

PRODUÇÃO E CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DA  
POPULAÇÃO RC<sub>3</sub> DE *PASSIFLORA* VISANDO A RESISTÊNCIA AO  
CABMV (cowpea aphid-borne mosaic virus)

**LUIS CARLOS LOOSE COELHO**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
ABRIL – 2024

PRODUÇÃO E CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DA  
POPULAÇÃO RC<sub>3</sub> DE *PASSIFLORA* VISANDO A RESISTÊNCIA AO  
CABMV (cowpea aphid-borne mosaic virus)

**LUIS CARLOS LOOSE COLEHO**

“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
ABRIL – 2024

## FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

C672

Coelho, Luis Carlos Loose.

Produção e características morfoagronômicas da população RC<sub>3</sub> de *Passiflora* visando a resistência ao CABMV (cowpea aphid-borne mosaic virus) / Luis Carlos Loose Coelho. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2024.

73 f.

Bibliografia: 49 - 61.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2024.  
Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. Parâmetros genéticos . 2. Retrocruzamento . 3. Ganho genético . 4. Estatística multivariada . I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

PRODUÇÃO E CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DA  
POPULAÇÃO RC<sub>3</sub> DE PASSIFLORA VISANDO A RESISTÊNCIA AO  
CABMV (cowpea aphid-borne mosaic virus)

**LUIS CARLOS LOOSE COELHO**

“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Aprovada em 22 de abril de 2024.

Comissão Examinadora:

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

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

  
Prof. Willian Krause (D.Sc. Genética e Melhoramento de Plantas) - UNEMAT

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

## **DEDICATÓRIA**

À minha esposa Bruna Loose e à minha mãe Otilia Loose.

Dedico.

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço primeiramente a Deus por ter me sustentado e me dado forças em todos os momentos;

Sou muito grato à minha esposa Bruna Oliveira Siqueira Loose pelo apoio e compreensão nos diversos momentos em que estive ausente para realizar a minha pesquisa. Muito obrigado por estar sempre ao meu lado;

Agradeço também à minha mãe Otilia Loose que sempre me apoiou, mesmo distante. Tenho certeza de que suas orações por mim foram atendidas;

Quero agradecer à Julie, com quem tive o privilégio de dividir o experimento, sendo uma ótima colega de trabalho. Ao Natan Ramos Cavalcante pela contribuição em todas as etapas do trabalho. Pude contar com sua paciência e dedicação para que tudo fosse feito da melhor maneira possível;

Aos colegas do LMGV, Joameson, Thays, Flávia, Frederico (mamangava), Débora, Natália, Luan, Mariana, Clarissa, Márcia, Lidiane, Letícia. Passamos bons momentos trabalhando juntos no campo, sob sol e chuva. Sou grato também à bolsista Adrieny que sempre esteve disposta a ajudar no trabalho de campo. Também aos funcionários do Colégio Agrícola que ajudaram na condução do experimento;

Agradeço ao meu amigo de república Jociel, pela amizade, pelas boas e longas conversas e companhia nesses dois anos;

Quero expressar minha gratidão ao meu orientador Alexandre Pio Viana, cuja orientação e apoio foram fundamentais para o desenvolvimento deste trabalho;

Gostaria também de agradecer aos membros da banca examinadora, Prof. Marcelo Vivas, Prof. Willian Krause, Natan Ramos Cavalcante, por dedicarem seu tempo para avaliar este trabalho e por fornecerem feedback construtivo que contribuiu significativamente para sua melhoria;

Sou grato a todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGMP), os quais contribuíram significativamente para minha formação;

Ao secretário do PGGMP, José Daniel, por estar sempre disposto a auxiliar em quaisquer assuntos, demonstrando muito interesse e competência;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e ao PPGMP, por permitir meu ingresso nesse programa e por fornecerem toda a estrutura necessária para a conclusão deste trabalho;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) –, código de financiamento 001 e à Fundação Carlos Chagas de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro pela concessão das bolsas de estudo;

Este trabalho não teria sido possível sem o apoio e contribuição de cada um de vocês. Obrigado por fazerem parte desta jornada.

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	vii
<b>ABSTRACT</b> .....	ix
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	5
2.1 Geral .....	5
2.2 Específicos.....	5
<b>3. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	6
3.1 Características gerais do maracujá .....	6
3.2 Virose do endurecimento dos frutos.....	7
3.3 Melhoramento do maracujá visando a resistência ao CABMV .....	8
3.4 Características agronômicas importantes no maracujá.....	10
3.5 Uso dos Modelos Mistos no melhoramento de plantas .....	10
3.6 Análises multivariadas no melhoramento de plantas .....	11
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	15
4.1 Origem da população RC <sub>3</sub> .....	15
4.2 Etapas para obtenção da terceira geração de retrocruzamento (RC <sub>3</sub> ).....	16
4.3 Condução do experimento .....	16
4.4 Coleta de dados .....	17
4.5 Estimativa de parâmetros genéticos .....	19
4.6 Análise multivariada .....	20
4.6.1 Distância de Gower .....	20

4.6.2	Análise de Componentes Principais.....	21
<b>5.</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>23</b>
5.1	Estimativas de parâmetros genéticos.....	23
5.2	Ganho genético.....	29
5.3	Distância de Gower.....	38
5.4	Análise de componentes principais.....	41
<b>6.</b>	<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>48</b>
	<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>49</b>

## RESUMO

COELHO, Luis Carlos Loose; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Abril 2024; Produção e características morfoagronômicas da população RC<sub>3</sub> de *Passiflora* visando a resistência ao CABMV (Cowpea aphid-borne mosaic virus); Orientador: D.Sc. Alexandre Pio Viana, Conselheiros: D.Sc. Marcelo Vivas e D.Sc. Rosana Rodrigues.

O maracujazeiro-azedo (*Passiflora edulis* Sims) é a espécie de maior importância comercial dentro da família Passifloraceae, sendo o Brasil seu maior produtor mundial. No entanto, a produtividade é baixa, tendo em vista seu elevado potencial produtivo. Um dos fatores que limitam o aumento da produção e das áreas cultivadas é a virose, dentre elas, a virose do endurecimento dos frutos, causada pelo vírus cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). Uma das alternativas para superar esse fator limitante da produção seria o uso de cultivares resistentes, capazes de conviver com a virose no campo com o mínimo de perdas possível. O Programa de Melhoramento Genético de Maracujazeiro-azedo da UENF vem ao longo dos últimos anos utilizando cruzamentos interespecíficos e retrocruzamentos para obtenção de novas variedades resistentes ao CABMV. Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a produção e a qualidade de frutos de genótipos de maracujá provenientes do terceiro ciclo de retrocruzamento obtidos do Programa de Melhoramento da UENF. O experimento foi instalado utilizando o delineamento em blocos ao acaso com seis repetições, composto por cinco famílias de irmãos completos de terceira geração de retrocruzamento (RC<sub>3</sub>), e os seus

genitores –*P. setacea* (genitor resistente) e *P. edulis* cultivar UENF Rio Dourado (genitor recorrente e suscetível). As plantas foram conduzidas em sistema de espaldeira vertical, na Escola Agrícola Antônio Sarlo – Campos dos Goytacazes. Para avaliar a produção foram avaliadas as seguintes características: produção por planta (PROD), número de frutos por planta (NF), peso médio de fruto (PMF) e massa de fruto (NF). A avaliação da qualidade do fruto foi realizada por meio das variáveis massa da polpa (MP), rendimento de polpa (RP), diâmetro transversal (DT), diâmetro longitudinal (DL), espessura da casca (EC), sólidos solúveis totais (SST), cor da casca e cor da polpa, sendo avaliados 5 frutos por planta. Os dados foram submetidos à análise de REML/BLUP, visando a obtenção dos parâmetros genéticos e os valores genotípicos. Foram coletados descritores morfoagronômicos de ramos, folhas, flores e frutos, os quais foram analisadas por meio de estatística multivariada, visando descrever a variabilidade genética da população. O estudo revelou média herdabilidade para PROD e alta herdabilidade nas características MF, MP e PMF. Os genótipos 489 e 341 promoveram ganhos em produção de 68,4% e 68,3%, respectivamente. A seleção dos genótipos 83 e 293 possibilita ganhos significativos na qualidade dos frutos. As famílias 293 e 355 mostraram potencial para o Programa de Melhoramento. O agrupamento revelou sucesso na recuperação do genoma do genitor recorrente e pode orientar a seleção e os cruzamentos, visando manter a variabilidade genética na população.

**Palavras-chave:** Parâmetros genéticos; retrocruzamento; ganho genético; estatística multivariada.

## ABSTRACT

COELHO, Luis Carlos Loose; M.Sc.; North Fluminense State University Darcy Ribeiro; April 2024; Production and morphoagronomic characteristics of the RC<sub>3</sub> *Passiflora* population with aim for resistance to CABMV (Cowpea aphid-borne mosaic virus); Advisor: D.Sc. Alexandre Pio Viana; Coumselors: D.Sc. Marcelo Vivas and D.Sc. Rosana Rodrigues.

The sour passion fruit (*Passiflora edulis* Sims) is the most commercially important species within the Passifloraceae family, with Brazil being its largest producer in the world. However, productivity is low, given its high production potential. One of the factors that limit the increase in production and cultivated areas is viruses, including fruit hardening virus, caused by the cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). One of the alternatives to overcome this limiting factor in production would be the use of resistant cultivars, capable of living with the virus in the field with as little loss as possible. Over the last few years, UENF's sour passion fruit genetic improvement program has been using interspecific crossings and backcrosses to obtain new varieties resistant to CABMV. Therefore, the present work aimed to evaluate the production and quality of fruits of passion fruit genotypes from the third cycle of backcrossing obtained from the UENF breeding program. The experiment was carried out using a randomized block design with six replications, consisting of five families of third generation backcross full siblings (RC<sub>3</sub>), and their parents –*P. setacea* (resistant parent) and *P. edulis* cultivar UENF Rio Dourado (recurrent and susceptible parent). The plants were grown in a vertical espalier system, at the

Antônio Sarlo agricultural school – Campos dos Goytacazes. To evaluate production, the following characteristics were evaluated: fruit production (PROD), number of fruits per plant (NF), average fruit weight (PMF) and fruit mass (MF). The evaluation of fruit quality was carried out using the variables pulp mass (MP), pulp yield (RP), transverse diameter (DT), longitudinal diameter (DL), peel thickness (EC), total soluble solids (TSS), skin color and pulp color, with 5 fruits per plant being evaluated. The data were subjected to REML/BLUP analysis, aiming to obtain genetic parameters and genotypic values. Morphoagronomic descriptors of branches, leaves, flowers and fruits were collected, which were analyzed using multivariate statistics, aiming to describe the genetic variability of the population. The study revealed medium heritability for PROD production and high heritability for MF, MP and PMF traits. Genotypes 489 and 341 promoted production gains of 68.4% and 68.3%, respectively. The selection of genotypes 83 and 293 allows significant gains in fruit quality. Families 293 and 355 showed potential for the improvement program. The grouping revealed success in recovering the genome of the recurrent parent and can guide selection and crossings, aiming to maintain genetic variability in the population.

**Keywords:** Genetic parameters; backcrossing; genetic gain; multivariate statistics.

## 1. INTRODUÇÃO

O maracujazeiro-azedo (*Passiflora edulis* Sims) é a espécie de maior importância comercial dentro da família Passifloraceae, sendo cultivada em diversas regiões tropicais do planeta (Melo et al., 2014). Esta espécie é a mais cultivada no Brasil (Freitas et al., 2011) e o país é seu maior produtor mundial, com uma produção de 697.859 toneladas em 2022 (IBGE, 2024). No entanto, a produtividade é baixa (15,303 ton.ha<sup>-1</sup>), tendo em vista o seu alto potencial produtivo. Segundo Hafle et al. (2009), a produtividade do maracujá-azedo pode chegar a 30 ton/ha/ano. Melo et al. (2001), avaliaram 6 cultivares no Distrito Federal, as quais apresentaram uma produtividade variando de 39,05 ton.ha<sup>-1</sup> a 50,33 ton.ha<sup>-1</sup> no segundo ano de produção do pomar.

Um dos fatores que limitam o aumento da produção de maracujá é a ocorrência de doenças, dentre elas, a virose do endurecimento dos frutos, causada pelo vírus cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). Esta doença tem grande importância econômica, por causar redução significativa nos pomares brasileiros (Melo, 2010; Santos, 2018). Segundo Narita (2007), nas plantas de maracujazeiro infectado pelo CABMV, os principais sintomas observados são de mosaico, deformação foliar, bolhas e espessamento e endurecimento do pericarpo. As características internas e externas de frutos colhidos de plantas infectadas pelo vírus não são boas o suficiente para atender à demanda do mercado consumidor (Cavichioli et al., 2011). A transmissão ocorre por meio da picada de prova de

afídeos nas plantas, caracterizando a relação vírus-vetor como não-persistente (Narita,2007). De acordo com Fajardo e Nickel (2019), nos casos em que a relação é não-persistente e o vetor (principalmente pulgão) não coloniza a espécie cultivada, a eficiência do controle químico do vetor para minimizar os danos da virose é praticamente nula. Para Melo (2010), uma das alternativas mais desejadas seria o uso de cultivares resistentes, capazes de conviver com a virose no campo com o mínimo de perdas possível. Porém até o momento não existe uma cultivar registrada com resistência ao vírus, demonstrando a importância da pesquisa nesse sentido.

Algumas espécies selvagens de *Passiflora* apresentam resistência às viroses, estas podem ser fontes doadoras de genes de interesse para o maracujazeiro comercial, por meio de cruzamentos controlados (Junqueira et al., 2005; Sacoman et al., 2018). Sacoman et al. (2018) avaliaram genótipos de *P. setacea*, encontrando plantas resistentes ao CABMV. Santos (2018) avaliando híbridos interespecíficos (*P. edulis* x *P. setacea*) retrocruzados com o genitor recorrente (*P. edulis*), no primeiro ciclo de retrocruzamento identificaram genótipos com resistência ao CABMV e com características físico-químicas semelhantes ao genitor recorrente. O retrocruzamento (RC) possibilita a introgressão de uma característica de interesse, contida em um genitor doador, seguida da recuperação do genótipo do genitor recorrente (Mesquita et al., 2005). O Programa de Melhoramento Genético de Maracujazeiro-azedo da UENF vem ao longo dos últimos anos utilizando cruzamentos interespecíficos e retrocruzamentos para obtenção de novas variedades (Santos 2018).

No entanto, a avaliação e seleção de plantas superiores em populações alógamas não é uma tarefa fácil. O melhoramento de plantas perenes exige técnicas de avaliação que permitam a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos, possibilitando uma seleção mais acurada dos melhores genótipos (Resende, 2000). O ambiente pode exercer grande influência sobre o resultado final do fenótipo, tendo em vista que a maioria das características de interesse agrônomo é controlada por muitos genes. Segundo Jung et al. (2008) as variações de ambiente podem ofuscar as de natureza genética e quanto maior for a proporção da variabilidade decorrente do ambiente em relação à variabilidade total, mais difícil será selecionar genótipos de forma efetiva. O fenótipo é a soma dos efeitos genéticos e ambientais, portanto, conhecer a magnitude dos efeitos

ambientais é de extrema importância para o melhorista. Nesse sentido, surge o conceito de herdabilidade, que pode ser entendida como a parte do fenótipo que é de origem genética e não ambiental, portanto, pode ser herdada pelos descendentes (Borém e Miranda, 2013).

O processo de seleção de plantas exige que o pesquisador lance mão de ferramentas estatísticas, as quais viabilizam a melhor tomada de decisão. Em estudos de melhoramento genético é desejável realizar simultaneamente a predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância. De acordo com Castro et al. (2021), para os componentes de variância, é importante que os indivíduos sejam originários de uma população ampla, portanto, o grau de parentesco entre os materiais avaliados deve ser conhecido.

A estimação e predição no contexto do melhoramento de plantas perenes demanda o uso da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) ao nível individual. O REML pode ser utilizado para estimar parâmetros genéticos, enquanto o BLUP pode prever os valores genotípicos dos indivíduos em uma população (Resende, 2000). A combinação de REML/BLUP fornece uma abordagem eficiente para analisar a variação genética em programas de melhoramento, possibilitando a seleção de genótipos mais promissores com base em características desejadas, como produtividade e resistência a doenças. Essas técnicas são essenciais para otimizar a eficácia dos programas de melhoramento genético em plantas.

