo melhor índice de seleção para a população e mais os parentais (*P. edulis* - Cultivar UENF Rio Dourado e *P. setacea*).

Foram obtidos os valores do fator de inflação da variância (VIF) para cada variável. Esse fator é um indicativo da presença de multicolinearidade entre as variáveis avaliadas. Para encontrar o VIF, foram ajustados modelos de regressão linear para cada variável, em que em cada modelo uma variável que antes era preditora se torna a variável resposta quando está sendo pontuada para VIF, seguindo:

$$VIF_i = \frac{1}{1 - R_i^2}$$

Para ajuste dos modelos lineares e obtenção dos valores, foi utilizado o pacote função `performance::check_collinearity` (Lüdecke, 2021) em linguagem R (R Core Team, 2022) e removida a variável que apresentasse alta correlação e maior VIF.

Posteriormente, as variáveis que não apresentarem VIF altos foram utilizadas para calcular a Distância Euclidiana entre os indivíduos estudados seguindo:

$$D = \sqrt{\sum (A_i - B_i)^2}$$

Antes da estimativa de distâncias, os dados foram normalizados com normalização Z para tornar as variáveis comparáveis, removendo o efeito de ordens de grandeza, e as linhas que continham dados omissos foram desconsideradas. A matriz de distâncias foi utilizada para agrupar os indivíduos por um dendrograma, utilizando o método de agrupamento UPGMA, utilizando o pacote função `cluster::agnes` (Maechler et al., 2022), em linguagem R (R Core Team, 2022).

3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.2.4.1. Componentes de variância e parâmetros genéticos

Na análise de deviance para efeitos genotípicos estimados, foram verificadas diferenças significativas entre os indivíduos a 1% de probabilidade para todas as características estudadas (Tabelas 1 e 2). Este resultado é desejável, pois reflete a existência de variabilidade genética entre os indivíduos, o que aponta uma alta segregação dentro das famílias, uma vez que a população avaliada foi constituída por uma mistura de híbridos interespecíficos (*P. edulis* e *P. setacea*), indivíduos RC₂, além de recombinantes RC₁. Isso indica a possibilidade de seleção de indivíduos resistentes e com bom desempenho agrônômico para futuros ciclos de seleção recorrente, garantindo, assim, obtenção de ganhos genéticos nesta população e nas subsequentes.

Para as características AACPD (p<0,01), CF (p<0,01) e SS (p<0,05), foram observados efeitos significativos de parcela a 1 e 5% de probabilidade, revelando que existe uma variação ambiental dentro das parcelas e que a seleção individual deve ser feita para as características, considerando os melhores indivíduos, com base em informações do seu valor genético, independentemente da família a que pertence. Os resultados encontrados para os coeficientes de determinação dos efeitos de parcela foram altos para as mesmas características, variando de 0,11 a 0,13, ratificando uma alta variabilidade entre parcelas e alta correlação ambiental entre as observações dentro da parcela.

As estimativas das variâncias (Tabelas 1 e 2) evidenciaram que variância residual dentro de parcela constituiu a maior porcentagem da variância fenotípica individual para todas as características (60,83 a 83,06%), seguida da variância genotípica entre famílias, com exceção do SS, variando de 9,95 a 27,34 % para o SS e CF, respectivamente. As maiores proporções de variância genotípica entre famílias foram verificadas para CF (27,34%), MF (24,51%), MP (24,94%), RP (24,23%) e AACPD (23,19%). Quanto menor a proporção dos efeitos ambientais na variância fenotípica, maior a estimativa de herdabilidade da característica e, conseqüentemente, maior o ganho com a seleção. Todas as características apresentaram altos valores de variância residual por serem quantitativas, em

geral controladas por vários genes e altamente influenciadas pelo ambiente (Preisigke et al., 2020a). Estudo preliminar de mapeamento genético da resistência de *Passiflora* sp. ao CABMV permitiu identificar sete locos de característica quantitativa (QTL) de menores efeitos para resistência ao CABMV em sete dos nove grupos de ligação, indicando que a doença apresenta herança poligênica (Santos et al., 2019).

As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) foram de média e alta magnitude, variando de 0,20 a 0,55, de acordo com a classificação descrita por Resende (2002), em que a herdabilidade é descrita como de baixa magnitude, quando $h^2_a \leq 0,15$, média magnitude entre $0,15 < h^2_a < 0,50$ e alta magnitude com $h^2_a \geq 0,50$. As características CF e MP apresentaram as maiores magnitudes de herdabilidade de sentido restrito, com 0,50 e 0,55, respectivamente. Esses valores indicam possibilidades de ganhos genéticos significativos para todas as características com a seleção de plantas individuais utilizando a metodologia BLUP. Quanto à herdabilidade aditiva dentro de parcela (h^2_{ad}), foram observados valores que variaram de baixo 0,13 (SS) a médio 0,45 (CF), uma possível causa para esse resultado pode ser motivada pelo fato de os efeitos ambientais (residuais) não serem minimizados, pois não são divididos pelo número de repetições e pelo número de plantas por parcela.

Tabela 1. Análise de deviance e estimativa dos parâmetros genéticos, via procedimento REML, para produção total de frutos (PROD/g.planta⁻¹), número de frutos por planta (NF), área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDm), massa média dos frutos (MF/g) e comprimento de fruto (CF/mm) em famílias de irmãos completos de maracujazeiro provenientes de seleção recorrente. Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Efeitos	PROD		NF		AACPDm		MF		CF	
	Deviance	² LTR(χ^2)	Deviance	² LTR(χ^2)	Deviance	² LTR(χ^2)	Deviance	² LTR(χ^2)	Deviance	² LTR(χ^2)
¹ Indivíduos	10752,72	30,27 **	4625,78	18,05 **	7221,18	29,78**	5221,5	34,05**	3239,81	38,44 **
¹ Parcela	10724,29	1,84 ns	4609,22	1,49 ns	7199,68	8,28**	5191,16	3,71 ns	3210,93	9,56 **
Modelo Completo	10722,45		4607,73		7191,4		5187,45		3201,37	
Parâmetros Genéticos ^a										
	PROD	%	NF	%	AACPDM	%	MF	%	CF	%
σ^2_g	1924718,50	21,27	91,27	16,37	8238,49	23,19	504,37	24,51	22,49	27,34
σ^2_{parc}	491153,88	5,43	30,39	5,45	4084,01	11,50	167,67	8,15	9,74	11,83
σ^2_{dentro}	6633900,49	73,30	435,94	78,18	23203,54	65,31	1386,01	67,35	50,04	60,83
σ^2_f	9049772,86		557,60		35526,04		2058,05		82,26	
h^2_a	0,43		0,33		0,46		0,49		0,55	
h^2_{mp}	0,92		0,90		0,86		0,90		0,87	
h^2_{ad}	0,29		0,21		0,36		0,36		0,45	
C^2_{parc}	0,05		0,05		0,11		0,08		0,12	
AC _{prog}	0,96		0,95		0,93		0,95		0,93	
Médias	3796,47		31,60		1171,98		141,93		81,31	

¹Deviance de modelo ajustado. ² LTR (χ^2): teste de razão de verossimilhança. ns: não significativo; **: Significativo a 1% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. ^a σ^2_g : Variância genotípica entre famílias de maracujazeiro; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_{dentro} : variância residual dentro de parcela; σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_{mp} : herdabilidade com base na média de família; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; C^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; AC_{prog} : acurácia da seleção de famílias.

Tabela 2. Análise de deviance e estimativa dos parâmetros genéticos, via procedimento REML, para diâmetro de fruto (DF/mm), massa da polpa (MP/g), espessura da casca (EC/mm), teor de sólidos solúveis (SS/°BRIX) e rendimento de polpa (RP/%) em famílias de irmãos completos de maracujazeiro provenientes de seleção recorrente. Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Efeitos	DF		MP		EC		SS		RP	
	Deviance	² LTR(χ^2)								
¹ Indivíduos	3138,47	10,60 **	4465,44	33,25 **	908,01	19,62 **	1213,97	7,03 **	3212,45	27,71 **
¹ Parcela	3129,18	1,31 ^{ns}	4434,87	2,68 ^{ns}	888,78	0,39 ^{ns}	1213,43	6,49 *	3187,88	3,14 ^{ns}
Modelo Completo	3127,87		4432,19		888,39		1206,94		3184,74	
Parâmetros Genéticos ^a										
	DF	%	MP	%	EC	%	SS	%	RP	%
σ^2_g	7,40	11,66	148,32	24,94	0,25	15,52	0,27	9,95	18,50	24,23
σ^2_{parc}	3,35	5,28	40,60	6,83	0,05	2,89	0,35	12,67	5,53	7,24
σ^2_{dentro}	52,72	83,06	405,87	68,24	1,33	81,59	2,12	77,38	52,32	68,53
σ^2_f	63,47		594,79		1,63		2,74		76,35	
h^2_a	0,23		0,50		0,31		0,20		0,48	
h^2_{mp}	0,87		0,92		0,94		0,70		0,91	
h^2_{ad}	0,14		0,37		0,19		0,13		0,35	
c^2_{parc}	0,05		0,07		0,03		0,13		0,07	
AC_{prog}	0,93		0,96		0,97		0,84		0,95	
Médias	69,64		60,29		5,48		10,92		40,96	

¹Deviance de modelo ajustado. ² LTR (χ^2): teste de razão de verossimilhança. ns: não significativo; **: Significativo a 1% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. *: Significativo a 5% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. ^a σ_g^2 : Variância genotípica entre famílias de maracujazeiro; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_{dentro} : variância residual dentro de parcela; σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_{mp} : herdabilidade com base na média de família; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; C^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; AC_{prog} : acurácia da seleção de famílias.

A herdabilidade em relação às médias de famílias (h^2_{mp}) apresentou magnitude significativamente superior para todas as características, variando de 0,70 a 0,94 para SS e EC, respectivamente. Sendo que EC (0,94), PROD (0,92), MP (0,92), RP (0,91), NF (0,90) e MF (0,90) apresentaram os maiores valores para esta estimativa. Isso indica que a seleção com base nas médias das famílias pode ser mais eficiente que dentro de famílias. Entretanto, Preisigke et al. (2020a) destacam que a seleção dentro de famílias pode ser feita e que a herdabilidade individual é mais importante em uma população segregante de maracujazeiro, uma que os melhores indivíduos são selecionados para avanço de geração no programa de melhoramento visando à resistência ao CABMV. Esses altos valores de herdabilidade média de progênie contribuíram para uma maior acurácia.

Com relação à acurácia da seleção de famílias (AC_{prog}), observou-se variação de 0,84 para a característica SS e 0,97 para a característica EC, com estimativas de altíssimas magnitudes ($\geq 0,90$) para nove das dez características avaliadas nessa população, indicando maior confiabilidade nas inferências, maior precisão na seleção e maior possibilidade de obter ganhos genéticos. Conforme descrito por Resende (2007), essas estimativas com altas precisões facilitam a identificação e a seleção de indivíduos com características desejáveis. Isto destaca o potencial desta população na obtenção de ganhos genéticos durante a execução do programa por meio da seleção recorrente.

3.2.4.2. Seleção simultânea de características via índice de seleção

Com base na seleção simultânea, foram selecionadas as 26 melhores famílias (28,88%) para as 10 características avaliadas na população de maracujazeiro sob seleção recorrente (Tabela 3). Com base em cada índice de seleção, o ranqueamento das famílias foi diferente. Os percentuais de ganhos genéticos observados para todos os índices foram satisfatórios, capazes de proporcionar ganhos consideráveis.

O índice de seleção é uma técnica multivariada promissora para a obtenção de indivíduos que reúnam todas as características de interesse agrônomo simultaneamente, de modo a resultar em maiores ganhos simultâneos, maiores desempenhos e atenderem às demandas do mercado consumidor (Neves et al., 2011; Cruz et al., 2014). Favorece a seleção de

indivíduos com padrões desejáveis para diversas características de forma mais rápida do que a seleção truncada (Silva e Viana, 2012).

Tabela 3. Ranqueamento das 26 famílias com as melhores estimativas de ganho por seleção (GS), utilizando os índices aditivo, multiplicativo e rank médio, adaptado de Mulamba e Mock para as 10 características avaliadas, em famílias de irmãos completos de maracujazeiro provenientes de seleção recorrente. Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Ordem	Índice de Seleção					
	Aditivo		Multiplicativo		Mulamba e Mock	
	Família	GS	Família	GS	Família	GS
1	RS1	27,33	RS1	209,70	RS33	96,12
2	RS33	27,18	RS33	249,89	RS3	95,70
3	RS39	26,71	RS60	249,05	RS1	92,25
4	RS47	25,51	RS32	227,63	RS47	89,39
5	RS22	24,70	RS64	192,85	RS83	87,09
6	RS54	24,14	RS25	179,89	RS26	82,31
7	RS60	23,61	RS50	168,93	RS60	80,56
8	RS26	23,11	RS62	153,31	RS22	78,28
9	RS83	22,67	RS70	142,03	RS32	76,49
10	RS70	22,30	RS2	137,66	RS39	74,57
11	RS3	21,96	RS47	133,95	RS58	72,89
12	RS25	21,65	RS26	130,77	RS54	71,30
13	RS58	21,21	RS22	127,70	RS70	69,51
14	RS64	20,38	RS54	124,67	RS50	67,48
15	RS32	19,97	RS69	121,77	RS69	65,64
16	RS10	19,59	RS76	119,07	RS72	63,91
17	RS51	18,81	RS83	113,64	RS64	62,18
18	RS2	18,06	RS39	110,85	RS2	60,60
19	RS76	17,38	RS3	105,39	RS51	57,52
20	RS62	17,05	RS72	102,81	RS62	56,19
21	RS50	16,75	RS59	100,42	RS10	54,81
22	RS75	16,16	RS58	93,06	RS25	53,41
23	RS24	15,24	RS24	90,66	RS76	52,15
24	RS69	14,93	RS51	83,99	RS24	44,83
25	RS59	14,36	RS75	79,72	RS59	43,83
26	RS72	14,09	RS10	77,70	RS75	42,00
Média do índice		20,57		139,50		68,89

Após a identificação dos 196 indivíduos pertencentes às 26 famílias selecionadas, foram ranqueados os 36 melhores indivíduos, de acordo com cada índice de seleção, e feita a análise de coincidência (Tabela 4). De acordo com os resultados, os coeficientes de coincidência variaram entre as estratégias, em razão da divergência nos indivíduos selecionados, com variação de 0,03 a 0,72.

Tabela 4. Coeficientes de coincidência de 36 indivíduos selecionados com uso dos índices de seleção, quanto às 10 características avaliadas, em famílias de irmãos completos de maracujazeiro provenientes de seleção recorrente. Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Índice de Seleção	MM	RM	IA	ISC	IM
MM	-	0,42	0,50	0,72	0,28
RM	0,42	-	0,17	0,36	0,03
IA	0,50	0,17	-	0,70	0,50
ISC	0,72	0,36	0,70	-	0,33
IM	0,28	0,03	0,50	0,33	-

Mulamba e Mock (1978) (MM); rank médio adaptado de Mulamba e Mock (RM); índice aditivo (IA); índice de seleção combinada (ISC) e multiplicativo (IM).

Observou-se que entre os indivíduos selecionados pelos índices de seleção, a maior coincidência foi entre os índices de MM e ISC, correspondendo a 0,72, seguido do ISC e IA com 0,70, indicando que são bastantes similares na seleção de indivíduos com melhor desempenho. Em contrapartida, pode-se observar que a ordem de ranqueamento dos indivíduos variou em função dos diferentes índices. Para Segundo et al. (2022), é considerada uma coincidência satisfatória, acima de 0,5, entre os índices de seleção, sendo o que proporciona o melhor equilíbrio na distribuição dos ganhos de seleção.

Entretanto, a menor coincidência nos referidos índices foi de 0,03 para RM e IM. A diferença observada pode ser relacionada ao emprego do posto do indivíduo na construção do RM, já que, quanto maior o valor genético do indivíduo para cada característica, menor é o posto em que estará classificado. Segundo Pedrozo et al. (2009), para maior concordância dos resultados, maior deverá ser o coeficiente de coincidência entre os dois índices. Em geral, o índice multiplicativo (IM) não foi consistente ao classificar os indivíduos com base em todas as características, sendo inadequada a sua utilização no processo seletivo. Resultados semelhantes foram encontrados por Ramos et al. (2014), em que o índice IM forneceu valores insatisfatórios de coeficiente de coincidência entre cinco índices de seleção, não indicando sua utilização tanto na seleção das melhores progênes quanto na identificação de potenciais indivíduos para serem empregados como genitores.

Após a seleção na terceira etapa para os 36 melhores indivíduos de cada índice, foram calculados os ganhos genéticos com base no diferencial de seleção das dez características avaliadas (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativas dos ganhos de seleção com base no diferencial de seleção, via cinco diferentes índices de seleção para 10 características avaliadas, considerando intensidade de seleção de 18,36 %, em famílias de irmãos completos de maracujazeiro provenientes de seleção recorrente. Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Índice de Seleção	PROD (g.planta ⁻¹)	NF	AACPDM	MF (g)	CF (mm)	DF (mm)	MP (g)	EC (mm)	SS (°BRIX)	RP (%)
MM	2891,12	14,17	-17,48	36,06	6,67	4,60	45,44	-0,03	1,47	3,26
RM	1285,37	5,76	-5,61	9,99	3,35	2,50	10,50	-0,29	0,10	2,25
IA	2824,54	20,51	-100,63	14,39	3,24	2,24	13,85	-0,13	0,15	2,73
ISC	2952,00	16,96	-83,39	24,97	4,42	3,47	19,34	-0,03	0,21	2,98
IM	34,67	3,99	229,99	- 11,53	0,06	-1,10	-5,20	0,35	0,33	- 2,50

Mulamba e Mock (1978) (MM); índice aditivo (IA); multiplicativo (IM); rank médio adaptado de Mulamba e Mock (RM); e índice de seleção combinada (ISC). Produção total de frutos (PROD); número de frutos por planta (NF); área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM); massa média dos frutos (MF) e comprimento de fruto (CF); diâmetro de fruto (DF); massa da polpa (MP); espessura da casca (EC); teor de sólidos solúveis (SS); e rendimento de polpa (RP).

Os ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de MM proporcionaram valores simultâneos mais elevados para as características MF, CF, DF, MP, SS e RP, com variação de 1,47 para SS a 36,06 para MF. Em uma população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional, Silva et al. (2012) observaram que os ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de Mulamba e Mock proporcionaram valores positivos para NF, PROD e MF, simultaneamente. Dalbosco et al. (2018; 2019) testaram diferentes índices de seleção em progênies de maracujazeiro azedo sob seleção recorrente intrapopulacional e verificaram que o índice de seleção de Mulamba e Mock apresentou ganhos satisfatórios e foi considerado viável no melhoramento simultâneo de várias características e eficiente para a seleção de progênies.

O índice ISC proporcionou os maiores ganhos genéticos em relação aos demais índices para PROD, sendo 2952,00, seguido do MM (2891,12) e do IA

com 2824,54. Em mamoeiro, o índice ISC possibilitou a seleção combinada de seis progênies superiores e também forneceu ganhos genéticos promissores em características de importância significativa para o melhoramento da cultura, principalmente para produção (Cortes et al., 2019). Ramos et al. (2014) compararam a eficiência de seleção utilizando diferentes índices para o avanço de geração no programa de melhoramento do mamoeiro da UENF e concluíram que o ISC é consistente e permite a indicação de progênies e indivíduos produtivos, também com valores satisfatórios para o teor de sólidos solúveis, firmeza e deformação do fruto.

O índice multiplicativo (IM) proporcionou os menores ganhos genéticos em relação aos demais índices. Para resistência à virose e espessura de casca, mostrou desempenho indesejável, com ganhos de 229,98 e 0,35, respectivamente, sugerindo que ele não seja indicado para seleção, pois o ganho destas características não é desejável, além de apresentar ganhos negativos para MF, DF, MP e RP. Vidal (2021), tendo em vista que, avaliando famílias de irmãos completos de maracujazeiro da segunda geração de retrocruzamento (RC_2), constatou-se que o IM proporcionou os menores ganhos genéticos, entretanto, para AACPDM (-4,90) e EC (-0,55), mostrou desempenhos desejáveis. Diferentemente dos resultados encontrados por Gonçalves Júnior (2019), que trabalhou com três famílias de irmãos completos, oriundas da recombinação entre indivíduos da primeira geração de retrocruzamento (RC_1) de maracujazeiro e verificou que o índice multiplicativo foi o que apresentou maior magnitude de ganhos. O índice de seleção multiplicativo pode ser desvantajoso em razão da falta de ponderação das características, pois esse índice não atribui pesos à importância das diferentes características que o compõem, considerando o mesmo peso para as diferentes características (Segundo et al., 2022).

Para a AACPDM, com exceção do índice multiplicativo, todos apresentaram valores negativos de ganho (Tabela 5). Para a característica, a seleção feita é negativa, isto é, quanto menor o valor de ganho, melhor a performance individual, pois o objetivo é diminuir a intensidade da doença nos indivíduos em seleção, já que a nova média é calculada pela soma entre o ganho genético e a média geral observada para a característica. A AACPDM corresponde a interações numéricas da proporção de doenças em relação ao

tempo e, assim, quanto mais resistente o indivíduo, menor o valor da AACPDM (Gonçalves et al., 2021b).

De acordo com os ganhos, a melhor estratégia de seleção para obtenção de resistência foi com a utilização do índice aditivo (IA), com valores de ganho de -100,63, seguido do índice ISC, com - 83,39. Os índices podem promover ganhos distintos em razão dos diferentes princípios para possibilitar a seleção de indivíduos, podendo gerar ganhos distintos (Viana e Resende, 2014).

Além do AACPDM, observa-se que o índice IA também foi melhor para NF, com ganhos de 20,51. O número de frutos por planta está diretamente relacionado ao aumento da produção do maracujazeiro. Para o programa de melhoramento genético visando à resistência ao CABMV, a principal característica em avaliação é o AACPDM. É de grande relevância a ponderação do nível de importância de cada característica agrônômica durante o processo de seleção de indivíduos, com escolhas que sejam simultaneamente práticas e eficazes na obtenção de ganhos genéticos (Segundo et al., 2022).

Neste contexto, entre os índices utilizados no trabalho, o aditivo adaptado é o mais promissor para seleção simultânea de indivíduos superiores visando à resistência, não apenas por proporcionar maiores ganhos para AACPDM e NF, mas também por revelar ganhos satisfatórios para características desejáveis ao melhoramento do maracujazeiro, como na produção (2824,54). Avaliações em famílias de irmãos completos de maracujazeiro da segunda geração de retrocruzamento identificaram que o índice de aditivo (IA) foi o melhor para estimativa de ganho de seleção para a característica número de frutos (Vidal, 2021). Krause et al. (2020) avaliaram 118 famílias de irmãos completos e três testemunhas adicionais de maracujazeiro-azedo e verificaram que os maiores ganhos percentuais preditos para as principais características (NF e PROD) foram estimados quando utilizados os índices aditivos com os pesos aleatórios.

A metodologia do índice aditivo (IA) mostrou-se a mais adequada em relação aos demais índices de seleção, selecionando indivíduos com alto desempenho relativo, prometendo ganhos genéticos preditos para a cultura do maracujazeiro visando à resistência à virose. Com isso, o índice IA foi utilizado para selecionar os melhores indivíduos, considerando todas as características avaliadas. A seleção foi feita com intensidade de seleção de 18,36% (Tabela 6).

Tabela 6. Ranqueamento dos 36 indivíduos com as melhores estimativas de ganho por seleção (GS), utilizando os índices aditivos (IA) para as 10 características avaliadas, em famílias de irmãos completos de maracujazeiro, provenientes de seleção recorrente. Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Ordem	Índice de Seleção IA			
	Família	Pedigree	Indivíduo	GS
1	SR54	551 (RC ₂ -501) x 42 (RC ₂ -355)	126	73,37
2	SR75	627 (RC ₂ -293) x 583 (RC ₂ -355)	506	34,49
3	SR60	551 (RC ₂ -501) x 583 (RC ₂ -355)	156	30,21
4	SR54	551 (RC ₂ -501) x 42 (RC ₂ -355)	127	25,62
5	SR33	167 (FIC ₂) x 495 (RC ₂ -293)	611	24,43
6	SR39	323 (RC ₂ -293) x 95 (RC ₂ -501)	443	19,91
7	SR39	323 (RC ₂ -293) x 95 (RC ₂ -501)	724	17,15
8	SR39	323 (RC ₂ -293) x 95 (RC ₂ -501)	219	16,92
9	SR10	89 (RC ₂ -501) x 281 (RC ₂ -355)	462	14,82
10	SR64	556 (RC ₂ -501) x 82 (FIC ₁)	374	14,00
11	SR1	42 (RC ₂ -355) x 571 (RC ₂ -501)	745	13,88
12	SR54	551 (RC ₂ -501) x 42 (RC ₂ -355)	280	11,67
13	SR25	156 (RC ₂ -293) x 571 (RC ₂ -501)	229	10,12
14	SR3	42 (RC ₂ -355) x 82 (FIC ₁)	144	9,80
15	SR33	167 (FIC ₂) x 495 (RC ₂ -293)	79	9,78
16	SR83	34 (FIC ₂) x 495 (RC ₂ -293)	468	7,95
17	SR83	34 (FIC ₂) x 495 (RC ₂ -293)	231	7,57
18	SR25	156 (RC ₂ -293) x 571 (RC ₂ -501)	672	7,20
19	SR39	323 (RC ₂ -293) x 95 (RC ₂ -501)	220	7,02
20	SR70	572 (RC ₂ -501) x 24 (FIC ₂)	414	6,69
21	SR26	156 (RC ₂ -293) x 24 (FIC ₂)	626	6,63
22	SR58	551 (RC ₂ -501) x 495 (RC ₂ -293)	736	6,46
23	SR83	34 (FIC ₂) x 495 (RC ₂ -293)	469	6,43
24	SR22	156 (RC ₂ -293) x 42 (RC ₂ -355)	579	6,02
25	SR47	441 (RC ₂ -355) x 42 (RC ₂ -355)	213	5,78
26	SR47	441 (RC ₂ -355) x 42 (RC ₂ -355)	598	5,59
27	SR64	556 (RC ₂ -501) x 82 (FIC ₁)	233	5,39
28	SR22	156 (RC ₂ -293) x 42 (RC ₂ -355)	86	5,23
29	SR3	42 (RC ₂ -355) x 82 (FIC ₁)	653	4,97
30	SR60	551 (RC ₂ -501) x 583 (RC ₂ -355)	665	4,69
31	SR33	167 (FIC ₂) x 495 (RC ₂ -293)	317	4,48
32	SR75	627 (RC ₂ -293) x 583 (RC ₂ -355)	698	4,45
33	SR72	583 (RC ₂ -355) x 441 (RC ₂ -355)	526	4,21
34	SR2	42 (RC ₂ -355) x 495 (RC ₂ -293)	303	4,16
35	SR1	42 (RC ₂ -355) x 571 (RC ₂ -501)	83	4,07
36	SR32	167 (FIC ₂) x 483 (RC ₂ -293)	198	4,05

Foram selecionados 36 indivíduos para avanço de geração, com base no índice de seleção que utiliza pesos econômicos, valores fenotípicos e genotípicos preditos padronizados (IA). Os indivíduos indicados para seleção apresentaram ganhos genéticos variando de 4,05 a 73,37 %.

A seleção combinada de indivíduos teve como destaque as famílias SR39, SR33, SR54 e SR83 com o maior número de indivíduos selecionados, tendo os indivíduos 126 (SR54), 506 (SR75), 156 (SR60), 127 (SR54), 611 (SR33) e 443 (SR39) ocupado as seis primeiras posições, com ganhos médios variando de 73,73 a 19,91 %. Na população em estudo, a utilização de índices de seleção é indicada, pois esta estratégia consegue obter ganhos satisfatórios com a seleção eficiente de indivíduos, com respostas favoráveis para as características avaliadas, não apenas para as características mais importantes, mas também para as demais características estudadas no presente trabalho.

A Tabela 7 mostra as médias dos 196 indivíduos da segunda etapa da seleção (média original), as médias dos 36 indivíduos da terceira etapa da seleção (média dos selecionados), além das novas médias estimadas com base no diferencial de seleção para cada característica avaliada para os 36 melhores indivíduos selecionados pelo IA.

Todas as características avaliadas obtiveram ganhos superiores tanto para média dos selecionados quanto para a nova média em relação à média original. Esse resultado revela a eficiência do índice IA na obtenção de ganhos genéticos e na seleção mais acurada na seleção simultânea de indivíduos superiores na população em estudo.

Dessa forma, a seleção dos 36 indivíduos superiores mostra que a população tem alto potencial, com indivíduos fonte de alelos favoráveis para a resistência e bom desempenho agrônômico, sendo promissores genitores em novos cruzamentos para obtenção de progênies para compor o próximo ciclo para dar continuidade ao programa de seleção recorrente. Deste modo, as informações geradas com esse estudo podem contribuir no programa de melhoramento do maracujazeiro, com possibilidade de aumentar a precisão no momento de seleção, ampliar os ganhos genéticos e auxiliar de forma eficiente no processo seletivo de indivíduos que serão utilizados na recombinação.

Tabela 7. Médias originais, médias dos selecionados e novas médias via diferencial de seleção estimadas para as 10 características avaliadas, em famílias de irmãos completos de maracujazeiro, provenientes de seleção recorrente. Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Características	Média Original*	Média dos selecionados**	Nova média***
PROD	5535,55	8604,30	11428,84
NF	41,54	64,36	84,87
AACPDM	1183,62	1066,25	965,62
MF	176,68	192,68	207,07
CF	84,30	88,00	91,24
DF	73,27	73,27	78,09
MP	75,72	90,85	104,71
EC	5,73	5,60	5,47
SS	10,97	11,18	11,32
RP	43,36	46,37	49,11

*Média original: foi obtida dos indivíduos das 26 melhores famílias indicadas pelos índices de seleção; **Média dos selecionadas: foi obtida dos 36 melhores indivíduos indicados pelo índice IA; *** Nova média: foi estimada pelo ganho de seleção via diferencial de seleção. Produção total de frutos (PROD); número de frutos por planta (NF); área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM); massa média dos frutos (MF) e comprimento de fruto (CF); diâmetro de fruto (DF); massa da polpa (MP); espessura da casca (EC); teor de sólidos solúveis (SS); e rendimento de polpa (RP).

A Figura 2 apresenta os Box-plots que descrevem o desempenho dos indivíduos nas três etapas da seleção para todas as características analisadas. Esses gráficos possibilitam a análise do ganho em cada etapa de seleção.

Com exceção da espessura da casca (EC) e teor de sólidos solúveis (SS), os 36 indivíduos selecionados com o índice de seleção IA revelaram ganhos efetivos quando comparados com os indivíduos da seleção da primeira e segunda etapa.