As análises multivariadas são promissoras para utilização em estudos de melhoramento de plantas, pois combinam uma série de informações presentes na unidade experimental, possibilitando inferências baseadas em um grande número de variáveis. Seu uso permite classificar cada indivíduo na população e fazer uma discriminação entre eles (Fonseca et al., 2004). Características fenotípicas são comumente usados para analisar a diversidade genética, pois fornecem uma maneira simples de quantificar a variação genética enquanto avalia o desempenho do genótipo em ambientes de crescimento normal (Fufa et al., 2005).

A qualidade do fruto é um fator crucial no melhoramento genético do maracujazeiro, especialmente quando se visa à resistência a doenças como a virose do endurecimento dos frutos. A seleção de genótipos que combinam resistência ao CABMV com características de qualidade superior é essencial para atender às exigências do mercado consumidor e garantir a competitividade dos produtores. Frutos de alta qualidade devem apresentar características desejáveis

como tamanho uniforme, coloração atraente, sabor agradável e boas propriedades físico-químicas. Além disso, a resistência a doenças deve ser incorporada sem comprometer esses atributos de qualidade. Portanto, o desenvolvimento de cultivares que reúnam resistência ao CABMV e alta qualidade de fruto é um desafio. Programas de melhoramento que utilizam técnicas avançadas, como cruzamentos interespecíficos e retrocruzamentos, aliados à análise genética precisa, são fundamentais para alcançar esses objetivos e promover a sustentabilidade e a rentabilidade da cultura do maracujazeiro-azedo.

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1 Geral**

Avaliar uma população segregante RC<sub>3</sub> de maracujá e selecionar genótipos com características agronômicas de interesse comercial.

### **2.2 Específicos**

1. Fazer a fenotipagem da população RC<sub>3</sub> com base em descritores morfoagronômicos de folha, flor e fruto;
2. Estimar os componentes de variância e os valores genotípicos via REML/BLUP para características agronômicas e de produção;
3. Estimar a divergência genética dos genótipos mais resistentes por meio de descritores morfoagronômicos;
4. Selecionar genótipos com base no desempenho agronômico e variabilidade genética.

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1 Características gerais do maracujá

O gênero *Passiflora* L. possui grande diversidade, sendo descritas mais de 560 espécies, sendo trepadeiras, lianas, árvores e arbustos (Krosnick et al., 2013). Essa variabilidade morfológica dentre e entre espécies de *Passiflora* tem relação com a ampla distribuição geográfica desse gênero e com fatores evolutivos que são resultado das interações com polinizadores, dispersores de semente, pragas e doenças (Silva et al., 2016). Em torno de 96% das espécies do gênero se encontram distribuídas em regiões tropicais e subtropicais, sobretudo na América do Sul. No Brasil são encontradas 150 espécies desse gênero, portanto, o país é considerado um centro de diversidade (Silva et al., 2016). Várias espécies de *Passiflora* têm grande importância comercial, em razão de seu uso nutricional, medicinal ou ornamental (Pires et al., 2019).

As espécies pertencentes ao gênero *Passiflora* podem apresentar folhas em diversos formatos (lanceolada, ovalada, cordada, oblonga, elíptica, fendida, partida ou seccionada). Apresentam gavinhas nas axilas das folhas, porém não estão presentes nas espécies lenhosas. As flores são hermafroditas, possuindo cores variadas (branca, rosa, magenta, vermelho, azul ou roxa), além de possuir filamentos, sendo esta uma característica marcante do gênero. O órgão feminino possui três estiletos livres ou conectados na base. A estrutura masculina é composta por cinco estames com filetes livres. Os frutos são bagas, indeiscentes ou cápsulas deiscentes, podendo ocorrer em vários formatos (ovalado, oblongo,

arredondado, elipsoide, fusiforme, oboval e periforme) e cores (verde, amarelo, laranja, rosado, vermelho e roxo). Geralmente as sementes são compridas, reticuladas, pontuadas ou transversalmente alveoladas e possuem um arilo mucilaginoso (Mondin et al., 2011).

O maracujá-azedo (*Passiflora edulis* Sims) é a espécie mais cultivada e de maior importância econômica dentro do gênero *Passiflora* (Faleiro et al., 2005). Estudos citogenéticos apontam que essa espécie apresenta um número cromossômico  $2n=18$  (Praça, 2005). Os hábitos reprodutivos do maracujazeiro classificam-no como uma planta alógama por excelência, visto que, para que a fecundação ocorra é fundamental que o pólen de uma planta fertilize o ovário de outra planta, isso acontece devido a morfologia floral e a autoincompatibilidade (Bruckner et al., 1995; Ataíde et al., 2012).

O Brasil é o maior produtor de maracujá-azedo do mundo, em 2022 o país produziu 697.859 toneladas do fruto, gerando uma receita de 1.972.578 mil reais. A área colhida foi de 45.602 hectares e a produtividade de 15,303 ton/ha (IBGE, 2024). Segundo Meletti (2011), o maracujá representa uma boa opção entre as frutas por oferecer o mais rápido retorno econômico, bem como a oportunidade de uma receita distribuída pela maior parte do ano. Sua produção se concentra principalmente em pequenas e médias propriedades, bem como na agricultura familiar, garantindo a permanência das famílias no campo. No entanto as doenças limitam a expansão dos cultivos de maracujá no Brasil. Dentre as principais doenças estão a bacteriose, murcha de *fusarium*, antracnose, verrugose, podridão das raízes e virose do endurecimento dos frutos (Grisi, 2020).

### **3.2 Virose do endurecimento dos frutos**

A virose do endurecimento dos frutos é a doença mais importante para a cultura do maracujá, por causar redução significativa nos pomares brasileiros, tem grande impacto econômico (Nascimento et al., 2006; Melo, 2010; Santos, 2018). A doença pode ser causada por dois vírus, o passion fruit woodiness virus (PWV) ou cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV), ambos pertencentes ao gênero *Potyvirus* da família Potyviridae. No Brasil estudos indicam que o causador do endurecimento dos frutos em maracujá é o CABMV (Nascimento et al., 2006; Mendes, 2023).

O vírus tem como principal vetor espécies de afídeos, que fazem a transmissão por meio da picada de prova nas plantas (Narita, 2007). De acordo com Fajardo e Nickel (2019), nos casos em que o vetor (principalmente pulgão) não coloniza a espécie cultivada, a eficiência do controle químico do vetor para minimizar os danos da virose é praticamente nula.

Segundo Narita (2007), nas plantas de maracujazeiro infectado pelo CABMV, os principais sintomas observados são de mosaico, deformação foliar, bolhas e espessamento e endurecimento do pericarpo. As características internas e externas de frutos colhidos de plantas infectadas pelo vírus não são boas o suficiente para atender à demanda do mercado consumidor (Cavichioli et al., 2011).

Um estudo realizado por Gomes et al. (2022) mostrou redução na qualidade do maracujá-azedo infectado com CABMV, afetando negativamente suas características físicas. De acordo com Preisigke et al. (2017), não existe uma forma eficiente de controle dessa doença, conseqüentemente, o desenvolvimento de novas cultivares resistentes ao CABMV se faz necessário, uma vez que ainda não foram registradas cultivares de maracujá resistentes.

### **3.3 Melhoramento do maracujá visando a resistência ao CABMV**

No Brasil alguns pesquisadores têm buscado plantas de maracujá com resistência à virose do endurecimento do fruto. Pinto et al. (2008) avaliaram a resistência de genótipos de *P. edulis* visando explorar a variabilidade genética dentro da espécie. No entanto, segundo Santos (2013), a variabilidade para resistência ao vírus, dentro de *P. edulis*, é muito baixa e não se conhece ainda a reação dessas plantas aos demais isolados que ocorrem no Brasil. Trevisan (2005) pesquisou uma forma alternativa para o controle do endurecimento dos frutos, a partir da produção de plantas transgênicas contendo o gene da proteína capsidial do vírus. Barbosa (2016) avaliou diferentes espécies de *Passiflora* quanto à resistência ao CABMV e observou que a espécie *P. setacea* foi a que apresentou menores alterações em decorrência da infecção com o CABMV e *P. edulis* a que mais foi afetada pelo vírus.

São relatadas várias espécies de *Passiflora* que apresentam resistência às principais doenças que causam danos ao maracujazeiro comercial. Preisigke et al. (2017) relataram resistência das espécies *P. foetida*, *P. mucronata*, *P. nitida* e *P.*

*morifolia* à fusariose. A maioria dos acessos de *P. alata*, *P. cincinnata* e *P. setacea* avaliados por Oliveira et al. (2013) em condições de campo não apresentou sintomas de antracnose nos frutos. Sacoman et al. (2018) avaliaram genótipos de *P. setacea* e concluíram que a espécie possui resistência ao CABMV. Essas espécies podem ser importantes para o melhoramento genético do maracujazeiro-azedo, por meio cruzamentos interespecíficos para transferência de genes de resistência.

As hibridações têm sido utilizadas no melhoramento do maracujá, sobretudo visando à resistência a doenças. As espécies silvestres tem um papel muito importante nos programas de melhoramento, pois, geralmente possuem os genes de resistência que se deseja incorporar na espécie comercial. No entanto, muitas vezes a espécie silvestre e a comercial não possuem boa compatibilidade, dificultando o cruzamento. Para que ocorra a formação do híbrido é necessário que as espécies cruzadas apresentem homologia cromossômica, tornando o híbrido viável. Portanto, o conhecimento das relações genômicas é necessário para o sucesso de um programa de hibridação (Pereira et al., 2005). Santos (2013) obteve 100% de pegamento em cruzamentos entre *P. edulis* e *P. setacea*, tal fato indica que existe compatibilidade genética entre essas espécies, o que torna possível sua utilização em programas de melhoramento.

O melhoramento visando a resistência ao CABMV é feito por meio da hibridação interespecífica (*P. edulis* x *P. setacea*), seguida de uma série de retrocruzamentos (Preisigke, 2017; Vidal, 2021). O retrocruzamento é utilizado em espécies como feijão, mamão, cacau (Yamada et al., 2010; Barros et al., 2017; Paulino et al., 2022), além do maracujá. O método dos retrocruzamentos consiste em realizar uma série de cruzamentos da progênie de duas cultivares com um dos genitores. O genótipo que participa somente do primeiro cruzamento é chamado de doador e o que participa dos sucessivos retrocruzamentos é chamado como recorrente. O objetivo desse método é readquirir o genoma do genitor recorrente (cultivar elite), sem perder a característica adquirida do genitor doador (Borém e Miranda, 2013). A característica de resistência ao CABMV é de herança poligênica, portanto, devem ser avaliadas populações grandes de maracujá, possibilitando ganhos a partir do retrocruzamento (Freitas et al., 2015).

### 3.4 Características agronômicas importantes no maracujá

Avaliar a produtividade e as características físico-químicas é de extrema importância para o melhoramento das fruteiras em geral, tendo em vista atender às exigências do mercado consumidor, garantindo maior aceitação e valor de mercado (Negreiros et al., 2007). O maracujazeiro ainda apresenta grande variação quanto à produtividade e características de frutos, portanto, pesquisas com foco nesses atributos são essenciais para atender o segmento *in natura* e a agroindústria (Morgado et al., 2010).

Para Abreu et al. (2009) os principais atributos de qualidade observados pelos consumidores são para a fruta fresca: a cor, o peso, o tamanho e a firmeza, e para o produto industrializado: a cor, o sabor e o aroma. Esses caracteres fenotípicos constituem ainda o principal critério na seleção de progênies de maracujazeiro, tendo em vista a boa qualidade de fruto. Segundo Ferreira et al. (2016), julga-se uma boa opção cultivar aquela capaz de reunir várias atribuições agronômicas e comerciais.

Características como, peso de fruto, massa da polpa, rendimento de polpa, espessura da casca, comprimento e diâmetro de fruto, número de sementes por fruto, sólidos solúveis e pH têm sido utilizadas como características de qualidade de fruto e para estudos de diversidade genética em populações de maracujá (Godoy et al., 2007; Abreu et al., 2009; Medeiros et al., 2009; Chagas et al., 2016). O estudo das características físico-químicas de frutos está entre as principais demandas no melhoramento de maracujá (Faleiro et al., 2006), portanto, não pode ser desprezado.

### 3.5 Uso dos Modelos Mistos no melhoramento de plantas

O sucesso no melhoramento genético depende da escolha criteriosa dos melhores indivíduos como genitores, visando reduzir esforços e acelerar a obtenção de materiais genéticos superiores. A avaliação morfogenética dos candidatos à seleção é uma maneira crucial de identificar portadores de genes desejáveis (Farias Neto et al., 2013). A compreensão da base genética das características agronômicas é fundamental em um programa de melhoramento. Por meio das estimativas de parâmetros genéticos, correlações e estudo da herança

genética dos caracteres é possível estabelecer as melhores estratégias de melhoramento (Faleiro et al., 2006). Segundo Ferreira et al. (2016), na cultura do maracujazeiro, existe carência de genótipos adaptados às regiões de cultivo, sendo necessária a adoção de métodos precisos na seleção dos melhores indivíduos.

Um dos procedimentos mais recomendados para os estudos em genética quantitativa e seleção em plantas perenes é a máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição de valores genéticos pela melhor predição linear não viciada (BLUP) (Resende et al., 2001). Essa metodologia tem sido utilizada com sucesso na seleção de genótipos superiores em fruteiras. Ferreira et al. (2016) utilizaram o REML/BLUP para selecionar genótipos de maracujá-amarelo no programa de seleção recorrente, obtendo ganhos genéticos de até 27% em número de frutos e 59,26% em massa média de fruto. Os autores concluíram que os modelos mistos se mostraram adequados para a avaliação do maracujazeiro-azedo, garantindo o sucesso na seleção de progênies superiores. Mendes (2023) obteve a estimativa dos componentes de variância e a predição dos ganhos genéticos via procedimento REML/BLUP de 90 famílias de irmãos completos de *Passiflora*. Foram alcançados ganhos de até 132,75% na média de produção com a seleção baseada no BLUP. Quintal et al. (2017) obtiveram sucesso na seleção entre famílias de goiabeira, com base em características de produtividade e qualidade de fruto, utilizando o REML/BLUP.

A adoção de procedimentos genético-estatísticos mais refinados, como a metodologia de modelos mistos, é uma tendência no campo do melhoramento genético. Contornando a limitada precisão seletiva, o REML/BLUP emerge como uma abordagem que permite atingir ganhos genéticos mais significativos (Pimentel et al., 2014).

### **3.6 Análises multivariadas no melhoramento de plantas**

A avaliação da diversidade genética com base em um número limitado de variáveis tem-se mostrado inadequada, pois não aborda adequadamente a complexidade das interações entre influências genéticas e ambientais. A avaliação e interpretação simultânea de um conjunto considerável de características, a fim de capturar o máximo possível dos efeitos envolvidos se mostra uma abordagem adequada (Ferreira et al., 2003). Segundo Benin et al. (2003), a quantificação da

dissimilaridade genética é um dos mais importantes parâmetros estimados pelos melhoristas de plantas, principalmente quando o objetivo for a obtenção de segregantes transgressivos e populações de ampla variabilidade genética. Para Cruz et al. (2011), quando a diversidade genética é estudada a partir de características de diferentes naturezas, diferentes estratégias de análises podem ser recomendadas.

Em muitos casos, os pesquisadores tendem a avaliar um grande número de características, resultando em um aumento significativo do trabalho envolvido. Quando o número de características é elevado, várias delas podem ter uma contribuição limitada para diferenciar entre os indivíduos avaliados. Essa situação aumenta a carga de trabalho envolvida na caracterização, mas não necessariamente melhora a precisão, ao mesmo tempo que torna mais complexa a análise e interpretação dos dados. Portanto, é possível eliminar aquelas características que são redundantes ou difíceis de mensurar, o que por sua vez reduziria tanto o tempo quanto os custos dos experimentos (Paiva et al., 2010). Segundo Bezerra Neto et al. (2010), vários métodos multivariados podem ser usados na predição da diversidade genética. A escolha baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, bem como na facilidade da análise e na forma como os dados foram obtidos. Entre as técnicas mais utilizadas para calcular a diversidade genética tem-se a distância euclidiana, a distância de Gower, a análise de componentes principais (ACP) e as variáveis canônicas (Mohammadi e Prasanna, 2003).

Quando o objetivo do pesquisador é avaliar simultaneamente características quantitativas e qualitativas é indicado que seja utilizado o algoritmo de Gower (Gower, 1971). Esta análise permite que os valores na matriz de distância estejam entre 0 e 1, exigindo a normalização das variáveis quantitativas e categóricas (Rocha et al., 2010). Com base na matriz de dissimilaridade é possível construir um dendrograma. A distância de Gower tem sido utilizada em trabalhos para obtenção da distância genética com base em características morfológicas em diversas espécies.