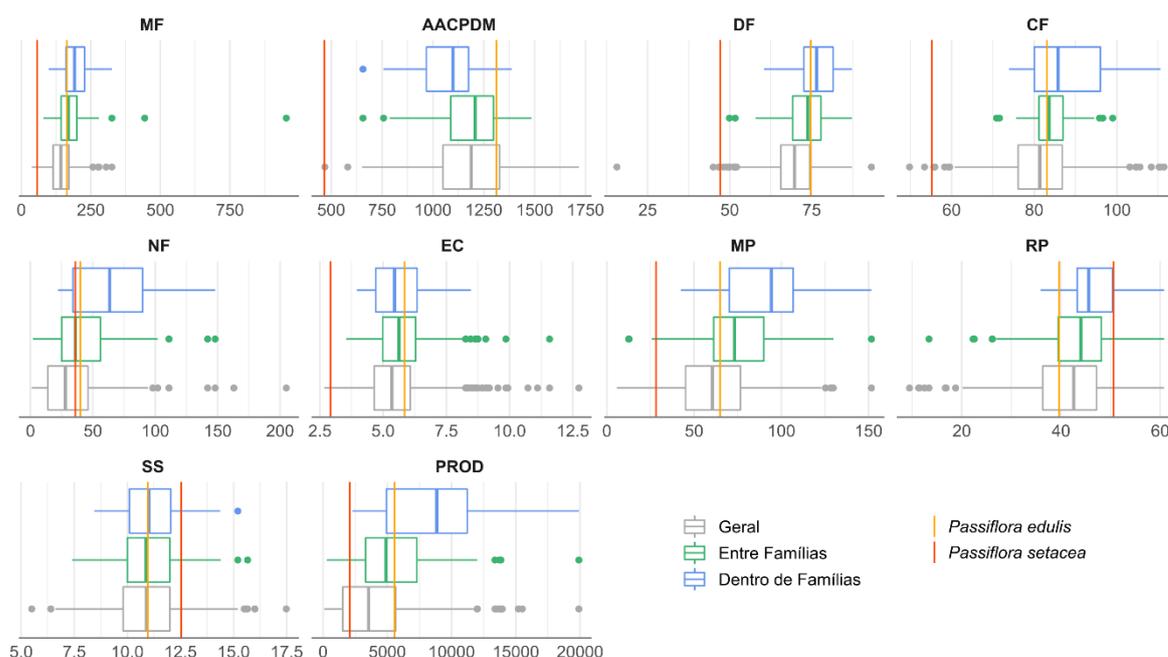


Figura 2. Gráfico Box-plot das diferentes etapas do processo de seleção de indivíduos das 10 características avaliadas, em famílias de irmãos completos de maracujazeiro, provenientes de seleção recorrente. (Cor cinza) média dos 612 indivíduos selecionados na primeira etapa da seleção (Geral); (Cor verde) média dos 196 indivíduos selecionados na segunda etapa da seleção (Entre famílias); (Cor azul) média dos 36 indivíduos selecionados na terceira etapa da seleção (Dentro de famílias); (Linha amarela) *P. edulis*, cultivar UENF Rio Dourado; (Linha vermelha) *P. setacea*. Produção total de frutos (PROD); número de frutos por planta (NF); área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM); massa média dos frutos (MF) e comprimento de fruto (CF); diâmetro de fruto (DF); massa da polpa (MP); espessura da casca (EC); teor de sólidos solúveis (SS); e rendimento de polpa (RP). Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Para AACPDM, verifica-se que, nas três etapas da seleção para a característica, os indivíduos estão mais próximos dos indivíduos de *P. edulis*, parental suscetível ao CABMV, do que *P. setacea*, parental resistente. A AACPDM corresponde a interações numéricas da proporção de doenças em relação ao tempo e, assim, quanto mais resistente for o indivíduo, menor será o valor da AACPDM (Gonçalves et al., 2021b). Desse modo, observa-se que a seleção feita com o índice aditivo (IA), com base nos 36 melhores indivíduos, foi a que mais se afastou da média do *P. edulis*, com menores médias de AACPDM, indicando que os indivíduos dessa seleção são mais resistentes. Na população, o índice IA possibilitou maiores ganhos (seleção para menores valores) para resistência ao CABMV, revelando que, no decorrer do programa de seleção

recorrente, é possível obter ganhos significativos para obtenção de cultivares resistentes.

Foram verificados ganhos genéticos positivos em relação à cultivar UENF Rio Dourado para MF, MP e RP, com $\geq 75\%$ dos indivíduos com valores fenotípicos superiores. O rendimento de polpa do *P. setacea* apresentou média superior à do *P. edulis*. Observou-se que 25% dos indivíduos selecionados apresentaram média superior a *P. setacea*, ficando mais próximo desse parental. Dessa forma, pode-se deduzir que há possibilidade de obter indivíduos com maior massa e rendimento de polpa em futuros ciclos de seleção.

Para as características de DF, CF, NF e PROD dos 36 melhores indivíduos, pode-se observar que mais de 50% dos indivíduos foi superior à cultivar UENF Rio Dourado. Os resultados são promissores, já que a cultivar é referência para características de produção, comprimento e diâmetro do fruto, podendo representar ganhos, em produção e rendimento adequados não só para o mercado *in natura* como para a indústria.

Para SS, as respostas das médias para as três etapas de seleção foram bem semelhantes, mostrando que cerca de 50% dos indivíduos selecionados ficaram acima da média da cultivar UENF Rio Dourado. Esse resultado pode ser atribuído às pequenas diferenças genéticas encontradas para essa característica, uma vez que os indivíduos apresentaram médias semelhantes nas etapas de seleção.

Já para EC, pode-se observar que os melhores indivíduos ficaram mais próximos da cultivar UENF Rio Dourado. Cascas excessivamente grossas são indesejáveis, pois essa característica é inversamente proporcional ao rendimento de suco, entretanto deve ser observado que frutos com casca mais espessa terão risco reduzido de danos no transporte, manuseamento e também oferecem maior resistência contra pragas. Esses resultados sugerem que as possibilidades para a melhoria dessa característica é menor e, conseqüentemente, um discreto progresso genético é esperado, com valores satisfatórios mais próximos do *P. setacea*.

A seleção recorrente é um método populacional eficiente, utilizado com sucesso na cultura do maracujazeiro (Krause et al., 2012; Cavalcante et al., 2018; Cavalcante et al., 2019). Trata-se de um método que permite o aumento gradual da frequência de alelos favoráveis mediante a seleção, em cada geração, entre os

descendentes produzidos por recombinação de indivíduos selecionados na geração anterior, sem reduzir a variabilidade genética da população (Freitas et al., 2012; Borém et al., 2021).

3.2.4.3. Estudo de variabilidade

A análise de agrupamento baseada no método UPGMA separa os indivíduos em grupos de crescente dissimilaridade, possibilitando a distribuição dos 36 indivíduos selecionados pelo índice IA em sete grupos distintos (Figura 3).

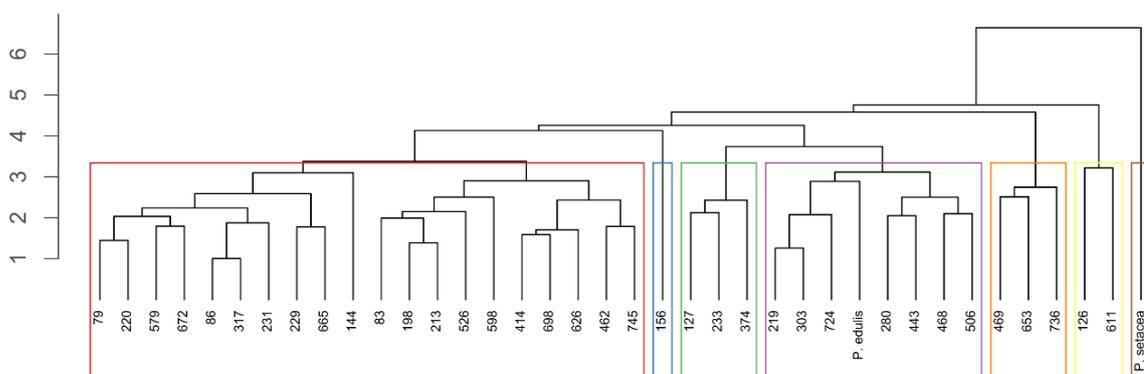


Figura 3. Dendrograma de dissimilaridade genética entre os 36 melhores indivíduos selecionados via índice de seleção aditivo e indivíduos de *P. setacea* e *P. edulis*, pelo método UPGMA, baseado na distância euclidiana média a partir das 10 características avaliadas, em famílias de irmãos completos de maracujazeiro, provenientes de seleção recorrente. Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

O grupo I (cor vermelha) com 20 indivíduos, seguido pelo grupo II (cor azul) com apenas 1 indivíduo, grupo III (cor verde) com 3 indivíduos, grupo IV (cor roxo) com 8 indivíduos, grupo V (cor laranja) com 3 indivíduos, grupo VI (cor amarela) com 2 indivíduos, grupo VII (cor marrom) com 1 indivíduo.

O grupo I foi formado pelo maior número de indivíduos, correspondendo a 55,55% dos indivíduos. Esses indivíduos pertencem a 14 diferentes famílias, RS1(2 indivíduos), RS3(1 indivíduo), RS22(2 indivíduos), RS25(2 indivíduos), RS26(1 indivíduo), RS32(1 indivíduo), RS33(2 indivíduos), RS39(1 indivíduo),

RS47(2 indivíduos), RS60(1 indivíduo), RS70(1 indivíduo), RS72(1 indivíduo), RS75(1 indivíduo) e RS83(2 indivíduos), revelando a variabilidade genética existente entre e dentro de famílias na população segregante.

O grupo II foi composto somente pelo indivíduo 156, pertencente à família RS60. Esse indivíduo apresentou maiores médias de comprimento, diâmetro, massa média e polpa do fruto. Estes resultados demonstram que esse indivíduo apresenta um conjunto diversificado com elevado potencial para combinações das características relacionadas à qualidade de fruto em maracujazeiro.

O grupo III foi composto pelos indivíduos 127, 233 e 374, pertencentes às famílias RS54, RS64 e RS64, respectivamente. Já os indivíduos 219, 303, 724, 280, 443, 468 e 506 do grupo IV pertencentes às famílias RS39, RS02, RS39, RS54, RS39, RS83 e RS75, respectivamente, apresentaram menores valores de AACPDM (791,25 médias dos 7 indivíduos). O *P. edulis* também pertence a esse grupo, com exceção da AACPDM (1312,50 *P. edulis*), as demais características apresentam similaridade com os indivíduos, indicando que esses indivíduos estão geneticamente mais próximos da cultivar UENF Rio Dourado, considerada padrão de produtividade do programa de melhoramento do maracujazeiro.

O grupo V, composto pelos indivíduos 469, 653 e 736, das famílias RS83, RS03 e RS58, respectivamente, apresentou as maiores médias de teor de sólido solúveis e de rendimento de polpa.

O grupo VI, composto pelos indivíduos 126 e 611, das famílias RS54 e família RS33, respectivamente, apresentou as maiores médias de número de frutos e produção. O número de frutos variou em média de 35 frutos para o grupo V a 130 frutos para o grupo VI, a média para a característica produção de frutos variou de 2072,55 g planta⁻¹ para o grupo VII a 16876,02g planta⁻¹ para o grupo VI. O grupo VII foi composto apenas por *P. setacea*, possivelmente isolado dos outros indivíduos em razão da sua altíssima resistência ao CABMV e da dissimilaridade com as características de qualidade dos frutos.

A Figura 4 apresenta os desvios das médias por grupo para as características avaliadas.

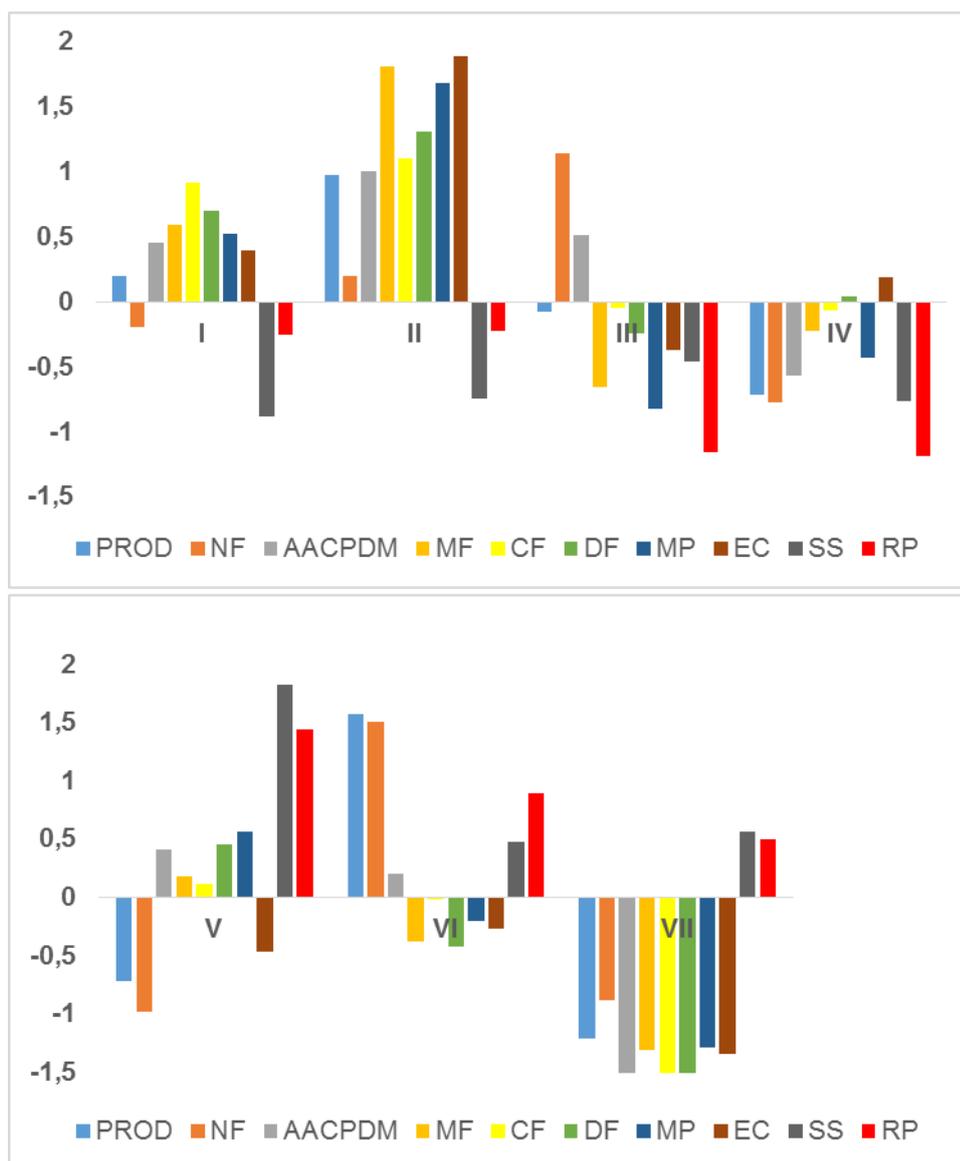


Figura 4. Divergência entre os sete grupos em termos de desvios da média das 10 características avaliadas, entre os 36 melhores indivíduos selecionados via índice de seleção aditivo e indivíduos de *P. setacea* e *P. edulis*. Produção total de frutos (PROD); número de frutos por planta (NF); área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM); massa média dos frutos (MF) e comprimento de fruto (CF); diâmetro de fruto (DF); massa da polpa (MP); espessura da casca (EC); teor de sólidos solúveis (SS); e rendimento de polpa (RP). Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Observou-se destaque de produção nos grupos I, II e VI. Para número de frutos, os grupos que se destacaram foram os grupos II, III e VI. Apenas o grupo IV trouxe desvios médios favoráveis para resistência ao CABMV. Para massa do fruto, comprimento do fruto e massa da polpa, os grupos de destaque foram os grupos I, II e V. Já para diâmetro do fruto, os grupos que se destacaram foram os

grupos I, II, IV e V. Entretanto, para teor de sólidos solúveis e rendimento de polpa, destacaram-se os grupos V, VI e VII.

Os indivíduos do grupo IV devem ser considerados para seleção e recombinação, pois têm fontes de alelos favoráveis para resistência ao CABMV, bem como os indivíduos dos grupos II e VI, que também têm fontes de alelos favoráveis para produção, número de frutos e para as principais características relacionadas à qualidade de fruto. Considerando os resultados dos indivíduos, é possível inferir sobre a escolha e recombinação dos melhores genitores como fonte de alelos de interesse para dar continuidade ao programa de seleção recorrente. O estudo da diversidade genética, combinado com as estimativas de ganhos para as características agrônômicas e de resistência, possibilita a recomendação de cruzamento entre genitores superiores e mais divergentes entre si, garantindo a variabilidade e a manutenção de ganhos genéticos nos próximos ciclos de seleção. Segundo Farias-Neto et al. (2013), a seleção dos melhores genitores depende da escolha correta dos indivíduos em potencial, cuja base é essencial para o sucesso no programa de melhoramento.

3.2.5. CONCLUSÕES

O índice IA é mais consistente na seleção combinada dos 36 indivíduos para as características avaliadas, principalmente para resistência, mostrando que esses indivíduos têm um alto potencial genético para formar a próxima população. Utilizando essa estratégia, fica evidente que a composição de uma população obtida de diferentes estruturas genéticas aumenta as chances de obtenção de segregantes promissores, ampliando a base genética para resistência, garantindo a obtenção de ganhos consecutivos ao longo do programa.