A análise de componentes principais (ACP) consiste em transformar um conjunto de  $p$  variáveis originais  $X_1, X_2, \dots, X_p$ , pertencentes a  $n$  indivíduos ou populações, em um novo conjunto de variáveis,  $Y_1, Y_2, \dots, Y_p$  de dimensão equivalente, chamados componentes principais (Costa et al., 2013). A ACP procura

gerar combinações lineares das variáveis que capturem ao máximo a variância dessas variáveis observadas (Matos e Rodrigues, 2019).

Machado et al. (2015) utilizaram 36 descritores morfoagronômicos, sendo 13 qualitativos e 23 quantitativos para caracterizar uma coleção de germoplasma de maracujá e estimar a divergência com base na análise conjunta dos dados. Os autores encontraram variabilidade fenotípica entre os genótipos para as características morfoagronômicas estudadas, principalmente nos frutos, que mostraram diferenças acentuadas em teores de sólidos solúveis e vitamina C. Os acessos foram estudados com base no algoritmo de Gower e divididos em três grupos, por meio do agrupamento de UPGMA.

Moura et al. (2010) avaliaram 56 acessos de *Capsicum chinense* (pimenta) procedentes da Coleção de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, com base em 44 descritores morfoagronômicos, 37 qualitativos e sete quantitativos, utilizando-se a análise conjunta baseada no algoritmo de Gower. Houve variabilidade fenotípica entre os acessos de pimenta, sobretudo nos frutos, os quais revelaram diferenças acentuadas em tamanho, formato, coloração, teores de sólidos solúveis totais e vitamina C. Os autores concluíram que a análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos resultou em maior eficiência na determinação da divergência genética entre os acessos avaliados.

Rocha et al. (2010) estudaram 40 acessos de tomateiro cereja, cultivados em manejo orgânico, a partir de quatro descritores qualitativos (coloração, formato, uniformidade de maturação e número de lóculos) e nove descritores quantitativos (produção total de frutos; produção de frutos comerciais e não comerciais; diâmetro longitudinal e equatorial dos frutos; espessura da polpa; massas mínima, média e máxima de cada fruto por planta. Por meio do algoritmo de Gower foi possível obter sete grupos. Os autores concluíram que o método foi eficiente na discriminação dos grupos, demonstrando que a análise simultânea de dados qualitativos e quantitativos é viável e pode permitir maior eficiência no conhecimento da divergência entre acessos de bancos de germoplasma.

Silveira et al. (2016) avaliaram 15 genótipos de *Passiflora cristalina* com ocorrência natural, no município de Alta Floresta, MT, por meio da ACP, mediante 30 caracteres morfológicos de flores e frutos, sendo 21 destes para flor e nove para fruto. Os três primeiros componentes explicaram 52,11% da variação acumulada.

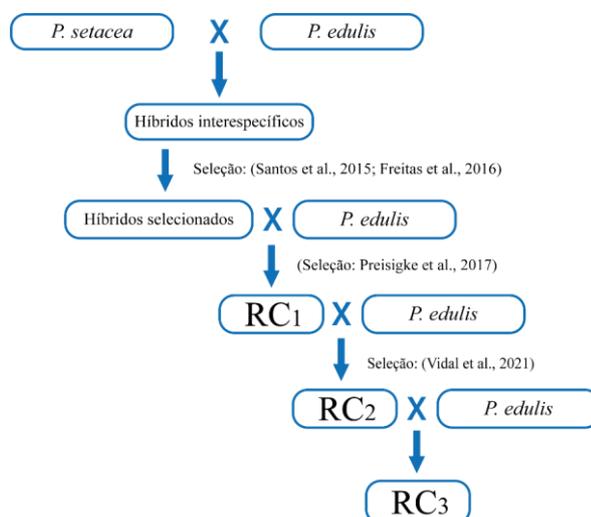
As características que mais contribuíram para discriminação dos genótipos foram peso fresco do fruto, comprimento do estigma, comprimento dos filamentos da corona, largura do fruto, largura da pétala e massa da polpa, sendo estes caracteres mais responsivos para seleção dos genótipos.

Castro (2012) conseguiu explicar 57,13% da variação total entre 24 genótipos de maracujá-azedo, por meio dos dois primeiros componentes principais. Dos 20 descritores utilizados, oito foram descartados por seleção direta.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 Origem da população RC<sub>3</sub>

O programa de melhoramento foi realizado em várias etapas, conforme a Figura 1. Os híbridos interespecíficos (*P. edulis* x *P. setacea*) foram obtidos e avaliados por Santos (2014). As plantas resistentes foram selecionadas e retrocruzadas com *P. edulis*, obtendo-se a geração RC<sub>1</sub>. Esta foi avaliada por (Preisigke, 2017). Os genótipos selecionados em RC<sub>1</sub> foram retrocruzados com *P. edulis*, dando origem a geração RC<sub>2</sub>, a qual foi avaliada por Vidal (2021), que selecionou os melhores genótipos para o terceiro ciclo de retrocruzamento, gerando a geração RC<sub>3</sub>.



**Figura 1.** Organograma do Programa de Melhoramento de Maracujá da UENF.

## 4.2 Etapas para obtenção da terceira geração de retrocruzamento (RC<sub>3</sub>)

As etapas a seguir foram realizadas por Vidal (2021), onde para a realização dos cruzamentos (RC<sub>2</sub> x *P. edulis*) os botões florais dos genitores femininos foram emasculados em pré-antese e as flores foram protegidas com sacos de papel, o mesmo processo foi realizado com os genitores masculinos, exceto a emasculação. A polinização foi iniciada a partir das 12 horas, sendo o início da antese das flores dos genitores. As anteras dos genitores masculinos foram esfregadas no estigma dos genitores femininos com uma pinça, logo após as flores foram identificadas e protegidas por até 24 horas.

Os frutos obtidos pelos cruzamentos foram protegidos com rede de náilon até o amadurecimento. As sementes foram retiradas, lavadas em água, secas e armazenadas em sacos de papel revestidos por sacos plásticos e conservadas em geladeira a + 10°C no Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal da UENF.

As sementes foram semeadas em bandejas de isopor de 200 células contendo substrato comercial em casa de vegetação localizada na UENF. Após o surgimento de dois pares de folhas definitivas, as mudas foram transferidas individualmente para sacos plásticos de polietileno contendo substrato comercial. As mudas foram plantadas na área experimental da UENF localizada na Escola Agrícola Antônio Sarlo de clima característico AW - tropical com inverno seco (Köppen e Geiger, 1928) e de solo tipo argilo-arenoso.

## 4.3 Condução do experimento

O experimento foi instalado na Escola Agrícola Antônio Sarlo, região Norte do estado do Rio de Janeiro (21° 74' S, 41° 33' W e 11,2 m de altitude). A região tem uma 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).

Foi utilizado o delineamento em blocos ao acaso com seis repetições, composto por cinco famílias de irmãos completos (desbalanceado para plantas dentro de famílias) e os seus genitores – *P. setacea* (genitor resistente), cultivar UENF Rio Dourado (genitor recorrente e suscetível). Inicialmente, cada família de irmão completo foi composta por 22 genótipos e os genitores por quatro genótipos,

totalizando 708 plantas no experimento. No entanto, devido a morte de mudas, esse número foi alterado.

As plantas foram conduzidas com o sistema de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m de altura, espaçados a 4 m e fio de arame número 12 a 1,80 m do solo. O espaçamento foi de 3,0 m entre linhas e 2 m entre plantas. Os tratamentos culturais (roçagem do mato, poda, desbrota) foram realizados de acordo com a exigência da cultura (Manica, 1981). Na adubação mensal foram utilizados 80 g de cloreto de potássio e 100 g de ureia. Para suprir as necessidades hídricas da cultura foi utilizado sistema de irrigação por gotejamento.

#### **4.4 Coleta de dados**

Os frutos foram coletados em cada planta individual, semanalmente, obtendo-se as variáveis relacionadas a produção e qualidade de fruto. Para avaliar a produção foram obtidas as seguintes características: produção de frutos por planta (kg), por meio da pesagem em balança digital; número de frutos por planta, através da contagem da quantidade produzida por cada planta; peso médio de fruto (g) obtido pela divisão da produção total da planta pelo número de frutos; massa de fruto (g) utilizando uma balança digital de precisão.

A avaliação da qualidade do fruto foi feita por meio das seguintes variáveis: massa da polpa (g) utilizando uma balança digital de precisão; rendimento de polpa (%) por meio da razão entre a massa da polpa e a massa do fruto multiplicado por 100; diâmetro de fruto (mm), comprimento de fruto (mm) e espessura da casca (mm) obtidos com o auxílio de um paquímetro digital; teor de sólidos solúveis (°Brix) com auxílio de um refratômetro analógico, com leitura na faixa de 0 a 32 °Brix; cor da casca (amarelo, amarelo-esverdeada, verde-amarelada e verde) e cor da polpa (amarelo-clara, amarela, amarelo-alaranjada e alaranjada) (Santos, 2013).

Para essas características foram avaliados cinco frutos de cada planta, obtendo-se um único valor por meio da média aritmética. Todas as medidas de massa foram obtidas por meio de uma balança analítica e as medidas relacionadas a comprimento foram obtidas por meio de paquímetro digital. Os descritores de ramos, folhas e flores (Tabela 1) foram coletados em cada quadrante da planta (compondo quatro repetições).

**Tabela 1.** Descritores quantitativos e qualitativos de *Passiflora* avaliados na população RC<sub>3</sub>

<b>Nº</b>	<b>Natureza</b>	<b>Descritor</b>	<b>Parte da planta</b>
1	Qualitativo	Coloração predominante do ramo	Ramo
2	Quantitativo	Comprimento do limbo foliar	Folha
3	Quantitativo	Largura máxima da folha	Folha
4	Qualitativo	Profundidade predominante dos sinus	Folha
5	Qualitativo	Bulado do limbo foliar	Folha
6	Quantitativo	Comprimento do pecíolo	Folha
7	Qualitativo	Posição predominante dos nectários no pecíolo	Folha
8	Quantitativo	Comprimento da bráctea	Flor
9	Quantitativo	Comprimento da sépala	Flor
10	Quantitativo	Largura da sépala	Flor
11	Quantitativo	Diâmetro da flor (pétalas e sépalas)	Flor
12	Quantitativo	Diâmetro da corona (fímbrias)	Flor
13	Qualitativo	Filamentos mais longos da corona (fímbrias)	Flor
14	Qualitativo	Anéis coloridos nos filamentos mais longos da corona	Flor
15	Quantitativo	Largura dos anéis coloridos nos filamentos da corona	Flor
16	Qualitativo	Intensidade da coloração predominante dos anéis nos filamentos da corona	Flor
17	Quantitativo	Comprimento do androginóforo	Flor
18	Qualitativo	Antocianina no androginóforo	Flor
19	Qualitativo	Antocianina no filete	Flor
20	Qualitativo	Antocianina no estilete	Flor
21	Quantitativo	Massa do fruto	Fruto
22	Quantitativo	Massa da polpa	Fruto
23	Quantitativo	Comprimento longitudinal	Fruto
24	Quantitativo	Largura - diâmetro transversal	Fruto
25	Quantitativo	Relação diâmetro longitudinal/diâmetro transversal	Fruto
26	Qualitativo	Coloração da casca	Fruto
27	Quantitativo	Espessura da casca	Fruto
28	Qualitativo	Coloração da polpa	Fruto
29	Quantitativo	Teor de sólidos solúveis totais	Fruto
30	Quantitativo	Rendimento de polpa	Fruto

#### 4.5 Estimativa de parâmetros genéticos

Os dados relacionados à produção e à qualidade de fruto foram analisados pelo programa Selegen REML/BLUP modelo estatístico 147 (Resende, 2016). A análise seguiu o modelo estatístico:

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

Em que:  $y$  = vetor dos dados;  $r$  = vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;  $g$  = vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios);  $p$  = vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios);  $e$  = vetor de erros ou resíduos (aleatórios) e  $X$ ,  $Z$  e  $W$  = representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram estimados os seguintes componentes de variância:  $\sigma^2_g$  = variância genotípica entre progênies de irmãos completos, equivalendo a 1/2 da variância genética aditiva mais 1/4 da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia;  $\sigma^2_f$  = variância fenotípica individual;  $h^2_a$  = herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância;  $h^2_{mp}$  = herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa;  $A_{cprog}$  = acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa;  $h^2_{ad}$  = herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância e média geral do experimento.

De acordo com modelo descrito em Viana e Resende (2014), a análise de Deviance (ANADEV) foi obtida da seguinte forma:

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

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

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

O teste estatístico LRT (teste de razão de verossimilhança) foi utilizado para testar o significado dos efeitos, da seguinte forma:

$$LRT: |-2\ln(L_{se}) + 2\ln(L_{fm})$$

Onde: Lse é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos) e Lfm é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo.

## 4.6 Análise multivariada

### 4.6.1 Distância de Gower

Os descritores morfoagronômicos foram analisados por meio de estatística multivariada, com o objetivo de conhecer a variabilidade genética da população. Para realizar essas análises foram utilizados 38 genótipos, sendo 31 selecionados com base na resistência à virose e à produção (Tabela 2), quatro *P. setacea* e três *P. edulis*. Os 31 genótipos foram selecionados com base no trabalho de resistência, realizado por Oliveira (2023) e na produção obtida neste trabalho.

**Tabela 2.** Genótipos selecionados com base na resistência e produção na população RC<sub>3</sub>

Genótipo	Família
24	293
50	501
85	355
102	153
175	293
180	293
184	293
235	501
249	153
261	153
271	501
307	355
333	293
340	293
341	293
349	293
351	293
388	153
395	153
396	153
433	293
434	293
443	293
446	293
451	355
491	293
508	355
579	153
601	355
606	355
614	501

Esses genótipos também foram usados no esquema de cruzamentos para teste de lançamento de uma cultivar e para compor a população RC<sub>4</sub>.

Tendo em vista que as variáveis de qualidade de fruto são qualitativas e quantitativas, foi utilizado o algoritmo de Gower para estimar a dissimilaridade entre os genótipos. A obtenção da matriz de distância genética aconteceu por meio da análise conjunta das variáveis quantitativas e qualitativas obtidas com base no algoritmo de Gower (1971), expresso pela fórmula:

$$S_{ijk} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \cdot S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}}$$

Em que:  $k$  = o número de variáveis ( $k = 1, 2, \dots, p$ );  $i$  e  $j$  = dois indivíduos que representem o acesso;  $W_{ijk}$  = peso dado à comparação  $ijk$ , atribuindo valor 1 para comparações válidas e valor 0 para comparações inválidas (quando o valor da variável está ausente em um ou ambos indivíduos) e  $S_{ijk}$  = contribuição da variável  $k$  na similaridade entre os indivíduos  $i$  e  $j$ , com valores entre 0 e 1.

Para uma variável qualitativa (nominal), se o valor da variável  $k$  é o mesmo para ambos os indivíduos,  $i$  e  $j$ , então  $S_{ijk} = 1$ , caso contrário, é igual a 0; para uma variável quantitativa (contínua)  $S_{ijk} = 1 - |x_{ik} - x_{jk}| / R_k$  onde:  $x_{ik}$  e  $x_{jk}$  são os valores da variável  $k$  para os indivíduos  $i$  e  $j$ , respectivamente e  $R_k$  é o intervalo (valor máximo menos valor mínimo), da variável  $k$  na amostra. A divisão por  $R_k$  elimina as diferenças entre escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo [0, 1] e pesos iguais. O agrupamento dos indivíduos foi feito pelo método UPGMA, sendo selecionado com base no coeficiente de correlação cofenética (Sokal e Rolf, 1962).

#### 4.6.2 Análise de Componentes Principais

As características quantitativas relacionadas à produção e à qualidade do fruto foram utilizadas para realizar a análise de componentes principais (ACP), tendo em vista que estas podem ser consideradas as mais relevantes para o melhoramento. Sendo elas: PROD, NF, PMF, MF, DL, DT, EC, MP, RP e SST. Foram desconsideradas as variáveis qualitativas, em função da característica quantitativa da análise.

Os componentes principais foram obtidos a partir da matriz de correlação com base nas seguintes expressões:  $|R - \lambda I| = 0$ , que fornece os autovalores  $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_k, \dots, \lambda_p$  e  $(R - \lambda I)a_i = \emptyset$ , que fornece os autovetores  $a_1, a_2, \dots, a_k, \dots, a_p$ , em que:  $R$  = matriz de correlação entre as características avaliadas;  $\lambda_i$  = autovalores da matriz  $R$ ;  $a_i$  = autovetor associado ao autovalor;  $I$  = matriz identidade de ordem  $p$  ( $p$  = número de características); e  $\emptyset$  = vetor nulo, de dimensão  $p \times 1$ . Os autovetores  $a_i$  foram normalizados para se obter  $a_i^*$  tal que  $a_i' * a_i^* = 1$  para  $i = 1, 2, 3, k, p$  e  $a_i' * a_j^* = 0$  para  $i \neq j$ .

A importância relativa de um componente principal foi avaliada pela porcentagem de variância total explicada, ou seja, a porcentagem de seu autovalor em relação ao total dos autovalores dos outros componentes, ou a porcentagem de seu autovalor em relação ao traço da matriz  $R$ , que é dado por:

$$C_i = \frac{\hat{V}ar(Y_i)}{\sum_{i=1}^p \hat{V}ar(Y_i)} * 100 = \frac{\lambda_i}{\sum_{i=1}^p \lambda_i} * 100 = \frac{\lambda_i}{traço(S)} * 100$$

A determinação do número de *clusters* (grupos) foi realizada com base no método de Elbow ou cotovelo. Essa é uma técnica utilizada para determinar o número ideal de *clusters* ( $k$ ) em um algoritmo de *clustering*, como o K-Means. O método recebe esse nome devido à sua representação gráfica, que muitas vezes se assemelha a um cotovelo. O agrupamento dos genótipos para formação dos *clusters* foi realizado por meio do algoritmo K-Means, o qual, de acordo com Linden (2009), é uma heurística de agrupamento não hierárquico que busca minimizar a distância dos elementos a um conjunto de  $k$  centros.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1 Estimativas de parâmetros genéticos

A Tabela 3 apresenta os resultados da análise de deviance. Por meio do teste de razão de verossimilhança (LRT) a 5% e 1% de probabilidade, pode-se observar que todas as variáveis estudadas são significativas. Tal fato sugere que o efeito associado ao genótipo é estatisticamente diferente de zero. Portanto, há uma relação estatisticamente significativa entre o genótipo e a variável em questão. Com base nesta análise, é possível afirmar que a seleção dos genótipos apresenta promissoras chances de êxito.

**Tabela 3.** Análise de deviance para dez características de produção e qualidade de fruto da população RC<sub>3</sub> de maracujá. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2023

Efeito	NF		PROD		PMF		MF		DL	
	Deviance	LRT(X <sup>2</sup> )	Deviance	LRT (X <sup>2</sup> )						
<b>Genótipos</b>	3125,5		1432,37		3802,44		4137,08		2665,02	
<b>Modelo completo</b>	3119,64	5,86*	1420,04	12,33**	3773,08	29,36**	4091,27	45,81**	2642,95	22,07**

Efeito	DT		MP		EC		SST		RP	
	Deviance	LRT (X <sup>2</sup> )								
<b>Genótipos</b>	2338,27		3453,42		646,17		1064,8		2323,21	
<b>Modelo completo</b>	2319,21	19,06**	3410,55	42,87**	631,77	14,4**	1048,38	16,42**	2307,99	15,22**

\* e \*\* significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade pelo teste Qui-quadrado, respectivamente. LRT(X<sup>2</sup>): teste de razão de verossimilhança. PROD = produção; NF = número de frutos; PMF = peso médio de fruto; MF = massa de fruto; DL = diâmetro longitudinal; DT = diâmetro transversal; EC = espessura da casca; MP = massa da polpa; RP = rendimento de polpa; SST = sólidos solúveis totais.

A variância fenotípica variou de 1,71 a 3400,48 (Tabela 4), demonstrando que cada característica responde de forma diferente a ação do ambiente. As características que tiveram os maiores valores de variância fenotípica foram massa de fruto, peso médio de fruto e massa da polpa (3400,48, 1692,20 e 803,99), respectivamente. As duas primeiras são bastante semelhantes, porém são obtidas de maneiras diferentes. A MF é obtida por meio da massa individual de cada fruto, através da média de uma amostra (5 frutos por planta). O PMF é calculado mediante a divisão da produção total da planta pela quantidade de frutos produzidos (PROD/NF). A massa da polpa é uma característica que tem uma correlação forte e positiva com a massa do fruto (0,94), portanto, frutos mais pesados produzem maior quantidade de polpa (Morgado et al, 2010).

O maior valor para estimativa de variância genotípica foi da característica massa de fruto (1371,93) e o menor valor foi para espessura de casca (0,35). A variância genotípica é um parâmetro estatístico que mensura a variabilidade genética presente em uma população relacionada a uma determinada característica, excluindo a variação causada pelo ambiente (Falconer e Mackay, 1989). Os resultados deste trabalho mostram que a população RC<sub>3</sub> apresentou baixa variabilidade genética quanto às características EC, SST, PROD. Logo, o ganho genético para essas características pode ser mais lento nos próximos ciclos de seleção. A produção é um dos parâmetros mais importantes no melhoramento do maracujazeiro. O mesmo tem sido utilizado como um dos principais critérios na seleção de genitores desta população em questão. À vista disso, pode-se inferir que com o avanço das gerações tenha ocorrido um decréscimo na variabilidade desta característica. O alto valor de variância genotípica para MF indica que ainda existe uma grande variação relacionada a essa característica na população.

As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito variaram de 0,17 a 0,81. De acordo com a classificação descrita por Resende (2002) a herdabilidade pode ser considerada como de baixa magnitude:  $\hat{h}^2 < 0,15$ , média magnitude:  $0,15 < \hat{h}^2 < 0,50$  e alta magnitude:  $\hat{h}^2 > 0,50$ . Nenhuma das características apresentou herdabilidade de baixa magnitude. Os parâmetros NF, DT, PROD, EC e RP apresentaram média magnitude e DL, SST, PMF, MF e MP manifestaram alta magnitude. Tais resultados demonstram a possibilidade de realizar uma seleção bem sucedida para a maioria das características de interesse no maracujazeiro. Segundo Hanson (1963), a herdabilidade no sentido restrito

expressa a fração das diferenças fenotípicas entre os progenitores que se espera recuperar na descendência. A herdabilidade da PROD encontrada aqui (0,34), foi inferior a obtida por Vidal (2021) (0,56) e superior a encontrada por Cavalcante (2019) (0,21) e Assunção (2014) (0,28). Mesmo com uma herdabilidade considerada média, é possível obter ganhos em produção, utilizando métodos eficientes de seleção para se alcançar maiores ganhos em curto prazo (Freitas et al., 2011).

O número de frutos e o peso médio de frutos que estão relacionados diretamente com a produção do maracujá, compondo algumas das principais características para o melhoramento, apresentaram herdabilidade de 0,17 e 0,75, respectivamente. Ferreira et al (2016) encontraram valores de herdabilidade de 0,65 para as duas características, as quais comparadas com o presente trabalho foram superiores e inferiores, para NF e PMF, respectivamente. Os autores ponderam que, as condições experimentais relacionadas ao número de repetições, ao número de plantas por parcela, além de tratos culturais uniformes, também influenciam diretamente nas estimativas de herdabilidade. Segundo Viana e Gonçalves (2005), as estimativas de parâmetros genéticos não devem ser extrapoladas para outras populações ou outras condições experimentais, pois são características próprias da população em estudo.

Os parâmetros DL e DT apresentaram herdabilidades de 0,59 e 0,23, respectivamente. Assunção et al. (2015), utilizando a metodologia REML, obtiveram herdabilidades de 0,65 para DL e 0,37 para DT. Nota-se que, apesar de serem características correlacionadas, nos dois estudos a estimativa de herdabilidade foi maior no diâmetro longitudinal do que no diâmetro transversal. Os autores obtiveram a mesma herdabilidade em EC da encontrada na presente população em estudo (0,41). Com relação à espessura da casca do maracujá, Coelho et al., (2011) pontuam que, variações podem ocorrer dentro da mesma espécie, em um mesmo pomar e entre as diferentes regiões de cultivo, podendo-se aproveitar as qualidades desejáveis, por meio da seleção. Na comercialização, existe uma exigência do mercado consumidor por frutos com casca mais fina, os quais tendem a apresentar maior rendimento de polpa (Fortaleza et al., 2005).

**Tabela 4.** Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos RC<sub>3</sub>: variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ), variância fenotípica ( $\sigma^2_f$ ), herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2_a$ ), herdabilidade da média de progênies ( $h^2_{mp}$ ), acurácia da seleção de progênies (Acprog) e herdabilidade aditiva dentro de parcela ( $h^2_{ad}$ ), obtidos pelo procedimento REML em dez características do maracujazeiro. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2023

ESTIMATIVA	CARACTERÍSTICAS									
	PROD (Mg)	NF	PMF (g)	MF (g)	DL (mm)	DT (mm)	EC (mm)	MP (g)	RP (%)	SST (°Brix)
$\sigma^2_g$	1,47	26,04	634,58	1371,93	40,11	6,23	0,35	327,34	13,44	1,44
$\sigma^2_f$	8,69	296,95	1692,20	3400,48	135,84	53,59	1,71	803,99	61,2	4,85
$\hat{h}^2_a$	0,34	0,17	0,75	0,81	0,59	0,23	0,41	0,81	0,44	0,59
$\hat{h}^2_{mp}$	0,95	0,89	0,98	0,99	0,96	0,94	0,93	0,99	0,94	0,94
Acprog	0,97	0,94	0,99	0,99	0,98	0,97	0,96	0,99	0,97	0,97
$\hat{h}^2_{ad}$	0,21	0,10	0,63	0,68	0,44	0,13	0,28	0,69	0,30	0,48

PROD = produção; NF = número de frutos; PMF = peso médio de fruto; MF = massa de fruto; DL = diâmetro longitudinal; DT = diâmetro transversal; EC = espessura da casca; MP = massa da polpa; RP = rendimento de polpa; SST = sólidos solúveis totais.

A massa de polpa foi a característica com a maior herdabilidade, logo, a seleção pode ser muito eficiente. Quanto ao rendimento de polpa, a herdabilidade foi de 0,44, inferior a encontrada por (Freitas et al., 2011) e superior a encontrada por (Nunes, 2006; Oliveira et al., 2008). Frutos com maior quantidade de polpa indicam uma eficácia produtiva e refletem características genéticas desejáveis, influenciando diretamente a qualidade e a comercialização dos produtos finais.

Ribeiro (2022), obteve uma herdabilidade de 0,65 da característica SST, sendo superior a encontrada aqui (0,59). A Instrução Normativa nº 1, de 7 de janeiro de 2000, do Ministério da Agricultura e do Abastecimento, determina que o valor mínimo do teor de sólidos solúveis seja 11º Brix (BRASIL, 2000). Portanto, é importante selecionar genótipos que atendam essas exigências.

A herdabilidade da média de progênies foi superior à herdabilidade individual no sentido restrito para todas as características e variou de 0,89 a 0,99 (tabela 3). Esse resultado indica que existe maior variabilidade entre do que dentro de famílias. O mesmo padrão foi encontrado em outros trabalhos com maracujá (Santos, 2013; Assunção, 2014; Cavalcante, 2019 e Vidal, 2021), além de outras espécies, como, açaí (Farias Neto et al., 2008), pupunha (Farias Neto et al., 2013), ébano (Torres et al., 2021) e pinus (Silva et al., 2011). Valores expressivos de  $h^2mp$ , segundo Costa et al (2010), indicam que a seleção pode ser mais efetiva utilizando-se as informações das famílias.

As características com maior  $h^2mp$  foram MF e MP (0,99), demonstrando grande potencial de ganho nas mesmas. Ainda é possível observar que a estimativa de  $h^2mp$  da PROD foi alta (0,95). Essa característica tem grande relevância na seleção de plantas, por isso, visando maximizar a produção seria interessante a seleção de famílias ao invés de indivíduos. No entanto, o mesmo pode não ser válido para resistência ao CABMV. O Programa de Melhoramento de Maracujá da UENF, visa não só atingir elevada produção, mas também selecionar plantas com resistência ao vírus.

Krause et al. (2021) estudaram algumas características de fruto de maracujá, por meio da metodologia REML/BLUP e encontraram valores de  $h^2mp$  entre 0,13 e 0,706, sendo bastante inferiores aos encontrados aqui. Os maiores valores obtidos por eles foram nas características ratio, comprimento de fruto e formato de fruto. Segundo os autores, nessa situação, a seleção pode ser mais

efetiva utilizando as informações das progênies, visto que genótipos com estas características podem representar ganhos para fins agroindustriais.

A acurácia da seleção de progênies foi alta ( $>0,94$ ) para todas as características (tabela 3), demonstrando grande precisão experimental. De acordo com Pereira et al (2013), essa medida está associada à precisão na seleção e refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. Essa estimativa pode ser ampliada mediante uma experimentação mais adequada, aumentando-se o número de medições por planta (Resende, 2002). Portanto, pode-se afirmar que o presente experimento foi conduzido adequadamente, gerando resultados confiáveis. Tal resultado é importante para o melhorista de plantas, pois, garante maior segurança ao descartar as progênies não selecionadas da população e assim seguir com os próximos ciclos de seleção.

## **5.2 Ganho genético**

Com relação às características que afetam diretamente a produtividade do maracujá foram obtidos ganhos genéticos bastante expressivos (Tabela 5). Os ganhos em PROD variaram de 52,1% a 68,4%. Assunção (2014) obteve uma estimativa de ganho em PROD de 20,8% por meio do BLUP. Mesmo com uma herdabilidade de média magnitude (0,34), foi possível obter ganhos consideráveis em produção. Desta forma se comprova o potencial do uso dos modelos mistos no melhoramento de plantas perenes. Os genótipos 489 e 341 (família RC<sub>3</sub>-293) e 306 (família RC<sub>3</sub>-355) foram os que apresentaram maior ganho genético para produção, com uma nova média estimada de 6,4 Kg.

**Tabela 5.** Ranqueamento dos 30 melhores genótipos, ganho genético e nova média predita para características de produção em famílias de irmãos completos RC<sub>3</sub> de *Passiflora*. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2023

Ord.	PROD (Kg)			NF			PMF (g)			MF (g)		
	Fam / Gen	Ganho (%)	Nova média	Fam / Gen	Ganho (%)	Nova média	Fam / Gen	Ganho (%)	Nova média	Fam / Gen	Ganho (%)	Nova média
1	489/293	68,4	6,4	306/355	36,1	33,8	611/355	68,3	248,9	293/355	78,5	307,1
2	341/293	68,3	6,4	614/501	34,9	33,5	82/355	62,9	240,8	83/355	75,8	302,4
3	306/355	68,2	6,4	341/293	34,4	33,3	351/293	60,0	236,5	461/355	72,6	296,9
4	365/501	67,4	6,3	617/501	33,7	33,2	602/355	57,6	233,1	611/355	70,5	293,4
5	617/501	66,5	6,3	489/293	33,1	33,0	292/355	55,5	229,9	351/293	67,6	288,4
6	510/355	65,6	6,3	446/293	32,7	32,9	508/355	53,7	227,3	515/355	65,5	284,8
7	443/293	64,7	6,2	364/501	32,3	32,8	290/355	52,5	225,4	469/355	63,8	281,8
8	304/355	63,8	6,2	231/501	32,0	32,7	461/355	51,3	223,6	508/355	62,5	279,6
9	308/355	62,9	6,2	288/501	31,7	32,7	460/355	50,3	222,2	181/293	61,3	277,5
10	349/293	62,0	6,1	365/501	31,4	32,6	495/355	49,4	220,9	82/355	60,2	275,6
11	614/501	61,0	6,1	530/501	31,1	32,5	496/355	48,6	219,8	349/293	59,3	274,0
12	261/153	60,2	6,1	510/355	30,8	32,5	348/293	47,8	218,6	162/355	58,4	272,5
13	495/355	59,4	6,0	443/293	30,5	32,4	304/355	47,2	217,6	294/355	57,7	271,3
14	178/293	58,7	6,0	344/293	30,1	32,3	294/355	46,4	216,5	308/355	57,0	270,2
15	469/355	58,0	6,0	60/501	29,8	32,2	469/355	45,8	215,5	80/355	56,5	269,2
16	60/501	57,4	5,9	175/293	29,5	32,1	595/355	45,2	214,7	28/293	56,0	268,4
17	344/293	56,8	5,9	283/501	29,2	32,0	597/355	44,7	213,9	595/355	55,5	267,6
18	467/355	56,3	5,9	433/293	28,9	32,0	147/355	44,2	213,2	456/355	55,1	266,9
19	530/501	55,8	5,9	522/501	28,6	31,9	667/293	43,7	212,5	235/501	54,8	266,3
20	516/355	55,4	5,9	333/293	28,4	31,9	594/355	43,3	211,9	488/293	54,4	265,6
21	511/355	55,0	5,9	173/293	28,1	31,8	697/153	42,9	211,3	307/355	54,0	264,9

**Tabela 5. Cont.**

Ord.	PROD (Kg)			NF			PMF (g)			MF (g)			
	Fam / Gen	Ganho (%)	Nova média	Fam / Gen	Ganho (%)	Nova média	Fam / Gen	Ganho (%)	Nova média	Fam / Gen	Ganho (%)	Nova média	
22	164/355	54,6	5,8	182/293	27,9	31,7	349/293	42,5	210,7	601/355	53,5	264,2	
23	573/153	54,2	5,8	227/501	27,6	31,7	473/293	42,1	210,1	92/355	53,1	263,5	
24	606/355	53,9	5,8	178/293	27,4	31,6	83/355	41,7	209,6	596/355	52,8	262,8	
25	456/355	53,6	5,8	192/293	27,2	31,6	308/355	41,4	209,0	487/293	52,4	262,2	
26	182/293	53,2	5,8	672/293	27,0	31,5	305/355	41,0	208,5	495/355	52,0	261,6	
27	579/153	52,9	5,8	349/293	26,8	31,5	88/355	40,7	208,0	669/293	51,7	260,9	
28	173/293	52,7	5,8	492/293	26,6	31,4	583/153	40,3	207,5	93/355	51,3	260,3	
29	283/501	52,4	5,8	271/501	26,4	31,4	84/355	40,0	207,0	583/153	51,0	259,8	
30	461/355	52,1	5,8	429/293	26,2	31,3	291/355	39,7	206,5	292/355	50,7	259,2	
<b>Média geral</b>			<b>3,78</b>				<b>24,81</b>				<b>147,86</b>		

ORD = ordenamento; PROD = produção por planta; NF = número de frutos por planta; PMF = peso médio de fruto; MF = massa de fruto.