A população tem considerável variabilidade genética com fonte de alelos de interesse para dar continuidade ao programa de seleção recorrente.

3.3. SELEÇÃO RECORRENTE GENÔMICA: MAXIMIZAÇÃO DA EFICIÊNCIA DO MELHORAMENTO DE *PASSIFLORA*

3.3.1. INTRODUÇÃO

A seleção recorrente é um processo cíclico e contínuo, que envolve a obtenção de progênies, avaliação, seleção e recombinação para aumento da frequência dos alelos favoráveis, com consequente deslocamento da média da característica no sentido desejado, além da manutenção da variância genética (Hallauer et al., 2010; Borém et al., 2021). Entretanto, é um procedimento trabalhoso e que demanda muito tempo. A etapa de identificação de indivíduos superiores é um momento crítico em um programa de melhoramento, em razão do alto custo da fenotipagem e da pesquisa experimental (Sant'anna et al., 2019), principalmente para espécies perenes e semiperenes, acentuando a importância da utilização de métodos de seleção acurados.

A seleção recorrente permite a integração de ferramentas de melhoramento genético clássico com a genética molecular ou genômica (Martinez et al., 2014), o que pode tornar o melhoramento do maracujazeiro mais dinâmico e rápido. No melhoramento populacional baseado em seleção recorrente, por meio de avaliações fenotípicas com teste de progênies, vem sendo implementado o uso da seleção recorrente genômica (RGS-Recurrent Genomic Selection), procedimento que utiliza os princípios da Seleção Genômica (GS) (Meuwissen et al., 2001) na seleção recorrente em programas de melhoramento (Fritsche-Neto

et al., 2012; Grenier et al., 2015; Schwantes et al., 2020). Esta abordagem possibilita a seleção indireta com base nos dados genotípicos no DNA, de forma a potencialmente permitir maior ganho genético por unidade de tempo em comparação com a seleção tradicional baseada em informações fenotípicas (Resende et al., 2008).

O uso da seleção genômica nos programas de seleção recorrente tem potencialidades, com consequente aumento dos ganhos em seleção por unidade de tempo e aumento significativo na acurácia seletiva (Fritsche-Neto et al., 2012). Assim, a GS pode ser utilizadas para seleção precoce em programas de seleção recorrente. A GS atua em todo o genoma, buscando capturar todos os efeitos que controlam uma característica quantitativa. A GS pode ser aplicada a todas as famílias em avaliação nos programas de melhoramento genético de espécies alógamas e autógamas (Resende et al., 2008). Apresenta alta acurácia seletiva para seleção baseada exclusivamente em marcadores, cujos efeitos genéticos são previamente estimados a partir de dados fenotípicos em uma amostra da população de seleção. A GS não exige prévio conhecimento da existência, da magnitude do efeito e das respectivas posições genômicas dos QTLs (*Quantitative Trait Loci*) envolvidos no controle da característica sob seleção (Borém e Fritsche-Neto, 2013).

Este trabalho teve como objetivo avaliar o potencial da seleção genômica em um programa de seleção recorrente de maracujazeiro para selecionar os melhores indivíduos no Programa de Melhoramento da UENF. O experimento envolveu uma população com progênies de irmãos completos, conduzida sob seleção recorrente visando ao desenvolvimento de cultivares de maracujazeiro resistentes ao CABMV e com bom desempenho agrônômico,

3.3.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.3.2.1. Seleção genômica

O advento dos marcadores moleculares e os avanços no campo da estatística possibilitaram o desenvolvimento de estratégias de seleção e obtenção

de ganhos potencialmente mais rápidos, em comparação com a seleção baseada em dados fenotípicos. A seleção genômica (*Genomic Selection*) é uma ferramenta eficiente para seleção em um programa de melhoramento, especialmente para características quantitativas controladas por múltiplos genes e com baixa herdabilidade (Yu et al., 2022).

Meuwissen et al. (2001) idealizaram a Seleção Genômica ou Predição Genômica, que consiste na utilização de um grande número de marcadores de DNA, como, por exemplo, SNP, DArt ou Microssatélites, amplamente distribuídos no genoma, de forma a capturar os efeitos de todos os locos (tanto de pequenos quanto de grandes efeitos) e assim explicar grande parte da variação genética de uma característica quantitativa, sem necessidade de identificação prévia ou mapeamento de QTL, ou seja, sem restrição quanto ao número de QTLs considerados na expressão da característica (Heffner et al., 2009; Viana e Resende, 2014). A GS avalia diretamente a variação no DNA, associado (via marcadores) aos locos controladores de uma característica poligênica (Borém e Fritsche-Neto, 2013).

Em culturas perenes e semiperenes, que demandam um período maior para obtenção de uma nova cultivar, o tempo é um obstáculo significativo, o que justifica as altas expectativas na aplicação da GS em programas de melhoramento (Paludeto et al., 2021). Esta abordagem tem muitas vantagens sobre os métodos tradicionais de melhoramento e seleção, principalmente pela possibilidade de considerável economia de tempo. A redução do intervalo de geração aumenta o ganho genético por unidade de tempo e potencialmente permite o aumento na eficiência na predição de valores genéticos (Meuwissen et al., 2001; Resende Júnior et al., 2012; Grattapaglia, 2022). Além disso, a utilização de GS em programas de melhoramento propicia aumento da acurácia, quando comparada à predição fundamentada exclusivamente nas informações de genealogia (Almeida Filho et al., 2016).

O objetivo principal da GS é estimar os efeitos dos marcadores sobre o fenótipo dos indivíduos, uma vez que se supõe a existência de desequilíbrio de ligação (*Linkage Disequilibrium* - LD) em âmbito populacional entre alelos dos marcadores e alelos dos genes que controlam as características quantitativas, para, posteriormente, estimar os valores genéticos genômicos (GEBVs - *Genomic Estimated Breeding Values*) dos indivíduos candidatos à seleção (Viana e

Resende, 2014). O LD entre marcadores e QTL e tamanho efetivo (N_e) têm efeitos inter-relacionados que influenciam fortemente a precisão do GS (Lebedev et al., 2020).

Várias metodologias estatísticas de predição de GEBVs dos indivíduos foram propostas, sendo que os principais métodos podem ser divididos em três grandes classes: regressão explícita, regressão implícita e regressão com redução dimensional. Os métodos de regressão explícita são divididos em dois grupos: métodos de estimação penalizada, como, por exemplo, *Least Absolute Shrinkage and Selection Operator* (LASSO), *Random Regression/Ridge Regression Best Linear Unbiased Predictor* (RR-BLUP), *Genomic Best Linear Unbiased Predictor* (G-BLUP), e métodos de estimação bayesiana, incluindo Bayes A, Bayes B, Fast Bayes B, *Bayesian LASSO* (BLASSO), entre outros (Resende et al., 2014; Viana e Resende, 2014; Lima et al., 2019). Mesmo com todos esses métodos, a abordagem estatística mais simples é amplamente utilizada, como o RR-BLUP, que é essencialmente equivalente ao G-BLUP (Campos et al., 2013; Montesinos-López et al., 2021).

Os estimadores penalizados são obtidos como solução para um problema de otimização, em que a função cujo valor é minimizado é definida pelo balanço entre a soma dos quadrados dos resíduos e o componente de penalização. Os métodos de estimação penalizada diferem segundo as funções de penalização utilizadas, as quais produzem diferentes graus de encurtamento (Resende et al., 2014). O método recomendado é aquele que reflete melhor a natureza biológica da característica estudada em termos de efeitos gênicos (Resende et al., 2008).

Entretanto, apesar da importância, o número de estudos em *Plassiflora* envolvendo GS ainda é reduzido. Em estudo desenvolvido por Viana et al. (2017), a seleção genômica foi aplicada no programa de melhoramento do maracujazeiro da UENF com progênies de irmãos completos provenientes do terceiro ciclo de seleção recorrente de maracujá-azedo. Foram utilizados 213 marcadores do tipo microssatélites para a análise de GS. O estudo comparou diferentes métodos de estimativa dos valores genéticos de GS através da comparação dos modelos bayesianos regressão Bayesian Ridge, Bayes A, Bayes B, Bayes B2, Bayes C π e Bayesian Lasso. Os autores concluíram que a metodologia de modelos bayesianos contribuiu para a implementação de GS e o desenvolvimento de

estratégias para a continuidade dos programas de melhoramento do maracujazeiro na UENF.

Considerando que a UENF desenvolve um programa de melhoramento visando ao desenvolvimento de cultivares de maracujazeiro resistentes ao CABMV e com bom desempenho agrônomico, utilizando a seleção recorrente, associar a este programa a potencialidade da metodologia GS torna-se de relevância não apenas para o próprio programa de melhoramento da UENF como também para a comunidade científica, que será beneficiada com resultados pioneiros em termos de pesquisa para a resistência. Além disso, a aplicação da técnica de GS em *Passiflora* pode vir a contribuir na rapidez da seleção de indivíduos mais adaptados às regiões Norte e Noroeste Fluminense do Rio de Janeiro, Brasil.

3.3.2.2. Método RR-BLUP

Para previsão dos valores genéticos genômicos (GEBVs), são empregados diferentes modelos estatísticos. Os métodos diferem em geral na suposição do modelo genético associado às características quantitativas, ou seja, fornecem diferentes suposições sobre o número e os efeitos dos QTLs (Resende et al., 2008).

A Regressão Aleatória (*Random Regression*) do tipo BLUP (RR-BLUP), aplicada à seleção genômica (RR-BLUP/GS), utiliza preditores do tipo BLUP, os efeitos de marcadores são ajustados como covariáveis aleatórias, ou seja, os fenótipos são regressados com base nessas covariáveis (Meuwissen et al., 2001). O fato de serem covariáveis (escala quantitativa contínua) e não variáveis classificatórias conduz a diferentes matrizes de incidência e, conseqüentemente, a diferentes algoritmos computacionais em relação ao BLUP clássico (Borém e Fritsche-Neto, 2013). Além disso, na previsão de efeitos aleatórios, não é necessário o uso da matriz de parentesco (Schaeffer, 2006).

A técnica da regressão aleatória é um tipo especial da regressão de cumeira (*Ridge Regression*). A predição via RR-BLUP é um modelo linear misto, ajustado para estimar os efeitos dos marcadores (Resende, 2008).

Na GS, o número de marcadores é maior que o número de indivíduos, faltando graus de liberdade para estimar os efeitos de todos os marcadores. Uma

solução para esse problema é usar o método RR (*Ridge Regression*) (Whittaker et al., 2000) ou assumir os efeitos do marcador como aleatórios em vez de fixos. O ajuste de efeitos aleatórios não gasta graus de liberdade, então, os efeitos de todos os marcadores podem ser estimados simultaneamente. Esse método leva ao RR-BLUP, o qual assume que os efeitos do marcador têm uma distribuição normal, com uma variância comum (Endelman, 2011; Meuwissen et al., 2001).

Além disso, não é necessário o uso da matriz de parentesco. No BLUP tradicional, a matriz de parentesco é baseada em *pedigree*, já na metodologia RR-BLUP, a matriz de parentesco é estimada pelos marcadores. Esse procedimento é superior ao uso de *pedigree*, em razão efetivamente da captura da matriz de parentesco feita de cada característica e não uma matriz de parentesco médio associada ao *pedigree* (Borém e Fritsche-Neto, 2013). O RR-BLUP é amplamente utilizado na GS, demonstrando que é capaz de previsões precisas, requerendo menor tempo computacional (Rice e Lipka, 2019).

3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.3.3.1. População de estudo

Para este estudo, foram utilizados dados do primeiro ciclo de seleção recorrente do programa de melhoramento do maracujazeiro da UENF visando ao desenvolvimento de cultivares resistentes ao CABMV e com bom desempenho agrônomico. Esta população de progênies de irmãos completos é proveniente da recombinação de indivíduos da população de segunda geração de retrocruzamento (RC₂) (Vidal et al., 2021), indivíduos da população oriunda de recombinantes entre os indivíduos da geração RC₁ (Gonçalves et al., 2021b) e de híbridos interespecíficos entre *P. edulis* – ‘UENF Rio Dourado’ (suscetível) e *P. setacea* (resistente) (Santos et al., 2014).

O experimento foi conduzido entre novembro de 2019 e abril de 2021 na área experimental da Escola Técnica Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do Estado do Rio de Janeiro, Brasil. O experimento foi estabelecido em um delineamento em blocos ao acaso composto

por 90 famílias, com três repetições e três plantas por parcela, totalizando 810 plantas. Foram feitas avaliações individuais das plantas. Para esse trabalho, foram utilizadas 156 plantas de maracujazeiro, com sintomas típicos da virose e diferentes níveis de severidade, Tabela 1, além do *P. setacea*.

Tabela 1. Variação dos sintomas apresentados pelos indivíduos genotipados da população de maracujazeiro do primeiro ciclo de seleção recorrente, na área experimental localizada na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no Município de Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro (RJ) - Brasil, 2023.

Classificação	Intervalo AACPDm	
Suscetível	1717,5	1342,5
Moderadamente suscetível	1335	1001,25
Moderadamente resistente	997,5	915
Resistente	911,25	468,75

3.3.3.2. Fenotipagem

As seguintes características foram fenotipadas nas 156 plantas de maracujazeiro: Área abaixo da curva de progresso médio da doença (AACPDm); Número de frutos por planta (NF); Produção total por planta (PROD), expressa em g.planta⁻¹; Comprimento do fruto (CF), expresso em mm; Diâmetro do fruto (DF), expresso em mm; Massa média dos frutos (MF), expressa em g; Massa da polpa (MP), expressa em g; Espessura da casca (EC), expressa em mm; Teor de sólidos solúveis (SS), expresso em °Brix; e Rendimento de polpa (RP), expresso em %.

3.3.3.3. Genotipagem

Das 156 amostras de DNA coletadas, foi extraído DNA genômico de folhas jovens totalmente expandidas dos mesmos maracujazeiros fenotipados, pela metodologia descrita por Inglis et al. (2018). Para a identificação dos marcadores moleculares, a genotipagem das amostras foi feita com base na tecnologia de genotipagem por sequenciamento DArTseq (Diversity Arrays

Technology), desenvolvida e otimizada por DArT P/L em Canberra - Austrália (www.diversityarrays.com). Um total de 21140 marcadores SNPs foram identificados para a população em estudo, os quais foram submetidos ao controle de qualidade dos dados genômicos.

De posse das informações genóticas, foram feitos cinco filtros, na sequência: a) retirada de indivíduos com > 10 % de dados perdidos; b) descarte de SNPs com > 5 % de dados perdidos; c) descarte de SNPs com MAF (*minor allele frequency* - frequência do alelo menos comum) < 5 %; d) descarte de SNP com frequência de heterozigotos >99%; e e) SNP com correlação ao quadrado (r^2) acima de 0,95, se dois SNP apresentassem $r^2 > 0,95$, um deles era eliminado. A densidade de SNP antes e após o controle de qualidade foi de 21140 para 6715 SNPs, respectivamente, representando uma redução do conjunto inicial de marcadores em 68,23 %. A aplicação desses filtros resultou em um conjunto de dados para 135 indivíduos individuais dos 810 fenotipados.

3.3.3.4. Análises Estatísticas

O método de seleção genômica usado foi o de regressão aleatória (Random Regression), do tipo BLUP (RR-BLUP), conforme descrito por Resende et al. (2010):

$$y = \mathbf{1}\mu + Zm + e$$

Em que, y é o vetor de observações fenotípicas; μ é o intercepto; m é o vetor dos efeitos aleatórios das marcas (efeito de substituição alélica); e e refere-se ao vetor de resíduos aleatórios. Z é a matriz de incidência para m . A matriz de incidência Z contém os valores 0, 1 e 2 para o número de alelos do marcador. A estrutura de médias e variâncias é definida como:

$$\begin{aligned} m &\sim N(0, I\sigma_m^2); \\ E(y) &= \mathbf{1}\mu; \\ e &\sim N(0, R = I\sigma_e^2); \\ \text{Var}(y) = V &= ZZ' \sigma_m^2 + I\sigma_e^2. \end{aligned}$$

Sob essas configurações, a equação de modelos mistos genômicos para a predição de m por meio do RR-BLUP/GS é equivalente a:

$$\begin{bmatrix} n & 1'Z \\ Z'1 & Z'Z + I\lambda \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\mu} \\ \hat{m} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

$$\lambda = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_m^2}$$

Em que, n é o número de indivíduos e os outros termos apresentados anteriormente. Pelo RR-BLUP, uma estimativa do efeito de cada marcador é obtida pela regressão dos registros fenotípicos ajustados sobre os indivíduos marcadores.