A média de produção da população foi de 3,7 Kg. Aguiar et al. (2015) avaliaram 13 híbridos de maracujá, os quais apresentaram uma produção entre 84,0 e 104,6 Kg, acumulada em dois ciclos. No entanto, esses híbridos foram provenientes de cruzamentos de cultivares já consolidadas e o espaçamento utilizado foi de 6,0 m na linha e 4,0 m na entrelinha (417 plantas.ha<sup>-1</sup>). O espaçamento utilizado no presente experimento foi de 2,0 m entre plantas e 3,0 m entre linhas (1666 plantas.ha<sup>-1</sup>). Considerando esse espaçamento, o pomar teria a capacidade de produzir 6,1 ton.ha<sup>-1</sup>. Ao se considerar que a virose tem impossibilitado a produção em algumas regiões, essa produtividade pode ser viável, sobretudo, utilizando-se um manejo adequado e a polinização manual.

Convém destacar que a polinização no pomar RC<sub>3</sub> foi feita unicamente pela população de abelhas mamangavas presentes na área. Isso contribuiu para a diminuição de média de produção, pois menos flores são polinizadas e a quantidade de pólen na polinização pode ser menor. É preciso ainda salientar que a população RC<sub>3</sub> contém genótipos com características bastante distantes do maracujazeiro comercial, os quais produziram frutos de qualidade inferior, refletindo na baixa produção. Esses genótipos não foram descartados ao longo dos ciclos de seleção com a pretensão de não extinguir a variabilidade genética, principalmente com relação à resistência ao CABMV. Vidal (2021) avaliou a população RC<sub>2</sub> do Programa de Melhoramento de Maracujá da UENF, a qual apresentou uma produção média de 2,65 Kg, sendo inferior a encontrada aqui (Tabela 5), havendo um incremento de 39% em um ciclo de seleção. Espera-se que, ao longo dos ciclos de seleção ocorra um aumento na produção, alcançando valores mais satisfatórios.

Os ganhos relacionados ao número de frutos foram menores do que na produção, variando de 26,2% a 36,1% em relação à média geral, que foi de 24,81 frutos/planta. As novas médias estimadas foram de 31,3 a 33,8 frutos/planta, logo, os genótipos do ranking têm capacidade de produzir de 7 a 9 frutos a mais que a média da população. O genótipo 306 (família RC<sub>3</sub> - 355) ocupou a primeira posição no ranking, com uma nova média estimada de 33,8 frutos/planta. Ao avaliarem 27 progênies de meios irmãos de maracujá, Ferreira et al. (2016) estabeleceram um ranking, onde o maior ganho obtido para NF foi de 27%. Segundo os autores, do total das 27 progênies avaliadas, 12 progênies, ou seja, 44,44% apresentaram, para suas novas médias, desempenho superior ao da média para o caráter NF, uma vez que se observaram valores positivos para o efeito genético aditivo (Tabela 5).

Com relação à característica PMF, os ganhos variaram de 39,7% a 68,3%, sendo que a média geral foi de 147,86 g (Tabela 5). Esse resultado se mostra muito importante e promissor, tendo em vista que a média da população estava bem abaixo do padrão exigido pelo mercado (>200 g). Com base no ranking, os genótipos selecionados apresentam novas médias variando de 206,5 g a 248,9 g, sendo todos acima do padrão de comercialização. Com isso, pode-se afirmar que esses genótipos, mesmo se desenvolvendo em um pomar com a presença da virose do endurecimento do fruto, produziram frutos aceitáveis comercialmente, quanto ao peso. Gomes et al. (2022) avaliaram uma população de maracujá-azedo infectada com CABMV, a qual produziu frutos variando entre 85,55 g e 175,31 g, sendo bastante inferiores aos encontrados no presente estudo.

A MF, variável semelhante a PMF, apresentou ganhos de 50,7% a 78,5%, com relação à média geral de 172,05 g (Tabela 5). Os três genótipos melhores ranqueados foram, 293, 83 e 461, todos da família RC<sub>3</sub> – 355, com novas médias de 307,1 g, 302,4 g e 296,9 g, respectivamente. Essa variável foi coletada com base na média do peso de 5 frutos por planta, constituindo uma amostragem dos frutos de cada planta. Apesar dos ganhos terem sido maiores, seria mais recomendável utilizar a informação de peso de todos os frutos ao invés da amostra, pois expressa melhor a informação da população. A representatividade dessa amostra pode ser questionável por apresentar uma diferença com relação ao PMF. Entretanto, deve-se levar em consideração que trabalhar com amostragem reduz significativamente o tempo e a mão de obra gastos com a experimentação, tornando-a mais eficiente.

Além dos ganhos em produção, os BLUPs também revelaram possibilidade de ganhos relacionados à qualidade de frutos (Tabela 6). Os ganhos em DL foram expressivos e bastante distantes entre o genótipo da posição 30 (15,2%) e o da primeira posição (69,3%). Pode-se observar que dos 30 genótipos, 28 são da família RC<sub>3</sub> – 355, indicando que esta é uma família que produz frutos maiores e que existe variabilidade genética dentro desta família, pois o intervalo dos ganhos foi grande. A média geral da população foi de 86,76 mm, enquanto o número 1 do ranking (genótipo 370 / família RC<sub>3</sub> – 501) teve uma nova média de 146,9 mm e todos os genótipos do ranking obtiveram novas médias maiores ou iguais a 100,00 mm. Esses valores são iguais ou superiores a cultivares de maracujá consolidadas para consumo *in natura* e indústria lançadas no Brasil, sendo eles BRS Gigante

Amarelo (98,00 mm a 103,00 mm), BRS Sol do Cerrado (89 mm a 96 mm) e BRS Rubi do Cerrado (97 mm a 100 mm) (Jesus et al., 2017).

Foi possível obter ganhos em DT, porém, menos significativos em comparação ao DL. Isso pode ser explicado pela diferença entre os valores de herdabilidade das duas características. A variável DL apresentou uma herdabilidade de 0,59, ao passo que DT obteve uma estimativa de 0,23 (tabela 3). A média geral da população foi de 77,53 mm e os ganhos variaram de 5,6 % a 6,9 %, com novas médias entre 81,9 mm e 82,9 mm.

O ganho relacionado à EC foi praticamente nulo (1,7% a 0,6%). Para esta característica são desejáveis ganhos negativos, pois, espera-se selecionar frutos com menor espessura de casca. Os genótipos ranqueados nesta característica são todos da família RC<sub>3</sub> – 17, a qual apresentou padrões de produção e de qualidade de fruto bastante insatisfatórios (frutos verdes e achatados, baixo rendimento de polpa, casca com baixa resistência e baixo teor de SST). Assim sendo, não é recomendável selecionar nenhum dos genótipos deste ranking. Krause et al. (2012) obtiveram uma estimativa de 1,73% de ganho para a mesma característica, semelhante a este trabalho. Grisi et al. (2021) avaliaram 11 progênies de híbridos multiespecíficos obtidos a partir de cruzamentos envolvendo sete espécies de *Passiflora*, além de quatro cultivares comerciais, pelo método REML/BLUP e também obtiveram ganhos positivos para EC (8,00% a 1,71%). Analisando as características do maracujá, os autores encontraram uma correlação significativa de -0,88 entre EC e RP e de 0,64 entre EC e MF. Logo, pode ser praticada a seleção indireta desta variável, com base em outras.

**Tabela 6.** Ranqueamento dos 30 melhores genótipos, ganho genético e nova média predita para características agronômicas de fruto em famílias de irmãos completos RC<sub>3</sub> de *Passiflora*. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2023

ORD.	DL (mm)			DT (mm)			EC (mm)			MP (g)			RP (%)			SST (°Brix)		
	Gen/Fam	Ganho (%)	Nova média	Gen/Fam	Ganho (%)	Nova média												
1	370/501	69,3	146,9	293/355	6,9	82,9	16/17	0,6	7,1	83/355	139,1	143,4	83/355	24,3	41,0	219/501	21,8	15,6
2	469/355	43,3	124,3	83/355	6,9	82,9	315/17	0,7	7,1	293/355	138,2	142,9	96/355	22,9	40,6	371/501	21,7	15,6
3	83/355	34,5	116,7	611/355	6,7	82,8	562/17	0,7	7,2	235/501	122,8	133,7	512/355	22,0	40,3	571/153	21,1	15,5
4	515/355	29,7	112,5	461/355	6,6	82,6	327/17	0,8	7,2	469/355	113,1	127,9	293/355	21,4	40,1	233/501	20,4	15,4
5	497/355	26,8	110,0	456/355	6,4	82,5	550/17	0,8	7,2	349/293	106,8	124,1	450/293	20,9	39,9	377/153	19,8	15,3
6	162/355	24,8	108,2	508/355	6,3	82,5	412/17	0,8	7,2	487/293	102,3	121,4	188/293	20,6	39,8	108/153	19,5	15,3
7	507/355	23,3	107,0	460/355	6,3	82,4	645/17	0,9	7,2	461/355	99,1	119,5	516/355	20,3	39,7	535/501	19,1	15,3
8	526/501	22,2	106,0	146/355	6,2	82,3	556/17	0,9	7,2	162/355	96,5	117,9	503/355	20,0	39,6	55/501	18,7	15,2
9	596/355	21,4	105,3	82/355	6,1	82,3	654/17	1,0	7,2	294/355	93,7	116,2	677/293	19,8	39,6	368/501	18,4	15,2
10	148/355	20,6	104,6	162/355	6,1	82,3	18/17	1,0	7,2	512/355	91,2	114,7	295/355	19,6	39,5	50/501	18,0	15,1
11	308/355	19,9	104,1	469/355	6,1	82,2	643/17	1,0	7,2	28/293	89,2	113,5	487/293	19,5	39,4	617/501	17,8	15,1
12	293/355	19,4	103,6	292/355	6,0	82,2	322/17	1,1	7,2	292/355	87,4	112,4	184/293	19,3	39,4	520/501	17,6	15,1
13	294/355	18,9	103,2	595/355	6,0	82,2	549/17	1,1	7,2	307/355	85,9	111,6	464/355	19,1	39,3	111/153	17,4	15,0
14	157/355	18,5	102,8	507/355	6,0	82,2	326/17	1,1	7,2	511/355	84,5	110,7	511/355	19,0	39,3	386/153	17,3	15,0
15	461/355	18,2	102,5	515/355	5,9	82,1	320/17	1,2	7,2	188/293	83,3	110,0	171/293	18,9	39,2	394/153	17,0	15,0
16	611/355	17,8	102,2	466/355	5,9	82,1	406/17	1,2	7,2	498/355	82,2	109,3	145/355	18,8	39,2	283/501	16,8	15,0

**Tabela 6. Cont.**

ORD.	DL (mm)			DT (mm)			EC (mm)			MP (g)			RP (%)			SST (°Brix)		
	Gen/ Fam	Ganho (%)	Nova média															
17	292/355	17,6	102,0	96/355	5,9	82,1	324/17	1,3	7,2	454/355	81,1	108,7	340/293	18,6	39,2	362/501	16,6	14,9
18	601/355	17,3	101,8	307/355	5,9	82,1	404/17	1,3	7,2	515/355	80,2	108,1	535/501	18,5	39,1	524/501	16,5	14,9
19	85/355	17,1	101,6	503/355	5,8	82,0	126/17	1,3	7,2	80/355	79,3	107,6	674/293	18,4	39,1	570/153	16,3	14,9
20	291/355	16,8	101,4	92/355	5,8	82,0	408/17	1,4	7,2	96/355	78,5	107,1	494/293	18,3	39,1	197/153	16,2	14,9
21	80/355	16,6	101,2	291/355	5,8	82,0	2/17	1,4	7,2	495/355	77,7	106,6	468/355	18,2	39,0	110/153	16,1	14,9
22	154/355	16,4	101,0	296/355	5,8	82,0	321/17	1,4	7,2	595/355	77,0	106,2	219/501	18,1	39,0	227/501	15,9	14,8
23	92/355	16,2	100,8	596/355	5,7	82,0	134/17	1,5	7,2	187/293	76,4	105,8	162/355	18,1	39,0	577/153	15,9	14,8
24	605/355	16,1	100,7	605/355	5,7	82,0	638/17	1,5	7,2	85/355	75,8	105,5	496/355	18,0	38,9	103/153	15,7	14,8
25	298/355	15,9	100,6	76/355	5,7	82,0	317/17	1,5	7,2	669/293	75,2	105,1	235/501	17,9	38,9	224/501	15,6	14,8
26	508/355	15,8	100,4	152/355	5,7	81,9	135/17	1,6	7,2	350/293	74,6	104,8	38/293	17,8	38,9	370/501	15,5	14,8
27	592/355	15,6	100,3	145/355	5,7	81,9	311/17	1,6	7,2	496/355	74,1	104,4	350/293	17,7	38,9	385/153	15,4	14,8
28	471/355	15,5	100,2	467/355	5,7	81,9	423/17	1,6	7,2	516/355	73,6	104,1	526/501	17,7	38,8	677/293	15,3	14,8
29	495/355	15,3	100,1	84/355	5,6	81,9	637/17	1,7	7,2	473/293	73,1	103,9	147/355	17,6	38,8	691/153	15,2	14,8
30	454/355	15,2	100,0	451/355	5,6	81,9	328/17	1,7	7,2	606/355	72,6	103,6	670/293	17,5	38,8	105/153	15,2	14,7
<b>MÉDIA GERAL</b>			<b>86,76</b>			<b>77,53</b>			<b>7,10</b>			<b>60,00</b>			<b>33,01</b>			<b>12,80</b>

ORD = ordenamento; DL = diâmetro longitudinal; DT = diâmetro transversal; EC = espessura da casca; MP = massa da polpa; RP = rendimento de polpa; SST = sólidos solúveis totais.

A característica MP foi o que apresentou maiores ganhos genéticos (72,6% a 139,1%), isso é refletido pela diferença entre a média geral (60,00 g) e as novas médias dos selecionados que variou de 103,6 g a 143,4 g. Essa característica apresentou a maior estimativa de herdabilidade (0,81) dentre todas, possibilitando um ganho genético superior em relação as outras. A herdabilidade é a razão entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica, indicando a precisão do valor fenotípico como indicador do valor genético, ou a correspondência entre ambos (Falconer e Mackay, 1989). Os genótipos com maiores ganhos foram 83 e 293 (família RC<sub>3</sub> – 355), os mesmos também apresentaram maior ganho na característica MF (tabela 4). Isso demonstra o grande potencial de ganho para mais de uma característica com a seleção desses genótipos.