O valor genético genômico (GEBV) do indivíduo é dado por:

$$\hat{g}_j = \sum_i Z_{ij} \hat{m}_i$$

3.3.3.4.1 Validação Cruzada

Para a metodologia de seleção genômica avaliada, a validação cruzada do modelo preditivo foi feita utilizando uma abordagem em que o conjunto de dados é dividido aleatoriamente em k conjuntos de dados de tamanhos aproximadamente iguais. Foi adotada uma validação cruzada (k -fold) com $k = 5$ partições, isto é, a população foi particionada em cinco subconjuntos mutuamente exclusivos e a cada rodada quatro desses subconjuntos constituíram a população de treinamento e o subconjunto restante constituiu a população de validação. Este processo foi repetido 5 vezes, utilizando um conjunto diferente de indivíduos como população de validação a cada vez.

Durante a etapa de validação, os indivíduos do grupo omitido tiveram seus valores genéticos estimados genômicos (GEBV) preditos:

$$GEBV_j = \sum_{i=1}^{n^{\circ} \text{ SNP}} Z_{ij} \hat{m}_i$$

Para calcular a acurácia da GS, foi utilizado o valor genético genômico estimado (GEBV) do indivíduo j via RR-BLUP.

O método de seleção genômica rrBLUP foi analisado utilizando o pacote função `mixed.solve::rrBLUP`(Endelman, 2011), em linguagem R (R Core Team, 2022).

3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.4.1 Predição de valores genéticos genômicos

A predição de valores genéticos genômicos é influenciada pela herdabilidade. Deste modo, quanto maior a herdabilidade de uma característica, melhor será a identificação de indivíduos superiores para serem utilizados como genitores nas próximas gerações (Viana et al., 2017).

Com base nas estimativas de componentes de variância, é possível verificar que a maior contribuição da variância genotípica (σ^2_g) para a variância fenotípica (σ^2_f) foi para a AACPD, seguida de MP, PROD e MF. Este resultado é indicativo de uma boa possibilidade de ganho genético para essas características com a seleção dos melhores indivíduos por predição genômica (Tabela 2).

De acordo com a classificação proposta por Resende (2002), a herdabilidade pode ser classificada como baixa ($\leq 0,15$), média ou moderada ($0,15 < h^2 < 0,50$) ou alta magnitude ($\geq 0,50$). No presente estudo, as herdabilidades apresentaram estimativas de baixa, média e alta magnitude para as características, variando de 0 a 0,84, para EC e AACPD, respectivamente.

Entre as características, a AACPD apresentou o maior valor de herdabilidade, de 0,84. Para PROD, NF, MF, DF, CF, MP e RP, as estimativas verificadas foram de moderadas magnitudes, variando de 0,20 a 0,32. A herdabilidade de uma característica é um dos fatores responsáveis por afetar a acurácia dos modelos de seleção genômica. Geralmente, quanto maior o coeficiente de herdabilidade da característica, maior poderá ser a acurácia do modelo. Entretanto, para EC e SS, as herdabilidades foram baixas (Tabela 2).

Tabela 2. Componentes de variância, herdabilidade (h^2) e acurácia seletiva da herdabilidade (A_c), utilizando SNP para associar marcas ao fenótipo em *Passiflora edulis* para produção total de frutos (PROD); número de frutos por planta (NF); área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM); massa média dos frutos (MF) e comprimento de fruto (CF); diâmetro de fruto (DF); massa da polpa (MP); espessura da casca (EC); teor de sólidos solúveis (SS); e rendimento de polpa (RP). Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Características	σ_g^2	σ_e^2	σ_f^2	h^2	A_c
PROD	2397159,96	5314994,91	7712154,87	0,31	0,44
AACPDM	37643,36	7296,14	44939,49	0,84	0,72
NF	151,90	548,25	700,15	0,22	0,37
MF	488,30	1125,99	1614,29	0,30	0,45
DF	14,25	58,13	72,38	0,20	0,38
CF	21,68	81,27	102,95	0,21	0,45
MP	130,83	280,14	410,98	0,32	0,45
EC	0	14,56	14,56	0	0,09
SS	0,36	4,72	5,08	0,07	0,26
RP	16,01	49,27	65,28	0,25	0,33

σ_g^2 : Variância genotípica; σ_e^2 : variância ambiental; σ_f^2 : variância fenotípica; h^2 : herdabilidade e A_c : acurácia da seleção.

Mesmo em caracteres de baixa herdabilidade, a seleção genômica pode proporcionar ganhos genéticos significativos, uma vez que permite reduzir a duração do ciclo de seleção e melhorar a seleção para características poligênicas, de alto custo de avaliação e de difícil mensuração (Resende et al., 2014; Sousa et al., 2019).

A baixa herdabilidade observada para algumas características pode estar relacionada ao tamanho amostral, visto que foi feita uma amostragem restrita na população. De acordo Borém et al. (2021), as estimativas de herdabilidade são feitas em amostras da população, portanto seu tamanho e representatividade afetam as estimativas obtidas. Além disso, a herdabilidade varia em função da característica, do método de estimação, da diversidade na população, do nível de endogamia da população, da extensão do desequilíbrio de ligação na população, do número e tipo de ambientes considerados, da unidade experimental considerada e da precisão na condução do experimento e da coleta de dados.

A utilização de informações genômicas permite obter predições muito mais cedo em comparação com o uso de informações fenotípicas, com redução de tempo e do custo para a seleção. A alta acurácia da GS e a possibilidade de

seleção em fases iniciais de desenvolvimento levarão a grandes alterações nas estratégias de melhoramento em diversas espécies (Resende et al., 2008).

A acurácia variou de 0,09 a 0,72, consideradas de baixa e alta magnitudes para as características avaliadas (Tabela 2). De modo geral, o parâmetro que exerceu maior influência na acurácia do RR-BLUP foi o efeito ambiental, uma vez que os menores valores médios foram obtidos em características com baixa herdabilidade. A acurácia foi melhor para a AACPD, com possibilidade de obtenção de ganhos para a resistência. Quanto mais acurados os dados fenotípicos, maior a eficácia da inferência acerca dos valores genotípicos da população, conseqüentemente, maiores as possibilidades de ganhos com a seleção (Resende e Duarte, 2007). Segundo Grattapaglia (2022) a incorporação de informações genômicas na predição possibilita aumentar a precisão na estimativa da variância aditiva, herdabilidade e valores genéticos, fornecendo uma estimativa mais precisa e realista do ganho genético.

Apesar das acurácias relativamente baixas, para a maioria das características, a seleção genômica pode ser aplicada, fornecendo resultados úteis ao melhoramento do maracujazeiro. Quando comparada ao melhoramento tradicional, a GS apresenta algumas vantagens, como reduzir o ciclo de reprodução, realizando uma seleção precoce de mudas não fenotipadas no viveiro e aumentando o ganho genético por unidade de tempo, além de aumentar a intensidade da seleção, selecionando entre muitas outras mudas (Grattapaglia, 2022). No entanto, vale ressaltar que a baixa precisão pode reduzir o número de ciclos de seleção possíveis de serem feitos com o modelo treinado. A precisão da seleção genômica é reduzida ao longo das gerações, e a aplicação dessa metodologia exigirá o monitoramento da precisão dos modelos de predição e sua recalibração após algumas gerações, caso necessário (Resende et al., 2012).

Os valores genéticos genômicos para os 30 melhores indivíduos para as características avaliadas encontram-se nas Tabelas 3, 4, 5, 6 e 7, a intensidade de seleção utilizada foi de 22%. Os melhores indivíduos foram classificados para AACPD e EC em ordem crescente dos valores genéticos genômicos e para as demais características o ranqueamento feito foi decrescente.

Tabela 3. Valores genéticos genômicos (GEBVs) para cada indivíduo obtidos com as marcas SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) para produção total de frutos (PROD) e número de frutos por planta (NF). Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Ordem	PROD			NF		
	Indivíduos	Valor observado	GEBV predito	Indivíduos	Valor observado	GEBV predito
1	126	19908,56	6148,32	174	205	37,45
2	174	13900,12	2886,27	126	148	36,21
3	365	8661,39	2656,95	129	80	19,10
4	753	8975,90	2358,28	172	65	15,85
5	129	7304,01	2100,86	602	71	15,37
6	367	7685,10	2047,35	753	71	14,34
7	172	6937,22	2046,29	219	70	13,05
8	526	10835,38	1840,25	365	60	11,56
9	249	7889,00	1718,48	249	70	10,51
10	219	8372,58	1713,25	212	71	9,92
11	98	10511,92	1680,34	367	60	9,81
12	619	7872,80	1372,23	9	43	9,57
13	440	8063,80	1361,34	440	61	9,52
14	539	7221,22	1330,79	686	45	9,08
15	366	2769,29	1067,49	239	67	8,86
16	15	4475,19	1054,41	544	46	8,06
17	247	8108,99	982,05	366	28	7,92
18	789	4812,24	938,08	357	30	7,77
19	382	5485,07	862,05	98	83	7,72
20	363	6412,62	846,61	247	83	6,66
21	602	5238,58	801,29	442	20	5,58
22	357	4111,20	799,43	539	53	5,35
23	9	4531,74	728,71	789	36	4,56
24	62	4006,34	681,21	382	35	4,10
25	442	2590,07	660,87	589	20	3,12
26	686	4540,69	619,27	62	27	3,01
27	631	5462,56	615,62	363	46	2,53
28	303	7160,24	590,92	151	34	1,91
29	78	6294,87	562,83	27	52	1,74
30	544	4258,71	560,04	526	60	1,22
Média dos selecionados		7146,58	Média dos selecionados		61	
Média da população		3796,47	Média da população		32	

Tabela 4. Valores genéticos genômicos (GEBVs) para cada indivíduo obtidos com marcas SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) para área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM) e massa média dos frutos (MF). Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Ordem	AACPDM			MF		
	Indivíduos	Valor observado	GEBV predito	Indivíduos	Valor observado	GEBV Predito
1	438	468,75	-554,95	462	257,41	40,06
2	497	581,25	-473,15	745	275,96	39,63
3	495	652,50	-442,06	365	218,71	35,56
4	506	656,25	-391,58	492	215,16	30,58
5	791	720,00	-334,11	371	213,42	27,80
6	552	712,50	-326,85	526	238,12	26,78
7	582	682,50	-324,39	416	220,32	23,25
8	581	735,00	-322,74	525	225,67	20,52
9	704	746,25	-318,38	799	169,87	19,52
10	488	798,75	-295,71	440	253,48	17,86
11	595	780,00	-287,99	14	213,86	16,28
12	681	776,25	-279,96	597	161,33	15,03
13	634	768,75	-278,60	674	169,86	14,09
14	477	787,50	-274,81	631	156,63	13,85
15	119	791,25	-264,99	619	175,74	12,64
16	686	795,00	-262,37	367	152,23	10,79
17	724	787,50	-251,10	702	178,70	10,21
18	280	791,25	-250,83	363	158,20	9,99
19	244	847,50	-241,61	766	168,16	9,73
20	378	855,00	-237,38	297	168,07	7,58
21	456	851,25	-235,84	348	177,67	7,48
22	239	817,50	-235,61	789	169,63	6,57
23	92	855,00	-226,97	353	195,88	6,06
24	669	757,50	-220,62	539	193,09	5,06
25	71	881,25	-218,61	359	172,21	4,90
26	183	836,25	-218,36	628	155,68	4,43
27	314	832,50	-207,24	366	145,00	4,18
28	713	873,75	-202,92	589	172,49	1,87
29	680	885,00	-196,54	78	206,96	1,16
30	413	855,00	-192,12	15	144,80	0,49
Média dos selecionados		772,63	Média dos selecionados		191	
Média da população		1171,98	Média da população		141,93	

Tabela 5. Valores genéticos genômicos (GEBVs) para cada indivíduo obtidos com marcas SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) para diâmetro de fruto (DF) e comprimento de fruto (CF). Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Ordem	DF			CF		
	Indivíduos	Valor observado	GEBV predito	Indivíduos	Valor Observado	GEBV Predito
1	636	129,56	12,27	636	150,55	11,60
2	766	78,23	4,65	462	110,59	5,95
3	348	80,65	4,50	526	110,24	4,01
4	462	82,01	4,43	674	86,91	2,76
5	27	70,78	3,57	745	105,63	1,92
6	745	86,68	3,17	416	95,92	1,63
7	526	80,73	3,03	27	87,95	1,38
8	571	73,66	2,90	799	86,05	1,33
9	297	78,03	2,86	365	97,02	1,29
10	628	80,41	2,86	571	91,11	1,25
11	365	78,38	2,51	525	104,61	1,22
12	674	72,48	2,21	371	93,95	1,21
13	631	71,94	2,16	151	92,65	0,72
14	492	76,55	1,94	597	91,98	0,67
15	211	64,19	1,93	360	86,45	0,62
16	14	77,41	1,90	359	86,45	0,53
17	799	72,92	1,89	363	91,16	0,22
18	619	71,41	1,85	428	90,63	-0,47
19	359	70,69	1,82	348	89,70	-0,88
20	597	73,48	1,67	492	84,51	-0,94
21	416	77,76	1,63	440	96,30	-1,25
22	360	66,95	1,57	14	92,69	-1,42
23	490	74,3	1,55	702	88,27	-1,68
24	623	81,73	1,43	619	79,37	-1,75
25	371	74,81	1,42	362	82,30	-1,90
26	702	75,12	1,23	297	85,93	-1,93
27	543	70,02	1,19	631	78,11	-2,20
28	753	73,06	1,13	766	83,95	-2,53
29	525	80,57	1,10	353	88,16	-2,54
30	539	79	0,77	314	91,73	-2,59
Média dos selecionados		77,45	Média dos selecionados		93	
Média da população		69,64	Média da população		81,31	

Tabela 6. Valores genéticos genômicos (GEBVs) para cada indivíduo obtidos com modelo considerando as marcas SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) para massa da polpa (MP) e espessura da casca (EC). Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Ordem	MP			EC		
	Indivíduos	Valor Observado	GEBV predito	Indivíduos	Valor observado	GEBV predito
1	492	110,17	32,16	125	3,54	-8,72X 10 ⁻⁵
2	365	97,83	29,98	30	4,69	-8,15X 10 ⁻⁵
3	745	125,33	27,34	413	5,36	-8,01X 10 ⁻⁵
4	462	111,85	22,96	763	4,12	-6,61X 10 ⁻⁵
5	526	107,17	22,16	477	4,57	-6,43X 10 ⁻⁵
6	371	88,91	20,68	680	5,97	-5,43X 10 ⁻⁵
7	416	103,92	20,20	356	4,73	-5,09X 10 ⁻⁵
8	366	68,04	19,06	681	4,85	-5,07X 10 ⁻⁵
9	382	104,85	18,04	377	3,58	-5,00X 10 ⁻⁵
10	353	104,81	17,93	71	4,49	-4,82X 10 ⁻⁵
11	126	82,02	17,67	253	5,4	-4,79X 10 ⁻⁵
12	525	95,49	16,96	438	3,58	-4,69X 10 ⁻⁵
13	172	76,61	16,91	490	4,9	-4,59X 10 ⁻⁵
14	367	70,47	16,80	378	4,44	-4,55X 10 ⁻⁵
15	674	83,85	16,73	92	5,72	-4,50X 10 ⁻⁵
16	799	65,19	15,13	280	4,47	-4,18X 10 ⁻⁵
17	62	83,87	14,69	594	6,12	-4,14X 10 ⁻⁵
18	631	75,71	14,47	634	5,22	-4,07X 10 ⁻⁵
19	702	72,47	13,80	595	5,31	-4,01X 10 ⁻⁵
20	589	79,93	12,85	726	4,54	-3,99X 10 ⁻⁵
21	619	79,96	12,70	353	4,94	-3,83X 10 ⁻⁵
22	597	65,25	12,26	312	3,21	-3,77X 10 ⁻⁵
23	357	77,89	12,01	314	5,16	-3,74X 10 ⁻⁵
24	363	62,05	11,37	669	5,13	-3,56X 10 ⁻⁵
25	151	74,27	9,57	151	4,79	-3,49X 10 ⁻⁵
26	766	67,45	9,33	172	4,22	-3,47X 10 ⁻⁵
27	78	100,68	8,42	713	4,38	-3,33X 10 ⁻⁵
28	14	73,66	8,23	188	3,13	-3,28X 10 ⁻⁵
29	362	72,13	8,09	357	4,44	-3,10X 10 ⁻⁵
30	356	69,33	7,95	174	4,94	-3,10X 10 ⁻⁵
Média dos selecionados		85,04	Média dos selecionados		5	
Média da população		60,29	Média da população		5,48	

Tabela 7. Valores genéticos genômicos (GEBVs) para cada indivíduo obtidos com modelo considerando as marcas SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) para teor de sólidos solúveis (SS) e rendimento de polpa (RP). Município de Campos dos Goytacazes, RJ - Brasil, 2023.