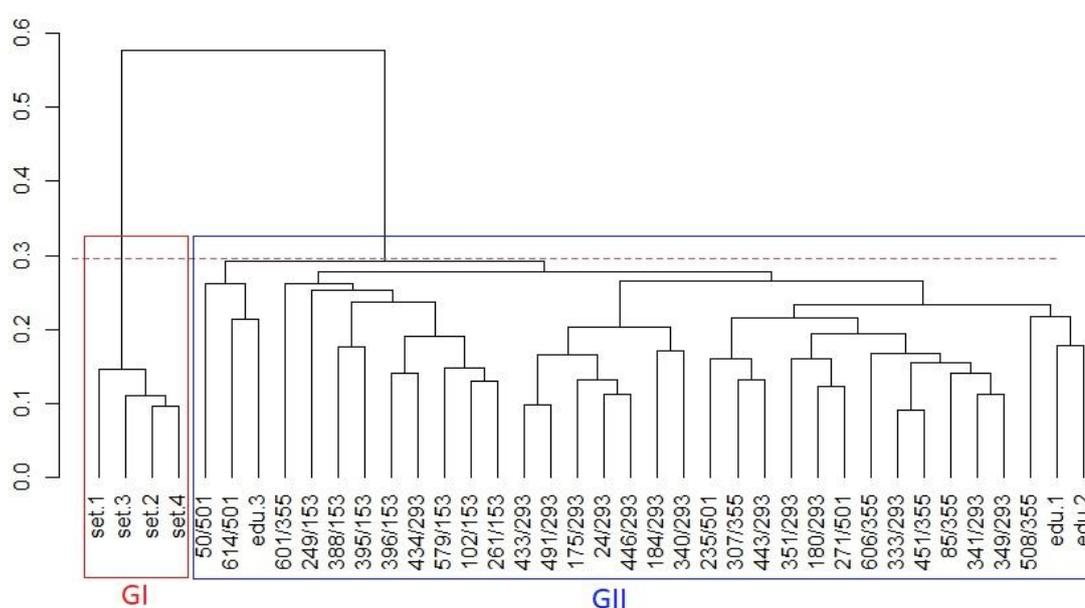
Os ganhos obtidos para rendimento de polpa variaram de 17,5% a 24,3%, sendo que a média geral de RP foi de 33,01%. O genótipo 83 (família RC<sub>3</sub> – 355) novamente foi o que apresentou maior ganho, com uma nova média de 41,0% de RP. O menor ganho no ranking foi do genótipo 670 (família RC<sub>3</sub> – 293), com nova média estimada de 38,8%, no entanto, esse valor está dentro do padrão mínimo exigido pela indústria (superior a 33%). Assunção et al. (2015) utilizaram o índice de seleção de Mulamba e Mock na seleção de genótipos de maracujá e obtiveram um ganho genético pouco expressivo (0,72%) para RP. Segundo os autores isto pode ocorrer ao se utilizar a seleção baseada nos caracteres em conjunto, equilibrando os ganhos de forma geral e reduzindo o de algumas características por selecionar indivíduos superiores para as demais, sendo possível em outros ciclos uma melhora nessa característica.

Quanto à variável SST, pode-se observar que houveram ganho de 15,2% a 21,8%, em referência à média geral de 12,8°Brix. Dos 30 genótipos ranqueados, 16 (53%) apresentaram nova média igual ou superior a 15°Brix. Os dois genótipos mais promissores do ranking foram 219 e 371 (família RC<sub>3</sub> – 501), ambos com 15,6°Brix. Para a indústria e, especialmente, para o mercado de frutos frescos, a elevada concentração de SST é uma característica altamente desejada. A produção de 1 kg de suco concentrado a 50° Brix requer aproximadamente 11 kg de frutos com SST entre 11% e 12%. Portanto, quanto mais elevado o teor de SST, menor será a quantidade de frutos necessária para alcançar a concentração desejada no suco (Nascimento et al., 2003). Logo, quando se busca alcançar os

padrões do mercado é necessário levar em conta essa variável ao realizar a seleção dos genótipos em uma população.

### 5.3 Distância de Gower

Através do algoritmo de Gower foi possível calcular as distâncias entre 31 genótipos selecionados para dar prosseguimento ao programa de melhoramento e entre 3 e 4 genótipos de *P. edulis* e *P. setacea*, respectivamente, compondo um total de 38 genótipos (Figura 2). Estes 31 genótipos foram selecionados com base na resistência ao CABMV, produção e qualidade do fruto.



**Figura 2.** Dendrograma de dissimilaridade genética entre 38 genótipos de *Passiflora*, obtido pelo método UPGMA, com base em variáveis morfoagronômicas. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2023.

A menor distância foi de 0,091, entre os indivíduos 333 e 451, das famílias RC<sub>3</sub> – 293 e 355, respectivamente. A maior distância foi de 0,698, entre um dos genótipos de *P. setacea* e o genótipo 388 da família RC<sub>3</sub> – 153. A média e a amplitude das distâncias foi, respectivamente, 0,317 e 0,6068.

O agrupamento que apresentou o maior coeficiente de correlação cofenética foi o UPGMA (0,94), comparado aos métodos do Vizinho Mais Próximo e de Ward (ambos com 0,92). Segundo Sokal e Rohlf (1962), valores de coeficiente de correlação cofenética na faixa de 0,8 são considerados elevados. Portanto, o dendrograma construído com base no método UPGMA possui uma alta correlação com a matriz de distâncias gerada pelo algoritmo de Gower. Por meio do agrupamento de UPGMA foram formados apenas dois grupos. O primeiro grupo é composto por quatro genótipos da espécie silvestre *P. setacea* e o segundo grupo reuniu três indivíduos de *P. edulis* e 31 indivíduos segregantes provenientes de retrocruzamento.

Esse agrupamento demonstra o sucesso na recuperação do genoma do genitor recorrente (*P. edulis*), tendo em vista que não houve separação entre os genótipos desta espécie e os indivíduos provenientes da geração RC<sub>3</sub>. É possível observar que todos os indivíduos da espécie silvestre se encontram ao lado esquerdo do gráfico, enquanto dois genótipos da cultivar comercial aparecem na outra extremidade, demonstrando a distância genética entre essas espécies. A partir da Tabela 7 é possível observar as diferenças nas características entre os dois grupos formados.

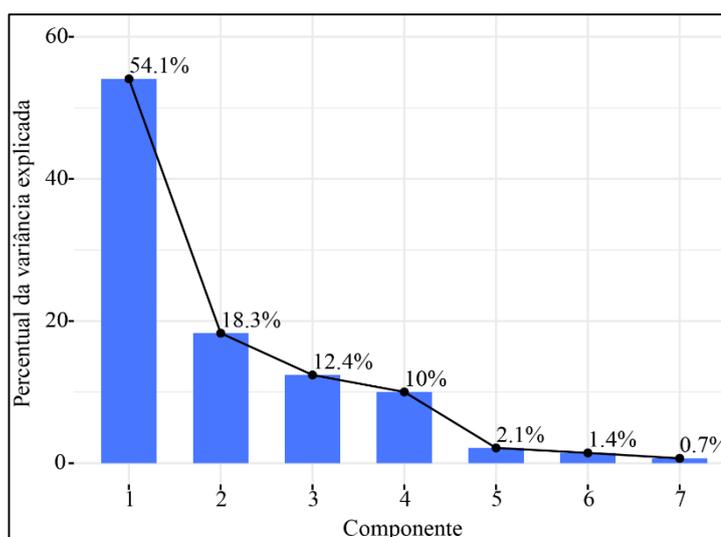
A espécie silvestre apresenta características bastante discrepantes como, ausência de anéis coloridos nos filamentos da corona, 78,21 g de MF, 41,19 g de MP, 56,7 mm de DL, 52,48 mm de DT, casca verde, 4,08 mm de EC, 52,91% de RP (Tabela 7). Enquanto os indivíduos de grupo II, compostos pela espécie comercial e RC<sub>3</sub> manifestam anéis coloridos nos filamentos da corona, 207,15 g de MF, 76,73 g de MP, 90,12 mm de DL, 79,16 mm de DT, casca amarela, 7,36 mm de EC, 36, 11% de RP.

**Tabela 7.** Médias das 30 variáveis morfoagronômicas de *Passiflora*, para cada um dos dois grupos formados pelo método UPGMA. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2023

<b>Variável</b>	<b>Grupo I</b>	<b>Grupo II</b>
Coloração predominante do ramo	Verde-clara	Verde-arroxeadada
Comprimento do limbo foliar	103,65 mm	113,06 mm
Largura máxima da folha	123,97 mm	141,44 mm
Profundidade dos sinus	Rasa	Profunda
Bulado do limbo foliar	Ausente	Ausente
Comprimento do pecíolo	37,97 mm	34,25 mm
Posição dos nectários no pecíolo	Distantes do limbo foliar	Adjacentes ao limbo foliar
Comprimento da bráctea	27,37 mm	27,24 mm
Comprimento da sépala	34,75 mm	38,58 mm
Largura da sépala	8,12 mm	13,79 mm
Diâmetro da flor (pétalas e sépalas)	78,75 mm	90,41 mm
Diâmetro da corona (fímbrias)	36,12 mm	79,48 mm
Filamentos mais longos da corona	Lisos	Lisos
Anéis coloridos nos filamentos da corona	Ausentes	Presentes
Largura dos anéis coloridos	Ausentes	15,99 mm
Intensidade da coloração dos anéis	Anéis ausentes	Roxo escuro
Comprimento do androginóforo	29,62 mm	10,15 mm
Antocianina no androginófororo	Ausente ou fraca	Ausente ou fraca
Antocianina no filete	Ausente ou fraca	Forte
Antocianina no estilete	Ausente ou fraca	Ausente ou fraca
Massa do fruto	78,21 mm	207,15 mm
Massa da polpa	41,19 mm	76,73 mm
Diâmetro Longitudinal (DL)	56,70 mm	90,12 mm
Diâmetro Transversal (DT)	52,48 mm	79,16 mm
Relação DL/DT	1,083	1,139
Coloração da casca	verde	amarelo
Espessura da casca	4,08 mm	7,36 mm
Coloração da polpa	Amarelo claro	Amarelo
Teor de sólidos solúveis totais	14,75° Brix	13,28° Brix
Rendimento de polpa	52,91%	36,11%

## 5.4 Análise de componentes principais

A Análise de Componentes Principais (ACP) tem capacidade de explicar 72,4% da variação manifestada entre os genótipos, com base nas duas primeiras dimensões (Figura 3). Os dois primeiros componentes explicaram, respectivamente, 54,1% e 18,3% da variação total dos dados.



**Figura 3.** Percentual de explicação da variância de cada um dos componentes, com base em 10 variáveis de produção e de qualidade de fruto em *Passiflora*.

Tosse et al. (2015), avaliaram genótipos de soja-hortaliça com o uso da ACP e obtiveram 59,0% de explicação com os dois primeiros componentes. Maia et al. (2016), estudaram onze características de fruto em manga-rosa utilizando a ACP, a qual explicou 76,0% da variação total do experimento com os dois primeiros componentes. Esse poder de explicação foi considerado significativo, pelos autores, devido ao complexo controle genético das características quantitativas.

Ao analisar individualmente os dois primeiros componentes é possível observar que oito das 10 características avaliadas possuem correlação significativa com o componente 1. Sendo que, DT, MF, DL e PMF apresentaram correlações muito fortes, 0,96, 0,95, 0,94 e 0,94, respectivamente (Tabela 8). Já com a segunda dimensão, apenas 4 características se correlacionam significativamente, destacam-se as variáveis PROD e NF, com 0,79 e 0,70, respectivamente. Altos valores de

correlação entre uma variável e o componente principal indicam que ela está bem representada pelo respectivo componente.

**Tabela 8.** Correlações significativas a 1% de probabilidade entre as variáveis e os dois primeiros componentes principais

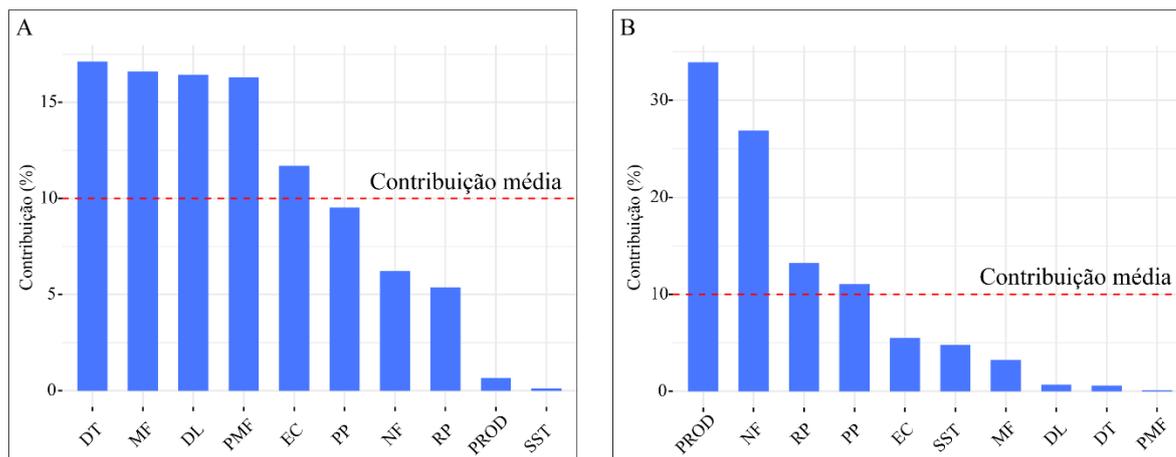
Variável	Dim.1		Variável	Dim.2	
	Correlação	p.valor		Correlação	p.valor
DT	0,96	3,34E-20	PROD	0,79	1,99E-08
MF	0,95	7,27E-18	NF	0,7	2,70E-06
DL	0,94	2,95E-17	RP	0,49	0,00266
PMF	0,94	8,19E-17	MP	0,45	0,00676
EC	0,8	1,16E-08	-	-	-
MP	0,72	1,23E-06	-	-	-
RP	-0,54	0,00084	-	-	-
NF	-0,58	0,00026	-	-	-

PROD = produção, NF = número de frutos, PMF = peso médio do fruto, MF = massa do fruto, DL = diâmetro longitudinal; DT = diâmetro transversal; EC = espessura da casca; MP = massa da polpa; RP = rendimento de polpa.

A característica SST foi a única que não se correlacionou significativamente com nenhum dos dois primeiros componentes. Logo, pode-se entender que esta característica não é relevante para a formação desses componentes. Segundo Hongyu et al. (2016), a ACP agrupa os indivíduos de acordo com sua variação, isto é, os indivíduos são agrupados segundo suas variâncias, ou seja, segundo seu comportamento dentro da população, representado pela variação do conjunto de características que define o indivíduo. O SST apresentou baixa variância na população estudada (Tabela 4). Portanto, a ausência de correlação desta com os componentes pode ser explicada por sua baixa importância na caracterização dos genótipos. Essa pequena importância repousa no fato de que características com pouca variação tendem a manter a uniformidade entre os indivíduos.

A contribuição média esperada de cada variável no componente principal era de 10%, tendo em vista que 10 variáveis foram utilizadas na análise. As variáveis DT, MF, DL, PMF e EC apresentaram valores de contribuição acima da média no componente 1, respectivamente, 17,1%, 16,59%, 16,42%, 16,29% e

11,68% (Figura 4-A). Portanto, essas características têm maior importância na formação do componente principal 1 e são indicadas para caracterização de frutos de maracujá. O componente 1 pode ser interpretado como representante da natureza física e visual dos frutos, pois, está relacionado ao tamanho, peso e aparência dos mesmos.



**Figura 4.** Contribuição de cada variável na formação dos componentes principais I (gráfico A) e II (gráfico B).

No componente principal 2, as características PROD, NF, RP e MP contribuíram respectivamente com, 33,9%, 26,9%, 13,2% e 11,0% (Figura 4-B). Este componente está mais relacionado com a produção, tendo em vista que PROD e NF se destacaram na sua formação.

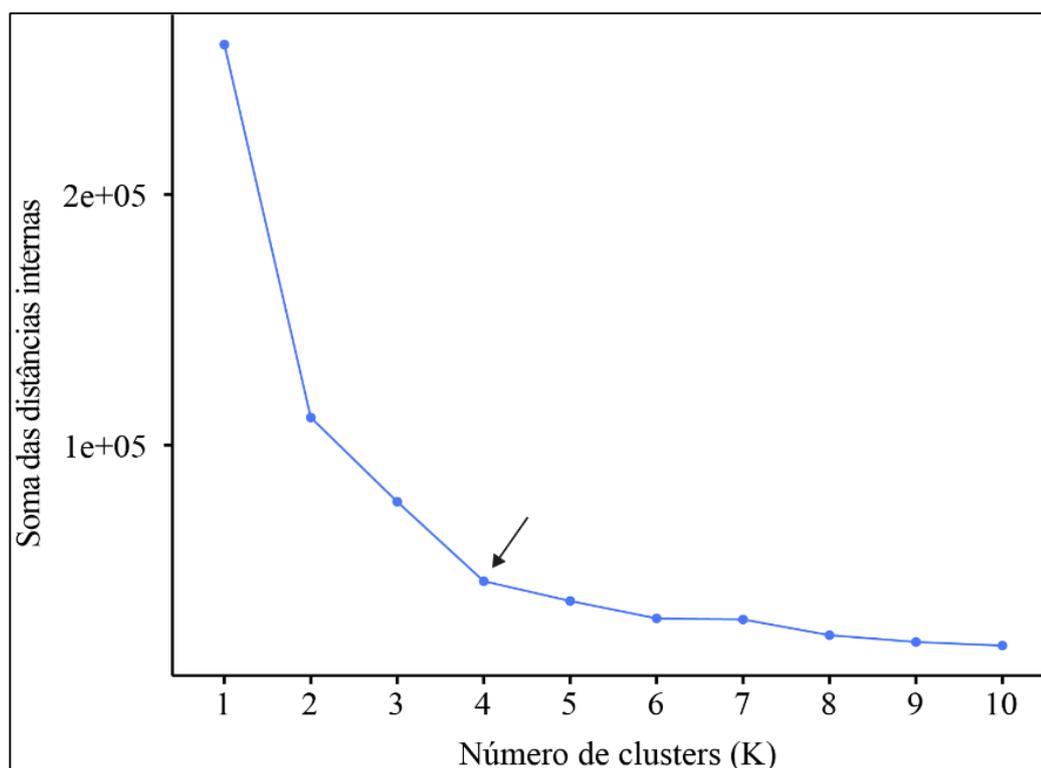
A figura 5 mostra a dispersão dos genótipos com base nos dois primeiros CP, juntamente com as variáveis avaliadas. Quanto menor o ângulo entre os eixos, mais forte e positiva é a correlação. Eixos apontando em direções opostas indicam correlação forte e negativa. Enquanto uma angulação próxima a  $90^\circ$  sugere ausência de correlação.

É possível observar que as variáveis com maior contribuição no componente 1 (Figura 5) possuem uma correlação forte e positiva, a qual pode ser interpretada pelo ângulo formado entre seus eixos. DT, DL, MF e PMF têm direção e sentido semelhantes, dessa forma, é possível eliminar algumas delas na avaliação de frutos de maracujá, pois são altamente correlacionadas. Essa



componente não influencia a variação de outro. Portanto é esperado que ocorra correlação entre variáveis dentro do componente, mas não entre eles.

Para determinar o número de grupos (*clusters*), foi utilizado o método de Elbow (método do cotovelo). A análise do número de grupos recomendados é feita de forma visual, através da observação do gráfico. Com base na análise foi possível separar os genótipos em quatro grupos, os quais se assemelham, com base nas características (Figura 6).



**Figura 6.** Soma das distâncias quadráticas intra-*cluster* (SSW) em relação ao número de *clusters*, calculado pelo método de Elbow (método do cotovelo). Usado para determinar o número de grupos formados pela ACP em genótipos de *Passiflora*.

Os grupos formados com base no método de Elbow e as médias de suas características são apresentados na tabela 9. O grupo III é formado pelos genótipos de *P. setacea*, o qual se destaca pela grande quantidade de NF, pequena EC, alto teor de SST e grande RP. A comparação do grupo III com os outros não possui relevância neste trabalho, portanto, não será objeto de estudo.

**Tabela 9.** Médias dos 4 grupos (*clusters*) formados pelo algoritmo de agrupamento K-means

Grupos	Genótipos	Média das variáveis									
		PROD	NF	PMF	MF	MP	DL	DT	EC	SST	RP
I	24, 50, 175, 184, 333, 340, 433, 434, 446, 491, 614, <i>P. edulis</i>	6,6	48,8	135	152,4	59,2	81,7	71,7	6,7	12,9	37,7
II	235, 261, 341, 349, 395, 443, 451, 579	11,6	64,8	183,4	249,5	95,8	97,1	85	7,4	14	37,5
III	<i>P. setacea</i>	6,7	120,0	55,9	73,7	40,9	53,3	52,9	3,5	15,5	55,7
IV	85, 102, 180, 249, 271, 307, 351, 388, 396, 508, 601, 606	6,0	31,8	192,9	239,9	83,1	95,4	83,4	8,1	13,4	33,2

PROD = produção, NF = número de frutos, PMF = peso médio do fruto, MF = massa do fruto, MP = massa da polpa, DL = diâmetro longitudinal; DT = diâmetro transversal; EC = espessura da casca; RP = rendimento de polpa; SST = sólidos solúveis totais.

O grupo I é formado por 13 genótipos, sendo dois deles *P. edulis*. Este grupo apresentou os menores valores nas características PMF, MF, DL, DT, EC e SST (Tabela 9). Os genótipos do grupo estão opostos aos vetores dessas características, ou seja, predominantemente no quadrante superior esquerdo (Figura 5). Pode-se destacar ainda o genótipo 50, o qual aparece em sentido oposto ao vetor PROD, caracterizando sua baixa produção. Dentre as características, o grupo se destaca com baixa espessura de casca, o que é um fator positivo para a qualidade de frutos de maracujá. Além disso, o grupo possui a maior média de rendimento de polpa. O contraste entre essas duas características é esperado, pois, as mesmas estão correlacionadas negativamente. Ou seja, quanto menor a espessura da casca, maior tende a ser o rendimento de polpa.

O grupo II é formado por oito genótipos e tem as maiores médias de PROD, NF, MF, MP, DL, DT, EC e SST (Tabela 9). Esse grupo reúne a maioria das características desejáveis de fruto no maracujazeiro. Com relação a produção, destaca-se o genótipo 341 (família 293), que se encontra próximo à extremidade do vetor desta característica, sendo ele o mais produtivo entre os selecionados. Esse genótipo aparece em segundo para ganho genético em PROD e em terceiro em NF (Tabela 5). Pode-se observar que o grupo II está localizado predominantemente no quadrante inferior direito, onde estão presentes a maioria dos vetores das características (Figura 5). Tal representação explica o fato deste grupo ser o que apresenta as maiores médias para a maioria das características. A posição deste grupo reúne as características representadas pelo CP1 que foi classificado como de natureza física e visual dos frutos e do CP2 que está mais relacionado com a produção.

Por fim, tem-se o grupo IV composto por 12 genótipos, apresentando as maiores médias de PMF e EC e as menores médias de PROD, NF e RP (Tabela 9). Mesmo tendo produzido pouco, a média de PMF do grupo foi a maior. Do ponto de vista do melhoramento isso é importante, pois, obter ganhos com peso médio de fruto pode ser importante para aumentar a produção.

Com base na análise de componentes principais, não é indicado o cruzamento entre indivíduos pertencentes ao mesmo grupo. Recomenda-se os cruzamentos GII x GI e GII x GIV, tendo em vista que GII apresenta a maioria das boas características, podendo ser complementadas com os caracteres presentes nos outros dois grupos.

## 6. CONCLUSÕES

A população RC<sub>3</sub> apresenta genótipos com boas características agronômicas e produtivas, possibilitando a seleção a partir dos modelos mistos (REML/BLUP). Pode-se destacar as famílias 293 e 355, as quais mostraram potencial para o Programa de Melhoramento.

De acordo com a distância de Gower, a população RC<sub>3</sub> possui características de fruto muito semelhantes ao *P. edulis*, demonstrando o sucesso na recuperação do genoma do genitor recorrente.

A Análise de Componentes Principais demonstrou que existe variabilidade entre os genótipos selecionados através da formação de quatro grupos, possibilitando a continuação do Programa de Melhoramento.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, S. P. M., Peixoto, P. R., Junqueira, N. T. V., Sousa, M. A. F. (2009) Características físico-químicas de cinco genótipos de maracujazeiro-azedo cultivados no Distrito Federal. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal. 31:487-491.
- Aguiar, R. S., Zaccheo, P. V. C., Stenzel, N. M. C., Sera, T., Neves, C. S. V. J. (2015) Produção e qualidade de frutos híbridos de maracujazeiro-amarelo no norte do paran . *Revista brasileira de fruticultura*. 37:130-137.
- Assun o, M. P. (2014) *Estimativas de par metros gen ticos e estrat gias de sele o no maracujazeiro-azedo*. Disserta o (Mestrado em Gen tica e Melhoramento de Plantas) - Universidade do Estado de Mato Grosso, Programa de P s-Gradua o em Gen tica e Melhoramento de Plantas, 54p.
- Assun o, M. P., Krause, W., Dallacort, R., Santos, P. R. J. dos, & Neves, L. G. (2015) Sele o individual de plantas de maracujazeiro-azedo quanto   qualidade de frutos via REML/BLUP. *Revista Caatinga*, 28:57-63.
- Ata de, E. M., Oliveira, J. C., Ruggiero, C. (2012) Florescimento e frutifica o do maracujazeiro silvestre *Passiflora setacea* D. C. cultivado em Jaboticabal, SP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal. 34:377-381.
- Barbosa, N. C. S. (2016) *Anatomia foliar e diversidade gen tica em Passiflora spp. (passifloraceae l.) resistentes ao cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV)*.

- Dissertação (Mestrado em Genética e Biodiversidade) – Salvador – BA, Universidade Federal da Bahia, 119p.
- Barros, G. B. A., Aredes, F. A. S., Ramos, H. C. C., Catarina, R. S., Pereira, M. G. (2017) Combining ability of recombinant lines of papaya from backcrossing for sexual conversion. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza. 48:166-174.
- Benin, G., Carvalho, F. I. F. D., Oliveira, A. C. D., Marchioro, V. S., Lorencetti, C., Kurek, A. J., Schmidt, D. A. M. (2003) Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. *Ciência Rural*. 33:657-662.
- Bezerra Neto, F. V., Leal, N. R., Gonçalves, L. S. A., Rêgo Filho, L. D. M., Amaral Júnior, A. T. D. (2010) Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. *Revista Ciência Agronômica*. 41:294-299.
- Borém, A., Miranda, G. V. (2013) *Melhoramento de Plantas*. 6. ed. Viçosa: UFRV, 523 p.
- Brasil. (2000) Ministério da Agricultura e do Abastecimento. Instrução Normativa nº 1, de 7 de janeiro de 2000. Aprova o Regulamento Técnico Geral para fixação dos padrões de identidade de qualidade para polpa de fruta (e suco de fruta). Diário Oficial da União: seção 1, Brasília, DF. p. 54.
- Bruckner, C. H., Casali, V. W. D., Moraes, C. F., Regazzi, A. J., Silva, E. A. M. (1995) Selfincompatibility in passion fruit (*Passiflora edulis* Sims). *Acta Horticulturae*. 370:45-57.
- Castro, J. A. (2012) *Conservação dos recursos genéticos de Passiflora e seleção de descritores mínimos para caracterização de maracujazeiro*. Dissertação (Mestrado Acadêmico em Recursos Genéticos Vegetais) – Cruz das Almas – BA, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 83p.
- Castro, W. H., Valverde, Y. B., Murillo-Gamboa, O. (2021) Estimation of genetic parameters of *Gmelina arborea* Roxb. (melina) in the Costa Rican Caribbean. *Uniciencia*, 35:352-366.
- Cavalcante, N. R. (2019) Ganho genético em diferentes estratégias de obtenção de famílias de irmãos completos e estrutura populacional em maracujazeiro-

azedo. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 100p.

Cavichioli, J. C., Correa, L. S., Narita, N., Kasai, F. S. (2011) Incidência e severidade do vírus do endurecimento dos frutos em maracujazeiros enxertados em pé-franco. *Revista Brasileira de Fruticultura*. 33:411-414.

Chagas, K.; Alexandre, R. S., Schmildt, E. R., Bruckner, C. H., Faleiro, F. G. (2016) Divergência genética em genótipos de maracujazeiro-azedo, com base em características físicas e químicas dos frutos. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza. 47: 524-531.

Coelho, C. A., Cenci, S. A., Resende, E. D. (2011) Rendimento em suco e resíduos do maracujá em função do tamanho dos frutos em diferentes pontos de colheita para o armazenamento. *Revista Brasileira de Produtos Agroindustriais*, Campina Grande. 13:55-63.

Costa, K. D. S., Carvalho, I. D. E. de, Santos, L. S., Santos, P. R. dos, Silva, J. W da. (2013) Seleção de descritores em cana-de-açúcar por meio de componentes principais. *Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável*, 8:207-210.

Costa, R. B. D., Resende, M. D. V. D., Gonçalves, P. D. S., Roa, R. A. R., Feitosa, K. C. D. O. (2010) Predição de parâmetros e valores genéticos para caracteres de crescimento e produção de látex em progênies de seringueira. *Bragantia*, 69:49-56.

Cruz, C. D., Ferreira, F. M., Pessoni, L. A. (2011) *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética*. Visconde do Rio Branco-MG, Suprema, 620p.

Fajardo, T. V. M.; Nickel, O. (2019) Transmissão de vírus e controle de viroses em plantas. Embrapa Uva e Vinho-Documents (INFOTECA-E), 25p.

Falconer, J. F. C., Mackay, T. F. C. (1989) *Introduction to Quantitative Genetics*. 3. ed. England: Longman, 456p.

Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V., Braga, M. F. (2005) *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina: Embrapa Cerrados. 677p.

- Faleiro, F. G., Peixoto, J. R., Viana, A. P., Bruckner, C., Laranjeira, F. F., Damasceno, F., Sharma, R. D. (2006) Demandas para as pesquisas relacionadas ao melhoramento genético. In: Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V., Braga, M. F. (org) *Maracujá: demandas para a pesquisa*. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 25-34.
- Farias Neto, J. T., 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.
- Farias Neto, J. T., Resende, M. D. V. de, Oliveira, M. D. S. P. de, Nogueira, O. L., Falcão, P. N. B., Santos, N. S. A. (2008) Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açazeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*. 40:1051-1056.
- Ferreira, C. A., Ferreira, R. L. C., Santos, D. C. D., Santos, M. V. F. D., Silva, J. A. A. D., Lira, M. D. A., Molica, S. G. (2003) Utilização de técnicas multivariadas na avaliação da divergência genética entre clones de palma forrageira (*Opuntia ficus-indica* Mill.). *Revista Brasileira de Zootecnia*. 32:1560-1568.
- Ferreira, R. T., Viana, A. P., Silva, F. H. L. e; Santos, E. A., Santos, F. O. (2016) Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 38:158-166.
- Fonseca, A. F. A. D., Sedyiyama, T., Cruz, C. D., Sakiyama, N. S., Ferrão, R. G., Ferrão, M. A. G., Bragança, S. M. (2004) Discriminant analysis for the classification and clustering of robusta coffee genotypes. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4:285-289.
- Fortaleza, J. M., Peixoto, J. R., Junqueira, N. T. V., Oliveira, A. T. D., Rangel, L. E. P. (2005) Características físicas e químicas em nove genótipos de maracujá-azedo cultivado sob três níveis de adubação potássica. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 27:124-127.
- Freitas, J. C. O., Viana, A. P., Santos, E. A., Silva, F. H. L., Paiva, C. L., Rodrigues, R., Souza, M. M., Eiras, M. (2015) Genetic basis of the resistance of a passion fruit segregant population to cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). *Tropical Plant Pathology*. 40:291-297.