Ordem	SS			RP		
	Indivíduos	Valor observado	GEBV predito	Indivíduos	Valor observado	GEBV predito
1	636	17,00	0,83	172	55	13,53
2	748	15,50	0,59	366	47	12,29
3	92	11,95	0,57	492	51	11,71
4	497	14,44	0,50	126	54	11,63
5	582	13,00	0,47	382	57	11,29
6	495	13,67	0,45	357	59	11,05
7	581	14,50	0,39	129	47	10,27
8	488	13,00	0,38	62	50	10,12
9	413	11,00	0,34	356	48	10,04
10	763	13,36	0,32	365	45	9,94
11	71	12,00	0,30	280	51	9,08
12	378	14,00	0,29	367	46	8,71
13	747	13,60	0,23	353	54	8,70
14	791	14,16	0,23	589	46	8,49
15	183	12,17	0,21	212	46	8,34
16	438	11,00	0,17	362	53	8,11
17	768	12,60	0,14	312	45	7,88
18	623	11,20	0,13	258	46	7,73
19	30	10,92	0,13	726	53	7,39
20	477	12,00	0,12	526	45	7,13
21	125	11,56	0,09	416	47	7,12
22	27	10,40	0,01	674	49	7,08
23	299	10,64	0,00	151	46	6,96
24	680	10,00	-0,01	313	40	6,89
25	188	16,00	-0,02	125	44	6,83
26	681	11,67	-0,02	758	53	6,75
27	758	15,60	-0,03	631	48	6,57
28	244	11,89	-0,03	188	44	6,57
29	360	12,00	-0,03	702	41	6,36
30	571	12,00	-0,04	745	45	6,30
Média dos selecionados		13,09	Média dos selecionados	49		
Média da população		10,92	Média da população	40,96		

O valor genético genômico (GEBV) é a soma dos efeitos dos marcadores que se relacionam com os alelos presentes no genótipo de um indivíduo, sendo uma estimativa do desempenho fenotípico. Este valor, quando predito, ordenado e comparado, é usado para selecionar os melhores indivíduos (Oakey et al., 2016).

Para todas as características avaliadas, foram verificadas médias superiores para os indivíduos selecionados em comparação com a média geral. A seleção genômica mostrou-se eficiente em prever os valores genéticos, com capacidade de seleção de indivíduos superiores para a continuidade do programa de seleção recorrente. Mediante a seleção genômica, é possível que as mudas sejam genotipadas e selecionadas precocemente para diferentes características agronômicas e induzidas a florescer, iniciando um novo ciclo de recombinação (Viana et al., 2016b). Esta possibilidade poderá contribuir significativamente para aumentar o ganho genético por unidade de tempo, além da redução do dispêndio de recursos necessários para realizar avaliações ao longo do tempo.

Para produção total (PROD), os valores genéticos genômicos para os 30 indivíduos ranqueados variaram entre 6148,32 para o indivíduo 126 da família SR54, e 560,04 para o indivíduo 544. Foram observados os maiores GEBVs nos indivíduos 126 e 174, tanto para PROD quanto para NF. Para NF, MF, DF, MP e RP, foram verificados valores genéticos positivos para todos os indivíduos selecionados, o que comprova o potencial da metodologia RR-BLUP para estimar valores genéticos genômicos para essa estrutura populacional em maracujazeiro, resultando, por conseguinte, em maior precisão para selecionar novos indivíduos superiores no melhoramento da cultura.

No que concerne à característica AACPD, que tem o maior interesse em explorar, pois é alvo principal dentro do programa de melhoramento visando aos valores GEBVs, que variam entre -554,95 e -192,12 para os indivíduos 438 e 413, respectivamente, ou seja, todos os indivíduos selecionados apresentam valores genéticos para ganhos em resistência ao CABMV, com média predita inferior à média geral para a característica. Este resultado é indicativo de uma boa possibilidade de ganho genético com a seleção dos melhores indivíduos por predição genômica. Também para a característica EC, em que o menor valor genético melhor é a performance individual, foram verificados valores negativos

para todos os indivíduos selecionados, com pequena redução da espessura do pericarpo, quase insignificante, com diminuição modesta da média.

Observou-se que alguns indivíduos presentes no ranque dos 30 melhores para as características SS e CF apresentaram GEBVs negativos. Dessa forma, aliado ao baixo valor de herdabilidade e acurácia, principalmente do SS, devem ser selecionados indivíduos com valores genéticos genômicos positivos. Para o teor de sólidos solúveis, o incremento é baixo, já que a variabilidade genotípica e a herdabilidade para essa característica são baixas na grande maioria dos estudos conduzidos em maracujazeiro-azedo (Freitas et al., 2016; Cavalcante et al., 2018, 2019).

Foi possível observar a coincidência entre as 30 melhores plantas selecionadas pelo BLUP convencional e pela seleção genômica via RR-BLUP (equivalente ao G-BLUP) para uma intensidade de seleção de 22%. Estas coincidências seletivas variaram de 37 a 83% para EC e AACPDM, respectivamente. A AACPDM (83%) apresentou o maior valor de coincidência, seguida por MP (70%), CP (63%) e MF (63%). Viana et al. (2017) testaram a seleção genômica para a seleção de progênies de irmãos completos derivadas do terceiro ciclo de seleção recorrente do maracujazeiro-azedo da UENF. Ao comparar as progênies selecionadas com base nas informações fenotípicas com aquelas selecionadas com base na predição genômica, verificaram uma coincidência de 48% para MF, 60% para NF e de 64% para RP. Concluíram que isso demonstra o potencial da seleção genômica para a seleção das melhores progênies estruturadas em esquemas de seleção recorrente para as principais características em população de maracujazeiro.

Em um programa de melhoramento, identificar maneiras de aumentar o ganho genético e manter a diversidade genética útil para as características de interesse não é novidade. Predição mais precisa de características complexas possibilitadas pela seleção genômica abre novas oportunidades no que se refere ao monitoramento e gerenciamento da diversidade genética na população ao longo das gerações de melhoramento (Wartha e Lorenz, 2021).

Os resultados deste experimento, mesmo relativamente limitado em termos do tamanho da população de treinamento, indicam que a implementação da GS poderá contribuir para acelerar o melhoramento do maracujazeiro visando à resistência ao CABMV, com a possibilidade de resultados promissores em

termos de aumento da taxa de progresso genético e redução do esforço de fenotipagem nos ciclos de seleção recorrente. Além disso, é possível aumentar a precisão e reduzir o custo de melhoramento para características que são difíceis e demoradas de avaliar, como no caso da avaliação para resistência ao CABMV, que demanda uma pessoa treinada fazendo medidas contínuas durante um longo período. Ressalta-se também a possibilidade de aplicação da GS para a seleção de indivíduos dentro de famílias específicas de alta capacidade específica de combinação pré-selecionadas genomicamente. A aplicação da GS precoce no viveiro permite selecionar os indivíduos genomicamente superiores para seguir para o teste em campo, aumentando consideravelmente a intensidade de seleção dentro de famílias em comparação com a seleção tradicional, na qual as plantas levadas ao campo são escolhidas de forma aleatória

3.3.5. CONCLUSÕES

A AACPDMD apresenta o maior valor de herdabilidade. Em relação à coincidência entre as 30 melhores plantas selecionadas pelo BLUP convencional e pela seleção genômica via RR-BLUP, a AACPDMD apresenta o maior valor de coincidência, seguida por MP, CP e MF.

As informações geradas sobre os valores genéticos genômicos para as características importantes do maracujazeiro, utilizando a metodologia RR-BLUP, podem ser muito úteis para agilizar os processos de seleção e contribuirão para a implementação da seleção recorrente genômica, permitindo, por conseguinte, o desenvolvimento de estratégias mais eficientes para a continuidade do programa de melhoramento do maracujazeiro da UENF visando à resistência ao CABMV e com bom desempenho agrônômico.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Almeida Filho, J.E, Guimarães, J.F.R, Silva, F.F, Resende, M.D.V, Muñoz, P., Kirst, M., Resende, Jr M.F.R. (2016) The contribution of dominance to phenotype prediction in a pine breeding and simulated population. *Heredity*, 117:33-41.
- Alves, F.M., Resende, M.D.V. (2008) Avaliação genética de indivíduos e progênies de cupuaçuzeiro no estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30:696-701.
- 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.
- Bellon, G., Faleiro, F.B., Junqueira, N.T.V., Fuhrmann, E. (2014) Variabilidade genética de genótipos elite de maracujazeiro, obtidos em programas de retrocruzamento envolvendo espécies silvestres e comerciais com base em marcadores RAPD. *Biosci. J.* 30(6):1692–1697.
- Bernacci, L.C., Nunes, T.S., Mezzonato, A.C., Milward-de-Azevedo, M.A., Imig, D.C., Cervi, A.C. (in memoriam). (2022) *Passiflora* in Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro.

- Bernardo, R. (2010) *Breeding for quantitative traits in plants*. Woodbury, MN: Stemma press, 369p.
- Borém, A., Fritsche-Neto, R. (2013) *Biotecnologia Aplicada ao melhoramento de plantas*. Visconde do Rio Branco: Suprema, 336p.
- Borém, A., Miranda, G.V., Fritsche-Neto, R. (2021) *Melhoramento de plantas*. 8 ed. São Paulo, Oficina de textos, 384p.
- 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 Hort.* 370:45-57.
- Bruckner, C.H., Suassuna, T.M.F., Rêgo, M.M., Nunes, E.S. (2005) Auto-incompatibilidade do maracujá – implicações no melhoramento genético. In: Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Braga, M.F. *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Brasília: EMBRAPA – Cerrados, p.317-333.
- Campbell, C.D., Madden, L.V. (1990) *Introduction to Plant Disease Epidemiology*. 1 ed. New York: Willey, 560p.
- Campos, G.de L., John, M.H., Pong-Wong, R., Daetwyler, H.D., Calus, M.P.L. (2013) Whole-Genome Regression and Prediction Methods Applied to Plant and Animal Breeding. *Genetics*, 93:327–345.
- Carvalho, B.M., Viana, A.P., Da Silva, F.A., Dos Santos, P.H., Eiras, M., Santos, E.A. (2021) How segregating populations of passion fruit react to CABMV infection?. *European Journal of Plant Pathology*, 160(4):1-12. <https://doi.org/10.1007/s10658-021-02289-6>.
- Cavalcante, N.R., Krause, W., Viana, A.P., Silva, C.A., Porto, K.K.X., Martinez, R.A.S. (2017) Anticipated selection for intrapopulation breeding of passion fruit. *Acta Scientiarum Agronomy*, 39(2):143-148.
- Cavalcante, N.R., Viana, A.P., Almeida Filho, J.E., Pereira, M.G., Ambrosio, M., Santos, E.A., Ribeiro, R.M., Rodrigues, D.L., Sousa, C.M.B. (2019) 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., dos Santos, P.R., 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. *Rev. Bras. Frutic.* 40: 5. <https://doi.org/10.1590/0100-29452018013>.

Ceagesp (2001) Classificação do maracujá (*Passiflora edulis* Sims). Programa brasileiro para a melhoria dos padrões comerciais e embalagens de hortigranjeiros, São Paulo.

Cerqueira-Silva, C.B.M., Conceição, L.D.H.C.S., Souza, A.P., Corrêa, R.X. (2014a) A history of passion fruit woodiness disease with emphasis on the current situation in Brazil and prospects for Brazilian passion fruit cultivation. *Eur J Plant Pathol.* 139:261-270.

Cerqueira-Silva, C.B.M., Faleiro, F.G., Jesus, O.N., Santos, E.S.L., Souza, A.P. (2018) Passion Fruit (*Passiflora* spp.) Breeding. In: Al-Khayri, J., Jain, S., Johnson, D. (1^o Ed.), *Advances in Plant Breeding Strategies: Fruits*. Springer, Cham, Switzerland, pp. 929-951. https://doi.org/10.1007/978-3-319-91944-7_22.

Cerqueira-Silva, C.B.M., Faleiro, F.G., Jesus, O.N., Santos, E.S.L., Souza, A.P. (2016) The genetic diversity, conservation, and use of passion fruit (*Passiflora* spp.) In: Ahuja, M.R. and Mohan Jain, S. *Sustainable Development and Biodiversity*. p. 215-231.

Cerqueira-Silva, C.B.M., Jesus, O.N., Oliveira, E.J., Santos, E.S.L., Souza, A.P., (2015) Characterization and selection of passion fruit (yellow and purple) accessions based on molecular markers and disease reactions for use in breeding programs. *Euphytica*, 202:345–359.

Cerqueira-Silva, C.B.M, Jesus, O.N., Santos, E.S.L., Corrêa, R.X.; Souza, A.P. (2014b) Genetic breeding and diversity of the genus *Passiflora*: progress and

perspectives in molecular and genetic studies. *Int. J. Mol. Sci.* 15:14122-14152. doi:10.3390/ijms150814122.

Cerqueira-Silva, C.B.M., Moreira, C.N., Figueira, A.R., Correa, R.X. (2008) Detection of a resistance gradient to passion fruit woodiness virus and selection of 'yellow' passion fruit plants under field conditions. *Genetics and molecular research*, 7:1209-1216. <http://dx.doi.org/10.4238/vol7-4gmr484>.

Chagas, C.M., Kitajima, E.W., Lin, M.T., Gama, M.I.C.S., Yamashiro, T. (1981) Grave moléstia em maracujá amarelo (*Passiflora edulis f. flavicarpa*) no Estado da Bahia, causado por um isolado do vírus do "woodiness" do maracujá. *Fitopatologia Brasileira*, 6: 259–268.

Colariccio, A., Garcez, R.M., Rodrigues, L.K., Eiras, M., Peruch, L.A.M., Chaves, A.L.R. (2018) Doenças perdidas por vírus na cultura do maracujazeiro (*Passiflora edulis*). In: Peruch, L.A.M., Schoreder, A.L. (eds), *Maracujazeiro-azedo: polinizacao, pragas e doencas*. Epagri, Florianópolis, pp.171–201. <http://dx.doi.org/10.22491/RAC.2018.v31n1.2>.

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*, 30:1- 9.

Cortes, D.F.M, Santa-Catarina, R., Azevedo, A.O.N., Poltronieri, T.P.S., Vettorazzi, J.C.F., Moreira, N.F., Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2018) Papaya recombinant inbred lines selection by image based on phenotyping. *Scientia Agricola*, 75(3):208-215.

Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C.R., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2019) Development of superior lines of papaya from the

- Formosa group using the pedigree method and REML/Blup procedure. *Bragantia*, 78: 350–360.
- Costa, A.F.S., Costa, A.N., Ventura, J.A., Fanton, C.J., Lima, I.M., Caetano, L.C.S., Santana, E.N. (2008) *Recomendações técnicas para o cultivo do maracujazeiro*. Vitória Incaper, Incaper. Documentos 162, 55p.
- Costa, A.P., Nogueira, I., Peixoto, J.R., Blum, L.E.B. (2020) Screening of sour passion fruit for reaction to bacterial spot and passion fruit woodiness disease. *J.Agric. Sci.* 12(2):130–137. <https://doi.org/10.5539/jas.v12n2p130>.
- Costa, A.P., Nogueira, I., Peixoto, J.R., Blum, L.E.B., Vilela, M.S., Vendrame, W. (2018) Reaction of yellow passion fruit to passion fruit woodiness disease and to bacterial spot. *Biosci. J.* 34(1):189-196.
- Costa, E.C.S., Nunes, T.S., Melo, J.I.M. (2015) *Flora da Paraíba, Brasil: Passifloraceae sensu stricto*. Rodriguésia, Rio de Janeiro, v. 66, n. 1, p. 271-284.
- Cruz, C.D. (2006) *Programa Genes – Biometria*. 1ed. Viçosa: UFV, v. 1, 668p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3° ed., v.1, Viçosa, UFV, 390 p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2014) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*, 3rd ed. Viçosa, Editora UFV, 668 p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, v.1, 514p.
- Dáder, B., Then, C., Berthelot, E., Ducouso, M., Ng, J.C., Drucker, M. (2017) Insect transmission of plant viruses: Multilayered interactions optimize viral propagation. *Insect Sci.* 24:929-946. <https://doi.org/10.1111/1744-7917.12470>.
- 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.* 62:1-7.