- Freitas, J. P. X., Oliveira, E. J. de, Neto, A. J. C., Santos, L. R. dos. (2011) Avaliação de recursos genéticos de maracujazeiro-amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 46:1013-1020.
- Fufa, H., Baenziger, P. S., Beecher, B. S., Dweikat, I., Graybosch, R. A., Eskridge, K. M. (2005) Comparison of phenotypic and molecular marker-based classifications of hard red winter wheat cultivars. *Euphytica*, 145:133-146.
- Godoy, G. C. B., Ledo, C. A. S., Santos, A. P. dos, Matos, E. L. S., Lima, A. A., Waszczynskyj, N. (2007) Diversidade genética entre acessos de maracujazeiro-amarelo avaliada pelas características físico-químicas dos frutos. *Revista Ceres*, Viçosa, 54:541-547.
- Gomes, F. R., Silva, D. F. P. D., Rodrigues, C. D. M., Salazar, A. H., Assunção, H. F., & Cruz, S. C. S. (2022) Evaluation of production and fruit quality of a yellow passion fruit cultivar infected with the cowpea aphid-borne mosaic virus. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 44:e-259.
- Gower J. C. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*. 27:857-874.
- Grisi, M. C. D. M., Junqueira, N. T. V., Conceição, L. D. H. C. S., Faleiro, F. G., Braga, M. F., Vilela, M. S. (2021) Genotypic selection of multispecific hybrids obtained through crosses between commercial *Passiflora edulis* and wild *passiflora* species. *Revista Brasileira de Fruticultura*. 43:1-15.
- Grisi, M. C. M. (2020) *Resistência a doenças, produtividade e características físicas de híbridos multiespecíficos de maracujá-azedo*. Tese (Doutorado em Agronomia) – Brasília - DF, Universidade de Brasília, 166p.
- Hafle, O. M., Ramos, J. D., Lima, L. C. O., Ferreira, E. A., Melo, P. C. (2009) Produtividade e qualidade de frutos do maracujazeiro-amarelo submetido à poda de ramos produtivos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal – SP, 31:763-770
- Hanson, W. D. (1963) Heritability. In: Hanson, W. D.; Robinson, H. F. (org) *Statistical genetics and plant breeding*. Washington: National Academy of Science; National Research Council, p. 125-139.

- Hongyu, K., Sandanielo, V. L. M., Oliveira Junior, G. J. (2016) Análise de componentes principais: resumo teórico, aplicação e interpretação. *E&S Engineering and science*, 5:83-90.
- IBGE. (2024) Banco de dados agregados: Sistema IBGE de Recuperação Automática – SIDRA. <https://sidra.ibge.gov.br/Tabela/1613#resultado>. Acessado em: 26 de junho de 2024.
- INMET (2022) Instituto Nacional de Meteorologia. *Série Histórica - Dados Mensais*. Disponível em: <https://portal.inmet.gov.br/servicos/bdmep-dados-hist%C3%B3ricos>. (acesso em 27 de junho de 2024).
- Jesus, O. N., Faleiro, F. G., Junqueira, K. P., Girardi, E. A., Rosa, R. C. C., Petry, H. B. (2017) Cultivares comerciais de maracujá-azedo (*Passiflora edulis* Sims) no Brasil. In: Junghans, T. G., Jesus, O. N. de. (org) *Maracujá do cultivo à comercialização*, Brasília: Embrapa, p. 1-341.
- Jung, M. S., Vieira, E. A., Brancker, A., Nodari, R. O. (2008) Herdabilidade e ganho genético em caracteres do fruto do maracujazeiro-doce. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 30:209-214.
- Junqueira, N. T. V., Braga, M. F., Faleiro, F. G., Peixoto, J. R., Bernacci, L. C. (2005) Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças. In: Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V., Braga, M. F. (org) *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*, Brasília: Embrapa Cerrados, p. 81-108.
- Köppen, W., Geiger, R. (1928) *Klimate der Erde*. Gotha: Verlag Justus Perthes.
- Krause, D. P., Fachi, L. R., Dalbosco, E. Z., Campos, T. N. V., Freitas, A. P., Lima, K. S., & Krause, W. (2021). Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de maracujazeiro via metodologia REML/BLUP. *Scientific Electronic Archives*, 14:42-48.
- Krause, W., Souza, R. S. D., Neves, L. G., Carvalho, M. L. D. S., Viana, A. P., Faleiro, F. G. (2012) Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro-amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 47:51-57.

- Krosnick, S. E., Porter-Utley, K. E., Macdougall, J. M., Jørgensen, P. M., Mcdade, L. A. (2013) New Insights into the Evolution of *Passiflora* subgenus *Decaloba* (Passifloraceae): phylogenetic relationships and morphological synapomorphies. *Systematic Botany*, 38:692-713.
- Linden, R. (2009) Técnicas de agrupamento. *Revista de Sistemas de Informação da FSMA*. 4:18-36.
- Machado, C. D. F., Jesus, F. N. D., Ledo, C. A. D. S. (2015) Divergência genética de acessos de maracujá utilizando descritores quantitativos e qualitativos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 37:442-449.
- Maia, M. C. C., Araújo, L. B. D., Dias, C. T. D. S., Oliveira, L. C. D., Vasconcelos, L. F. L., Carvalho Júnior, J. E. V. D., Bastos, Y. G. M. (2016) Seleção de genótipos em uma população de melhoramento de manga-rosa usando o método multivariado *biplot*. *Ciência Rural*, 46:1689-1694.
- Manica, I. (1981) *Fruticultura: Maracujá*. São Paulo: Editora Ceres, 151p.
- Matos, D. A. S., Rodrigues, E. C. (2019) *Análise fatorial*. Brasília: Enap, 74 p.
- Medeiros, S. A. F., Yamanishi, O. K., Peixoto, J. R., Pires, M. C., Junqueira, N. T. V., Ribeiro, J. G. B. L. (2009) Caracterização físico-química de progênies de maracujá-roxo e maracujá-azedo cultivados no Distrito Federal. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 31:492-499.
- Meletti, L. M. M. (2011) Avanços na cultura do maracujá no Brasil. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33:83-91.
- Melo, G. A. R. et al. (2014) Polinização e polinizadores de maracujá no Paraná. In: Yamamoto, M., Oliveira, P. E., Gaglianone, M. C. (org) *Uso sustentável e restauração da diversidade dos polinizadores autóctones na agricultura e nos ecossistemas relacionados: Planos de manejo*. Rio de Janeiro: Funbio, p. 207-253.
- Melo, J. R. F. (2010) *Patossistema cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV)/Maracujazeiro-amarelo: Infectividade e Invasão Sistêmica de isolados e caracterização molecular*. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia Vegetal) – Lavras – MG - Universidade Federal de Lavras, 105p.

- Melo, K. T., Manica, I., Junqueira, N. T. V. (2001) Produtividade de seis cultivares de maracujazeiro-azedo durante três anos em Vargem Bonita, DF. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 36:1117-1125.
- Mendes, D. S. (2023) *Seleção recorrente em Passiflora: nova abordagem para desenvolvimento de cultivares resistentes ao CABMV e com boas características agronômicas*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 132p.
- Mesquita, A. G. G., Guimarães, C. T., Parentoni, S. N., Paiva, E. (2005) Recuperação do genitor recorrente em milho utilizando retrocruzamento assistido por marcadores microssatélites. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 4:275-285.
- Mondin, C. A., Cervi, A. C., Moreira, G. R. P. (2011) Sinopse das espécies de *Passiflora* L. (Passifloraceae) do Rio Grande do Sul, Brasil. *Revista Brasileira de Biociências*, 9:3-27.
- Morgado, M. A. D., Santos, C. E. M., Linhales, H., Bruckner, C. H. (2010) Correlações fenotípicas em características físico-químicas do maracujazeiro-azedo. *Acta Agronômica*, 59:457-461.
- Mohammadi, S. A., Prasanna, B. M. (2003) Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants-Salient Statistical Tools and Considerations. *Crop Science*, 43, 1235-1248.
- Moura, M. D. C. C., Gonçalves, L. S., Sudré, C. P., Rodrigues, R., do Amaral Júnior, A. T., Pereira, T. N. (2010) Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimenta. *Horticultura Brasileira*, 28:155-161.
- Narita, N. (2007) Epidemiologia do cowpea aphid borne mosaic virus (CABMV) em maracujazeiros na região produtora da Alta Paulista. (Doutorado em Agronomia) - Botucatu – SP, Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônômicas, 54p.
- Nascimento, A. V. S., Santana, E. N., Braz, A. S. K., Alfenas, P. F., Pio-Ribeiro, G., Andrade, G. P., Murilo Zerbini, F. (2006) Cowpea aphid-borne mosaic virus

(CABMV) is widespread in passionfruit in Brazil and causes passionfruit woodiness disease. *Archives of virology*, 151:1797-1809.

Negreiros, J. R. D. S., Álvares, V. D. S., Bruckner, C. H., Morgado, M. A. D. O., Cruz, C. D. (2007) Relação entre características físicas e o rendimento de polpa de maracujá-amarelo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 29:546-549.

Nunes, E. S. (2006) *Seleção entre e dentro de famílias de irmãos completos de maracujazeiro (Passiflora edulis f. flavicarpa)*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa - UFV, 96p.

Oliveira, E. J. D., Santos, V. D. S., Lima, D. S. D., Machado, M. D., Lucena, R. S., Motta, T. B. N., Castellen, M. D. S. (2008) Seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo com base em índices multivariados. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43:1543-1549.

Oliveira, E. J. D., Soares, T. L., Barbosa, C. D. J., Santos-Filho, H. P., Jesus, O. N. D. (2013) Severidade de doenças em maracujazeiro para identificação de fontes de resistência em condições de campo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35:485-492.

Oliveira, J. A. S. V. (2023) *Integrando a abordagem clássica e molecular na pesquisa do maracujazeiro contra o CABMV*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 91p.

Paiva, A. L. D. C., Teixeira, R. B., Yamaki, M., Menezes, G. R. D. O., Leite, C. D. S., & Torres, R. D. A. (2010) Análise de componentes principais em características de produção de aves de postura. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 39:285-288.

Paulino, J. F. D. C., Almeida, C. P. D., Santos, I. L., Gonçalves, J. G. R., Carbonell, S. A. M., Chiorato, A. F., Benchimol-Reis, L. L. (2022) Combining disease resistance and postharvest quality traits by early marker-assisted backcrossing in carioca beans. *Scientia Agricola*, 79:1-10.

- Moura, M. D. C. C., Gonçalves, L. S., Sudré, C. P., Rodrigues, R., do Amaral Júnior, A. T., Pereira, T. N. (2010) Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimenta. *Horticultura Brasileira*, 28, 155-161.
- Pereira, T. B., Carvalho, J. P. F., Botelho, C. E., Resende, M. D. V. D., Rezende, J. C. D., Mendes, A. N. G. (2013) Eficiência da seleção de progênies de café F<sub>4</sub> pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). *Bragantia*, 72:230-236.
- Pereira, T. N. A., Nicoli, R. G., Madureira, H. C., Júnior, P. C. D., Gaburro, N. O. P., Coutinho, K. (2005) Caracterização morfológica e reprodutiva de espécies silvestres do gênero *Passiflora*. In: Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V., Braga, M.F., Pinto, A. C. Q., Sousa, E. S. IV Reunião Técnica de Pesquisas em Maracujazeiro. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, p.29-34.
- Pimentel, A. J. B., Guimarães, J. F. R., Souza, M. A. D., Resende, M. D. V. D., Moura, L. M., Rocha, J. R. D. A. S. D. C., Ribeiro, G. (2014) Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 49:882-890.
- Pinto, P. H. D., Peixoto, J. R., Junqueira, N. T. V., Resende, R. D. O., Mattos, J. K. D. A., Melo, B. D. (2008) Reação de genótipos de maracujazeiro-azedo ao vírus do endurecimento do fruto (cowpea aphid-borne mosaic virus–CABMV). *Bioscience Journal*. 24:19-26.
- Pires, A. C. M., Milward-de-Azevedo, M. A., Mendonça, C. B. F., Gonçalves-Esteves, V. (2019) Taxonomic notes on species of *Passiflora* subgenus *Astrophea* (Passifloraceae s.s). *Acta Botanica Brasilica*, 33:149-152.
- Praça, M. M. (2005) *Caracterização dos cromossomos de maracujá (Passiflora edulis Sims f. flavicarpa Deg) com giemsa, laranja de acridina e fish*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa - UFV, 47p.
- Preisigke, S. C. (2017) *Retrocruzamento em maracujazeiro visando à resistência genética ao cowpea aphid-borne mosaic virus assistida por técnicas clássicas e moleculares*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 101p.

- Preisigke, S. D. C., Silva, L. P. D., Serafim, M. E., Bruckner, C. H., Araújo, K. L., Neves, L. G. (2017) Seleção precoce de espécies de *Passiflora* resistente a fusariose. *Summa Phytopathologica*, 43:321-325.
- Quintal, S. S. R., Viana, A. P., Campos, B., Vivas, M., Amaral Júnior, A. T. (2017) Seleção via modelos mistos em famílias segregantes de goiabeira baseada em características de produtividade e de qualidade. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 39:e-866.
- Resende, M. D. V. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p.
- Resende, M.D.V. de (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breed. Appl. Biotechnol*, v. 16(4), p. 330-339. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>.
- Resende, M. D. V. D., Furlani-Júnior, E. N. E. S., Moraes, M. L. T. D., Fazuoli, L. C. (2001) Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. *Bragantia*, 60:185-193.
- Resende, M. D. V. (2000) Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, 101 p.
- Ribeiro, W. N. (2022) *Estimativas de Parâmetros Genéticos e Variabilidade entre Genótipos de Maracujazeiro*. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Ipameri – GO, Universidade Estadual de Goiás, 51p.
- Rocha, M. C., Gonçalves, L. S. A., Rodrigues, R., Silva, P. R. A. D., Carmo, M. G. F. D., Abboud, A. C. D. S. (2010) Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 32:423-431.
- Sacoman, N. N., Viana, A. P., Carvalho, V. S., Santos, E. A., Rodrigues, R. (2018) Resistance to cowpea aphid-borne mosaic virus in in vitro germinated genotypes of *Passiflora setacea*. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40:e-607.
- Santos, E. A. (2013) *Melhoramento do maracujazeiro-azedo (Passiflora edulis Sims) visando à resistência ao cowpea aphid-borne mosaic virus*. Tese

- (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 178p.
- Santos, V. O. (2018) *Retrocruzamento em população segregante de Passiflora mediado por caracteres morfoagronômicos e de resistência*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 74p.
- Silva, C. B. M. C., Faleiro, F. G., Jesus, O. N. de, Santos, E. S. L. dos, Souza, A. P. de. (2016) The genetic diversity, conservation, and use of passion fruit (*Passiflora* spp.). *Genetic Diversity and Erosion in Plants: Case Histories*. 215-231.
- Silva, J. M. da, Aguiar, A. V., Mori, E. S., Teixeira de Moraes, M. L. (2011) Variação genética e ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. *Scientia Forestalis*, 241-252.
- Silveira, G. F. D., Rossi, A. A. B., Varella, T. L., Carvalho, M. L. D. S., Silva, C. J. D. (2016) Genetic divergence among *Passiflora cristalina* vanderpl & zappi. genotypes based on flower and fruit characteristics. *Revista Brasileira de Fruticultura*. 38:e-491.
- Sokal, R. R., Rohlf, F. J. (1962) The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*. 11:33-40.
- Torres, L. J. C., Blanco-Fuentes, R. D., Espitia-Camacho, M. M., Cardona-Ayala, C., Aramendiz-Tatis, H. (2021) Parâmetros genéticos de características biométricas del fruto y semilla en *Caesalpinia ebano* (Fabaceae). *Acta Biológica, Colombiana*. 26:327-334.
- Tosse, D. E. T., Castoldi, R., Candido, W. D. S., Ferraudo, A. S., Charlo, H. C. D. O., Braz, L. T. (2015) Caracterização de genótipos de soja-hortaliça por análise de componentes principais. *Ciência Rural*. 45:1214-1219.
- Trevisan, F. (2005) *Transformação genética de maracujazeiro (Passiflora edulis f. flavicarpa) para resistência ao vírus do endurecimento dos frutos*. Dissertação (Mestrado em Fisiologia e Bioquímica de Plantas) – Piracicaba – SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ, 64p.

- Viana, A. P., Gonçalves, G. M. (2005) Genética quantitativa aplicada ao melhoramento genético do maracujazeiro. In Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V., & Braga, M. F. (org) *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 243-274.
- Viana, A. P., Resende, M. D. V. (2014) Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras. 1 ed. Rio de Janeiro: Editora Interciência, 282p.
- Vidal, R. F. (2021) *Avaliação da população RC<sub>2</sub> de Passiflora e seleção de genótipos para compor o ciclo de seleção recorrente visando resistência ao cowpea aphid-borne mosaic vírus*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 107p.
- Yamada, M. M., Faleiro, F. G., Lopes, U. V., Flores, A. B., Pires, J. L., Melo, G. R. P. (2010) Genetic divergence in cocoa progenies for backcrossing program to witches' broom disease resistance. *Revista Ceres*, 57:73-78.