- 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. <https://doi.org/10.1590/0100-29452018282>.
- Damatto Junior, E.R., Fuzitani, E.J., Nomura, E.S. (2014) *Produção de maracujá com uso de mudas avançadas no Vale do Ribeira*. Pesquisa e Tecnologia, v. 11, n.1., p.1-6.
- Endelman, J.B (2011) Ridge regression and other kernels for genomic selection with R package rrBLUP. *Plant Genome*, 4:255-258.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa, Editora UFV, 279p.
- Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Braga, M.F., Costa, A.M. (2012) *Conservação e caracterização de espécies silvestres de maracujazeiro (Passiflora spp.) e utilização potencial no melhoramento genético, como porta-enxertos, alimentos funcionais, plantas ornamentais e medicinais - resultados de pesquisa*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados (Documentos, N° 312), 34p.
- Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Jesus, O.N., Costa, A.M., Machado, C.F., Junqueira, K.P., Araújo, F.P., Junghans, T.G. (2017) Espécies de maracujazeiro no mercado internacional. In: Junghans, T.G., Jesus, O.N. (Eds.) *Maracujá: do cultivo à comercialização*. Brasília, DF: Embrapa, p. 15-37.
- Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V. (2016) *Maracujá: o produtor pergunta, a Embrapa responde*. Brasília, DF : Embrapa (Coleção 500 perguntas, 500 respostas). ISBN 978-85-7035-617-8, 341p.
- Farias Neto, J.T. de, Clement, C.R., Resende, M.D.V. de. (2013) Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênies de polinização aberta de Pupunheira no Estado do Pará, Brasil. *Bragantia*, 72:122-126. <https://Doi.Org/10.1590/S0006-87052013000200002>.

- Ferreira R.T., Viana, A.P., Silva, F.H.L., Santos, E.A., Santos, J.O. (2016) Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38: 158-166.
- Fischer, I.H., Rezende, J.A.M. (2008) Diseases of passion flower (*Passiflora spp.*). *Pest Technol*, 2:1–19.
- 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.
- Franco, F., Crossa, J., Ribaut, J. M., Betran, J., Warburton, M. L., Khairallah, M. (2001) A method for combining molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. *Theoretical and Applied Genetic*, 103: 944-952.
- Freitas, J.C. de O., Viana, A.P., Santos, E.A., Paiva, C.L., Silva, F.H. de L., Souza, M.M. (2016) Sour passion fruit breeding: Strategy applied to individual selection in segregating population of *Passiflora* resistant to Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). *Sci. Hortic.* 211: 241–247.
- Freitas, J.C. de 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.* 40: 291-297. <https://doi.org/10.1007/s40858-015-0048-2>.
- Freitas, J.P.X., Oliveira, E.J., Jesus, O.N., Cruz Neto, A.J., Santos, L.R. (2012) Development of a base population for recurrent selection in yellow passion fruit using selection indexes. *Pesq. Agropec. Bras.* 47:393-401. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000300011>.
- Fritsche-Neto, R., Resende, M.D.V., Miranda, G.V., Do Vale, J. C. (2012) Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. *Ceres*, 59:794–802.

- Garcêz, R.M., Chaves, A.L.R., Eiras, M., Meletti, L.M.M., Azevedo-Filho, J.A., Silva, L.A., Colariccio, A. (2015) Survey of aphid population in a yellow passion fruit crop and its relationship on the spread cowpea aphid-borne mosaic virus in a subtropical region of Brazil. *Springer Plus*, 4:537. <https://doi.org/10.1186/s40064-015-1263-5>.
- Gibbs, A., Ohshima, K. (2010) Potyviruses and the digital revolution. *Annu Rev. Phytopathology*, 48:205-223. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-073009-114404>.
- Gonçalves, D.H., Viana, A.P., Santos, E.A., Preisigke, S.C., Vidal, R.F., Cavalcante, N.R. (2021b) Prospecting on *Passiflora* backcross families: implications for breeding aiming at CABMV resistance. *Euphytica*, 217:63. <https://doi.org/10.1007/s10681-021-02794-z>.
- Gonçalves, G.M., Pio Viana, A., Bezerra Neto, F.V., Pereira, M.G., Pereira, T. N.S. (2007) Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-azedo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42:193-198.
- Gonçalves, G.M., Viana, A.P., Bezerra Neto, F.V., Amaral Junior, A.T., Pereira, M.G. (2009) Genetic parameter estimates in yellow passion fruit based on design I. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 52: 523- 530.
- Gonçalves, G. M., Viana, A. P., Reis, L. S., Bezerra Neto, F. V., Amaral Júnior, A. T. Do, Reis, L. S. (2008) Correlações fenotípicas e genético- aditivas no maracujá amarelo pelo delineamento I. *Ciência e Agrotecnologia*, 32: 1413-1418.
- Gonçalves Júnior, D.H. (2019) *Prospecção dentro de famílias de retrocruzamento em Passiflora: implicações para o melhoramento visando à resistência ao CABMV*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Campos dos Goytacazes - Rio de Janeiro, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), 79p.
- Gonçalves, Z.S., Jesus, O.N., Lima, L.K.S., Corrêa, R.X. (2021a) Responses of *Passiflora* spp. to cowpea aphid-borne mosaic virus reveal infection in

asymptomatic plants and new species with probable immunity. *Arch Virol.* 166:2419–2434. <https://doi.org/10.1007/s00705-021-05131-w>.

- Gonçalves, Z.S., Lima, L.K.S., Soares, T.L., Abreu, E.F.M., Jesus Barbosa, C., Cerqueira-Silva, C.B.M., Jesus, O.N., Oliveira, E.J. (2018) Identification of *Passiflora* spp. Genotypes resistant to cowpea aphid-borne mosaic virus and leaf anatomical response under controlled conditions. *Sci. Hortic.* 231:166-178.
- Grattapaglia, D. (2022) Twelve Years into Genomic Selection in Forest Trees: Climbing the Slope of Enlightenment of Marker Assisted Tree Breeding. *Forests*, 13:1554.
- Grenier, C., Cao, T.V., Ospina, Y., Quintero, C., Châtel, M.H., Tohme, J. et al. (2015) Accuracy of genomic selection in a rice synthetic population developed for recurrent selection breeding. *Plos One*, 10: e0136594.
- Ha, C., Coombs, S., Revill, P.A., Harding, R.M., Vu, M., Dale, J.L. (2008) Design and application of two novel degenerate primer pairs for the detection and complete genomic characterization of potyviruses. *Arch Virol.* 153:25–36. <https://doi.org/10.1007/s00705-007-10-53-7>.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B., Carena, M.J. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. Springer, New York, 663p.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B. (1988) *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University, 468p.
- Hazel, L.N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28:476-490.
- Heffner, E.L., Sorrells, M.E., Jannink, J.L. (2009) Genomic selection for crop improvement. *Crop Science*, 49:1-12.
- Hull, F.H. (1945) Recurrent selection for specific combining ability in corn. *Journal of the american society of agronomy*, 37:134-145.

- IBGE (2022) Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Produção agrícola municipal: culturas temporárias e permanentes. Rio de Janeiro. <http://biblioteca.ibge.gov.br/index.php/bibliotecacatalogo?view=detalhes&id=766> (accessed 20 October 2022).
- Inglis, P.W., Pappas, M.C.R., Resende, L.V., Grattapaglia, D. (2018) Fast and inexpensive protocols for consistent extraction of high quality DNA and RNA from challenging plant and fungal samples for high-throughput SNP genotyping and sequencing applications. *PLoSOne*, 13(10):e0206085.
- INMET (2022) Instituto Nacional de Meteorologia. Série Histórica - Dados Mensais. <http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=bdmep/bdmep> (accessed 10 October 2022).
- Iwai, H., Yamashita, Y., Nishi, N., Nakamura, M. (2006) The Potyvirus associated with the dapple fruit of *Passiflora edulis* in Kagoshima prefecture, Japan is the third strain of the proposed new species east asian passiflora virus (EAPV) phylogenetically distinguished from strains of Passion fruit woodiness virus. *Arch Virol*. 151:811–818. <https://doi.org/10.1007/s00705-005-0659-x>.
- Jesus, O.N. de., Faleiro, F.G. (2016) Classificação Botânica e Biodiversidade. In: Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V. (Ed.). *Maracujá: O produtor pergunta, a Embrapa responde*. Brasília, DF: Embrapa Cerrados. Cap.2, p.23-31.
- Jesus, O.N., Oliveira, E.D., Faleiro, F.G., Soares, T.L., Girardi, E.A. (2017) *Illustrated morpho-agronomic descriptors for Passiflora spp.* Embrapa, Brasília, DF. 122p.
- Jesus, O.N., Santos, I.S., Lima, L.K.S., Soares, T.L., Oliveira, E.J. (2021) Field assessment of a second generation backcross (BC₁ *Passiflora edulis*) of passion fruit for agronomic performance and resistance to CABMV. *Plant Breed*, 140:150–166. <https://doi.org/10.1111/pbr.12888>.
- Katis, N.I., Tsitsipis, J.A., Stevens, M., Powell, G. (2007) Transmission of plant virus. In: Van Emmeren HF, Harrington R (eds.), *Aphids and Crop Protection*, CABI Publishing Wallingford, p.353-377.

- Krause, D.P., Fachi, L.R., Dalbosco, E.Z., Campos, T.N.V., Freitas, A.P., Lima, K.S., Krause, W. (2020) Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de maracujazeiro via metodologia REML/BLUP. *Scientific Electronic Archives*, 14(5):42–48. <https://doi.org/10.36560/14520211268>.
- Krause, W., Souza, R.S., Neves, L.G., Carvalho, M.L.S., Viana, A.P., Faleiro, F.G. (2012) Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro-amarelo. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 47(1):51-57.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., Tamura, K. (2018) MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis a cross computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*. 35:1547-1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Lebedev, V.G., Lebedeva, T.N., Chernodubov, A.I., Shestibratov, K.A. (2020) Genomic selection for forest tree improvement: methods, achievements and perspectives. *Forests*, 11:1190. <https://doi.org/10.3390/f11111190>.
- Lima, A.A., Noronha, A.C.S., Borges, A.L., Cardoso, C.E.L., Ritzinger, C.H.S.P., Barbosa, C.J., Costa, D.C., Santos Filho, H.P., Fancelli, M. Cunha, M.A.P., Sanches, N.F. (2006) *A cultura do maracujá*. Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical – 3. ed. rev. amp. – Brasília, DF : Embrapa Informação Tecnológica. il. – (Coleção Plantar, 51).124p.
- Lima, L.P., Azevedo, C.F., Resende, M.D.V., Silva, F.F., Suela, M.M., Nascimento, M., et al. (2019) New insights into genomic selection through population-based nonparametric prediction methods. *Scientia Agricola*, 76:290-298.
- Lüdecke, D., Ben-Shachar, M.S., Patil, I., Waggoner, P., Makowski, D. (2021) Performance: An R package for assessment, comparison and testing of statistical models. *Journal of Open Source Software*, 6(60).
- 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. *Sci. Agric.* 66: 414–418.

- Maechler, M., Rousseeuw, P., Struyf, A., Hubert, M., Hornik, K. (2022) Cluster: cluster analysis basics and extensions, R package version 2.1.4. <https://CRAN.R-project.org/package=cluster>.
- Martinez, C.P., Torres, E.A., Châtel, M., Mosquera, G., Duitama, J., Ishitani, M. et al. (2014) Rice breeding in Latin America. *Plant Breeding Reviews*, 38:187-277.
- Martin, F.W., Nakasone, Y. (1970) The edible species of *Passiflora*. *Economic Botany*, 24:333-343.
- Meletti, L.M.M. (2011) Avanços na cultura do maracujá no Brasil. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Volume Especial: 83-091.
- Mendes, D.S., Viana, A.P., Santos, E.A., Cavalcante, N.R., Rodrigues, C.A., Lima, J.A., Vidal, R.F., Walter, F.H de B., Bezerra, L.B. da S., Eiras, M., Santos, H.A. (2022) Genetic gains in *Passiflora* for resistance to cowpea aphid-borne mosaic virus using recurrent selection. *Euphytica*, 218:132. <https://doi.org/10.1007/s10681-022-03084-y>.
- Meuwissen T., Hayes B., Goddard M. (2001) Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. *Genetics*, 157:1819-1829.
- Mohammadi, S. A., Prasanna, B. M. (2003) Analysis of genetic diversity in cropplants – Salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43: 1235-1248.
- Montesinos-López, O.A., Montesinos-López, A., Pérez-Rodríguez, P. et al. (2021) Uma revisão de aplicações de aprendizado profundo para seleção genômica. *BMC Genomics*, 22:19. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07319-x>
- Morera, M.P., Costa, A.M., Faleiro, F.G., Carlosama, A.R., Carranza, C. (2018) *Maracujá: dos recursos genéticos ao desenvolvimento tecnológico - Brasília, DF*. ProImpress. 233 p.: il. ISBN 978-85-540487-0-9.

- Moritz, D.R., da Silva, Santos, N., Zanini, F., Pacini, B.A., Petry, H.B., Bertolini, E. (2022) Effect of vegetable oil on the efficiency of transmission of cowpea aphid-borne mosaic virus by *Aphis gossypii* Glover in passion fruit plants. *Tropical Plant Pathology*, 47:298–302. <https://doi.org/10.1007/s40858-021-00476-8>
- Mukoye, B., Macharia, I., Avedi, E. (2022) Distribution of passion fruit (*Passiflora* spp.) pests in Kenya. *African Phytosanitary Journal*, 3(1):47-55.
- 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. *Egypt Journal of Genetics and Cytology*, 7:40-51.
- Narita, N., Yuki, V.A., Narita, H.H., Hirata, A.C.S. (2012) *Maracujá Amarelo: Tecnologia visando à convivência com o vírus do endurecimento dos frutos*. Pesquisa e Tecnologia, vol. 9, n. 1.
- 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 wide spread in passion fruit in Brasil and causes passion fruit woodiness disease. *Archives of Virology*, 151:560-570.
- 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. *Fitopatol. Bras.* 29: 378-383.
- Neves, L.G., Bruckner, C.H., Cruz, C.D., Viana, A.P., Barelli, M.A.A. (2011) Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracujazeiro-amarelo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33:1322-1330. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452011000400033>.
- Nogueira, B.B.A.P., Mendes, D.S., Mendes, R.B., Pimenta, S., Pereira, M.C.T., Azevedo, A.M., Nietsche, S. (2022) Selection in half-sib progenies of *Annona squamosa* L.: An important step in the development of new cultivars. *Sci. Hortic.* 302:111173. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2022.111173>.

- Novaes, Q.S., Rezende, J.A.M. (1999) Possível aplicação do DAS-ELISA indireto na seleção de maracujazeiro tolerante ao passion fruit woodiness virus. *Fitopatol. Bras.* 24: 76-79.
- Oakey, H., Cullis, B., Thompson, R., Comadran, J., Halpin, C., Waugh, R. (2016) Genomic selection in multi-environment crop trials. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 1313-1326.
- Ocampo, J., d'Eeckenbrugge, J.C., Jarvis, A. (2010) Distribution of the genus *Passiflora* L. diversity in Colombia and its potential as an indicator for biodiversity management in the coffee growing zone. *Diversity*, 2:1158–1180.
- Ochwo-Ssemakul, M., Sengooba, T., Hakiza, J.J., Adipala, E., Edema, R., Redinbaugh, M.G., Aritua, V., Winter, S. (2012) Characterization and distribution of a Potyvirus associated with passion fruit woodiness disease in Uganda. *Plant Dis.* 96:659–665. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-11-0263>.
- Oliveira, E.J., Soares, T.L., Barbosa, C.J., Santos-Filho, H.P., Jesus, O.N. (2013) Disease severity from passion fruit to identify sources of resistance in field conditions. *Revi. Bra. Frutic.* 35:485–492.
- Paludeto, J.G.Z., Grattapaglia, D., Estopa, R.A. et al. (2021) Genomic relationship-based genetic parameters and prospects of genomic selection for growth and wood quality traits in *Eucalyptus benthamii*. *Tree Genetics e Genomes*, 17:38. <https://doi.org/10.1007/s11295-021-01516-9>.
- Pedrozo, C.A., Benites, F.R.G., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V. de, Silva, F.L. da. (2009) Efficiency of selection indexes using the reml/blup procedure in sugarcane breeding. *Scientia Agraria*, 10:31-36.
- 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 virus – CABMV). *Biosci. J.* 24 (2): 19-26.
- Pires, M.M., São José, A.R., Conceição, A.O (2011) *Maracujá: avanços tecnológicos e sustentabilidade*. Bahia: Editus, 232p.

- Posada D, Crandal KA (1998) A model test: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics*, 14:817–818. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/14.9.817>.
- Preisigke, S.C., Viana, A.P., Santos, E.A., Santos, P.R.D., Ambrosio, M., Santos, V.O.D., Silva, F.A.D. (2020a) Individual selection of the first backcross generation of passion fruit potentially resistant to the fruit woodiness disease. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 92(1):e20180797. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202020180797>.
- Preisigke, S.C., Viana, A.P., Santos, E.A., Santos, P.R., Santos, V.O., Ambrósio, M., Silva, F.A., Walter, F.H.B. (2020b) Selection strategies in a segregating passion fruit population aided by classic and molecular techniques. *Bragantia*, 79:47–61. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20190291>.
- Preisigke, S.C., Viana, A.P., Santos, E.A., Santos, P.R., Cavalcante, N.R., Ambrósio, M., Freitas, J.C.O., Rodrigues, R. (2021) Backcrossing in passion fruit: generation advance and selection of genotypes resistant to cowpea aphid-borne mosaic virus. *Genet. Mol. Res.* 20:1. <https://doi.org/10.4238/gmr18668>.
- Preisigke, S.C., Silva, L.P.D., Serafim, M.E. Bruckner, C.H., Araújo, K.L., Neves, L.G. (2017) Seleção precoce de espécies de *Passiflora* resistentes à fusariose. *Summa Phytopathologica*, 43:321-325.
- Ramaiya, S.D., Bujang, J.S., Zakaria, M.H. (2019) Physicochemical, Fatty Acid and Antioxidant Properties of Passion Fruit (*Passiflora* species) Seed Oil. *Pakistan Journal of Nutrition*, 18: 421-429.
- Ramalho, M. A. P., Santos, J. B., Pinto, C. A. B., Souza, E. A., Gonçalves, F. M. A., Souza, J. C. (2012) *Genética na agropecuária*. Lavras, Editora UFLA, 566p.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Viana, A.P., Luz, L.N., Cardoso, D.L., Ferregueti, G.A. (2014) Combined Selection in Backcross Population of Papaya (*Carica papaya* L.) by the Mixed Model Methodology. *American Journal of Plant Sciences*, 05:2973-2983. <https://doi.org/10.4236/ajps.2014.520314>.

- Ramyashree, S.R., Mounashree, S., Venkatachalapathi, V. (2019) A Profile of passion fruit (*Passiflora edulis*). *Int J Appl Biol.* 7(2):140–144. <http://dx.doi.org/10.18782/2320-7051.7409>.
- R Core Team (2022) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Reis, R.V., Oliveira, E.J., Viana, A.P., Pereira, T.N.S., Pereira, M.G., Silva, M.G.M. (2011) Diversidade genética em seleção recorrente de maracujazeiro-amarelo detectada por marcadores microssatélites. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 46: 51-57.
- Resende Jr, M.F.R., Muñoz, P., Resende, M.D.V. (2012) Accuracy of genomic selection methods in a standard data set of loblolly pine (*Pinus taeda* L.). *Genetics*, 190:1503–10.
- Resende, M.D., Resende Junior, M.F.R.R., Aguiar, A.M., Abad, J.I.M., Missiaggia, A.A., Sansaloni, C., Petrolí, C., Grattapaglia, D. (2010) *Computação da seleção genômica ampla (GWS)*. EMBRAPA Florestas, 79p.
- Resende, M. D. V. de, Duarte, J.B. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37:182-194.
- Resende, M.D.V. de. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas. 975p.
- Resende, M.D.V. (2008) Genômica quantitativa e seleção no melhoramento de plantas perenes e animais. Colombo: Embrapa Florestas, 330p.
- Resende, M.D.V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breed Appl Biotechnol*, 16:330-339.

- Resende, M.D.V., Lopes, P.S., Silva, R.L., Pires, I.E. (2008) Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. *Pesquisa Florestal Brasileira*, 28:63-77.
- Resende, M.D.V. (2007) *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 435p.
- 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, 881p.
- Rice, B., Lipka, A.E. (2019) Evaluation of rr-BLUP genomic selection models that incorporate peak genome-wide association study signals in maize and sorghum. *The Plant Genome*, 12(1):180052.
- Rodrigues, L.K., Chaves, A.L.R., Damatto, E.R., Eiras, M. (2016) Epidemiological aspects of the transmission and management of cowpea aphid-borne mosaic virus in a passion fruit orchard. *Journal of Plant Pathology*, 531-539.
- Rodrigues, L.K., Silva, L.A., Garcêz, R.M., Chaves, A.L.R., Duarte, L.M.L., Giampani, J.S., Colariccio, A., Harakava, R., Eiras, M. (2015) Phylogeny and recombination analysis of Brazilian yellow passion fruit isolates of cowpea aphid-borne mosaic virus: origin and relation ship with hosts. *Australasian Plant Pathol.* 44:31–41. <https://doi.org/10.1007/s13313-014-0308-5>.
- Sacomán, N.N., Viana, A.P., Carvalho, V.S., Santos, E.A., Rodrigues, R. (2018) Resistance to cowpea aphid-borne mosaic virus in vitro germinated genotypes of *Passiflora setacea*. *Rev. Bras. Frutic.* 40:e-607.
- Sambrook, J., Fritsch, F., Maniatis, T. (1989) *Molecular cloning*, 2nd edn. Cold Spring Harbor Press, New York, 1659p.
- 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*, 30:343-347.

Sanger, F., Nicklen, S., Coulson, A. R. (1977) DNA sequencing with chain terminating inhibitors. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 74:5463–5467.

Santa-Catarina, R., Pereira, M. G., Vettorazzi, J. C. F., Cortes, D. F. M., Poltronieri, T. P. S., Azevedo, A. O. N., Moreira, N. F., Miranda, D. P., Moraes, R., Pirovani, A. A. V., Ramos, H. C. C., Vivas, M., Viana, A. P. (2020) Papaya (*Carica papaya* L.) S1 family recurrent selection: opportunities and selection alternatives from the base population. *Sci. Hortic.* 260:108848. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2019.108848>.

Sant'anna I de C., Diniz, C.F.R.A., Nascimento, M., Silva, G.N., Carneiro, V.Q., Cruz, C.D., et al. (2019) Multigenerational prediction of genetic values using genome-enabled prediction. *PLoS One*, 14(1): 1–14.

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*, 39(2):e-691. <https://dx.doi.org/10.1590/0100-29452017691>.

Santos, E.A., Viana, A.P., Freitas, J.C.O., Souza, M.M., Paiva, C.L. (2014) Phenotyping of *Passiflora edulis*, *P. setacea*, and their hybrids by a multivariate approach. *Genet Mol Res.* 13(4):9828–9845. <https://doi.org/10.4238/2014>.

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, 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 Plant Pathology*, 143:85–98. <https://doi.org/10.1007/s10658-015-0667-y>.
- Santos, E.A., Viana, A.P., Walter, F.H.B., Freitas, J.C.O., Ramos, H.C.C., Boechat, M.S.B. (2019) First report of a genetic map and evidence of QTL for resistance to CABMV in a segregating population of *Passiflora*. *Eur J Plant Pathol*.155:903–915. <https://doi.org/10.1007/s10658-019-01822-y>.
- Santos, I. S., Lima, L. K. S., Sampaio, S. R., Soares, T. L., Jesus, O. N. De (2021) Phenological precocity and resistance to CABMV in passion fruit progenies of the third generation backcross [(*P. edulis* × *P. cincinnata*) × *P. edulis*]. *Euphytica*, 217:112. <https://doi.org/10.1007/s10681-021-02842-8>.
- Santos-Jiménez, J.L., de Barros, M.C., Vidal, A.H., Ribeiro, S.G., Bergter, E.B., Vaslin, M.F.S. (2022) A fungal glycoprotein mitigates passion fruit woodiness disease caused by cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) in *Passiflora edulis*. *Biocontrol*, 67:75–87. <https://doi.org/10.1007/s10-526-021-10114-6>.
- Schaeffer, L.R. (2006) Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *Journal of animal breeding and genetics*, 123:218-223.
- Schwantes, I.A., AmaralJúnior, A.T., Almeida Filho, J.E., et al. (2020) Genomic selection helps accelerate popcorn population breeding. *Crop Science*, 60: 1373–1385. <https://doi.org/10.1002/csc2.20112>.
- Segundo, V.C.V., Innecco, R., Freitas, J.A.de., Maciel, G.M., Luz, J.M.Q., Nogueira, A.P.O., Siquieroli, A.C.S., Peixoto, J.V. (2022) Dinámica y predicción de ganancias genéticas a través de índices de selecciónengenotipos (*Allium cepa* L.). *International journal of agriculture and natural resources*, 49(1): 62-72. <http://dx.doi.org/10.7764/ijanr.v49i1.2301>.
- Shukla, D.D., Ward, C.W. (1988) Amino acid sequence homology of coat protein as a basis for identification and classification of the potyvirus group. *Journal of General Virology*, 69:2703-2710.

- Silva, A.M.G.B., Inomoto, M.M. (2022) Reaction of passion fruit species to *Rotylenchulus reniformis* and *Meloidogyne incognita*. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 44(4):1-6. doi:10.1590/0100-29452022923.
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Ramos, H.C.C., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Gabriel, A.P.C., Viana, A.P., Ferregueti, G.A. (2008) Selection and estimation of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.). *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 8:1-8.
- Silva, F.H.L., Muñoz, P.R., Vincent, C.I., Viana, A.P. (2016) Generating relevant information for breeding *Passiflora edulis*: genetic parameters and population structure. *Euphytica*, 208: 609-619.
- 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*, 39(2):183-190.
- Silva, M.G.M., Viana, A.P. (2012) Alternativas de seleção em população de maracujazeiro azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34:525-531. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452012000200026>.
- Silva, M. G. M., Viana, A. P., Goncalves, G. M., Amaral Junior, A. T., Pereira, M. G. (2009) Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: Alternativa de capitalização de ganhos genéticos. *Ciência e Agrotecnologia*, 33: 170-176.
- Smith, H.F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7:240-250. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>.
- Spadotti, D. M. A., Favara, G. M., Novaes, Q. S., Mello, A. P. O. A., Freitas, D. M. S., Edwards Molina, J. P., Rezende, J. A. M. (2019) Long-lasting systematic roguing for effective management of CABMV in passion flower orchards through maintenance of separated plants. *Plant Pathology*, 68:1259-1262. <https://doi.org/10.1111/ppa.13054>.

- Sousa, T. V., Caixeta, E.T., Alkimim, E.R., Oliveira, A.C.B., Pereira, A.A., Sakiyama, N.S., Zambolim, L., Resende, M.D.V. (2019) Early Selection Enabled by the Implementation of Genomic Selection in *Coffea arabica* Breeding. *Frontiers in Plant Science*, 9:1-12.
- Suassuna, T.M.F., Bruckner, C.H., Carvalho, C.R., Borém, A. (2003) Self-incompatibility in passion fruit: evidence of game to phytic-sporophytic control. *Theoretical and Applied Genetics*, 106:298 - 302.
- Sudré, C.P., Leonardecz, E., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T., et al. (2007) Genetic resources of vegetable crops: a survey in the Brazilian germplasm collection pictured through papers published in the journals of the Brazilian Society for Horticultural Science. *Hortic. Bras.* 25: 493-503.
- Viana, A.P., de Lima e Silva, FH, Glória, LS. Glória, I.S., Ribeiro, M.R., Krause, W., Boechat, M.S.B (2017) Implementing genomic selection in sour passion fruit population. *Euphytica*, 213 :228. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-2020-3>.
- Viana, A.P., Higino, F., Lima, D., Gonçalves, M., Geraldo, M., Silva, D.M., Ferreira, R.T., Nair, T., Pereira, S. (2016) UENF Rio Dourado: a new passion fruit cultivar with high yield potential. *Crop Breed Appl Biotechnol.*16:250–253. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n3c38>.
- Viana, A.P., Pereira, T.N.S., Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T., Souza, M.M. de, Maldonado, J.F.M. (2004) Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro-amarelo. *Rev. Ceres*, 51: 545-555.
- Viana, A.P., Resende, M.D.V. (2014) *Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras*. 1. ed. Rio de Janeiro, Editora Interciência, 282p.
- Viana, A.P., Resende, M.D.V., Summaira, R., Walker, M.A. (2016b) Genome selection in fruit breeding: application to table grapes. *Sci Agricola*, 73(2):142–149.
- Viana, A.P., Silva, F.H.L.E., Gonçalves, G.M., Silva, M.G.M., Ferreira, R.T., Pereira, T.N. S., Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. do, Carvalho, G.F. (2016a)

UENF Rio Dourado: a new passion fruit cultivar with high yield potential. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16: 250-253.

- 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.* 25:489 -493. doi: 10.1590/S0100-29452003000300032.
- Vidal, A.H., Sanches, M.M., Alves-Freitas, D.M.T., Abreu, E.F.M., Lacorte, C, P.L., B., Rosa, R.C.C., Jesus, O. N., Campos, M. A., Varsani, A., Ribeiro, S. G. (2018) First world report of cucurbit aphid-borne yellows virus infecting passion fruit. *Plant Disease* 1–3. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-18-0694-PDN>.
- Vidal, R. F. (2021) *Avaliação da população RC₂ de Passiflorae, seleção de genótipos para compor o ciclo de seleção recorrente visando à resistência ao cowpea aphid-borne mosaic vírus*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes, RJ. 107p.
- Vidal, R. F., Viana, A.P., Preisigke, S.da.C., Cavalcante, N.R., Gonçalves Júnior, D.H., Mendes, D.S. (2021) Evaluation of resistance to cowpea aphid-borne mosaic virus in passion fruit backcrosses for recurrent selection and development of resistant cultivars. *Genet Mol Res.* 20(1): GMR18687. <https://doi.org/10.4238/gmr18687>.
- Wartha, C. A., Lorenz, A.J. (2021) Implementação da seleção genômica em programas de melhoramento de plantas do setor público: status atual e oportunidades. *Appl Biotechnol*, 21:1–19.
- Whittaker, J.C., Thompson, R., Denham, M.C. (2000). Seleção assistida por marcador usando regressão de crista. *Genet. Res.* 75:249–252. doi: 10.1017/S0016672399004462.

- Wong, T.T., Yeh, P.Y. (2019) "Reliable accuracy estimates from K-fold cross validation", *IEEE Trans. Knowl. Data Eng.* 32:1586-1594.
- Xavier, M.A., Perecin, D., Alvim, K.R.T., Landell, M.G.A., Arantes, F.C. (2014) Selecting families and full-sib progenies of sugarcane for technological attributes and production by the method of REML/BLUP. *Bragantia*, 73:253-262. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.0193>.
- Yu, P., Ye, C., Li, L., Yin, H., Zhao, J., Wang, Y. et al. (2022) Genome-wide association study and genomic prediction for yield and grain quality traits of hybrid rice. *Mol Breeding*, 42:16. <https://doi.org/10.1007/s11032-022-01289-6>.