

AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE
MARACUJAZEIRO PARA RESISTÊNCIA AO *COWPEA APHID-
BORNE MOSAIC VIRUS* (CABMV), ATRIBUTOS AGRONÔMICOS E
VALOR DE CULTIVO E USO

ALINE BATISTA VALADÃO

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO - 2026

AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE
MARACUJAZEIRO PARA RESISTÊNCIA AO *COWPEA APHID-
BORNE MOSAIC VIRUS* (CABMV), ATRIBUTOS AGRONÔMICOS E
VALOR DE CULTIVO E USO

ALINE BATISTA VALADÃO

“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 Mestra em Genética e Melhoramento de Plantas”.

Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO - 2026

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

V136

Valadão, Aline Batista.

Avaliação de Famílias de Meios-Irmãos de Maracujazeiro para Resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV), Atributos Agronômicos e Valor de Cultivo e Uso / Aline Batista Valadão. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2026.

83 f.

Bibliografia: 64 - 77.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2026.
Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. Maracujazeiro. 2. Melhoramento genético. 3. Resistência ao CABMV. 4. Desempenho agrônômico. 5. Retrocruzamento. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE
MARACUJAZEIRO PARA RESISTÊNCIA AO COWPEA APHID-
BORNE MOSAIC VÍRUS (CABMV), ATRIBUTOS AGRONÔMICOS E
VALOR DE CULTIVO E USO

ALINE BATISTA VALADÃO

“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 Mestra em Genética e Melhoramento de Plantas”.

Aprovada em 11 de fevereiro de 2026.

Comissão Examinadora:



Documento assinado digitalmente

WILLIAN KRAUSE

Data: 26/02/2026 16:34:23-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

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

Dr. Renato Santa Catarina (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF

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

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

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tornar possível a realização deste sonho e por me conceder persistência, paciência, força, luz e proteção ao longo de toda essa caminhada;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de formação acadêmica e crescimento científico;

Ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico), pelo suporte financeiro concedido durante estes anos, fundamental para a realização deste trabalho;

Ao meu orientador, Alexandre Pio Viana, pela oportunidade de aprimoramento profissional, pela paciência, pelos ensinamentos, sugestões e pela confiança depositada em mim para a condução desta pesquisa;

Ao Dr. Renato Santa Catarina, por acreditar e confiar em mim desde o início, pelo constante incentivo, disponibilidade e pela valiosa troca de experiências e aprendizado ao longo dessa trajetória;

À minha mãe, Lauana Batista, minha maior incentivadora, minha melhor amiga e minha base. Obrigada pelo amor incondicional, pelo apoio incansável e por nunca soltar a minha mão, mesmo nos momentos mais difíceis;

Ao meu pai, Alexandre Valadão, por sempre acreditar em mim, confiar nos meus sonhos e me oferecer todo o apoio necessário ao longo dessa jornada;

Ao meu padrasto, Evaldo Gonçalves, por nunca deixar de acreditar em mim, pelos conhecimentos compartilhados e pelo incentivo constante para que eu jamais desistisse;

Aos meus irmãos, Alexandre e Dulce Maria, pela luz, carinho e amor que irradiaram em minha vida durante todo esse período;

Ao meu tio, Maurício, pelo apoio e incentivo constantes;

A todos os integrantes do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) Jocarla Ambrosim, Márcia Almeida, Vivane, Flávia Alves, Samuel, Daniel, Fábio Júnior, Pedro Cavalcante, Lidiane Miranda e Lucas que, de diferentes formas, contribuíram para a realização deste trabalho;

Ao secretário Daniel, pela amizade, pelos conselhos e por estar sempre disponível para me ajudar;

A todos os amigos, em especial Yasmin Aparecida, Mariana Manhães, Pedro Ribeiro, Ana Rangel, Ana Laura Borges, Leonardo Almeida, Marília Medeiros e Eduardo Salomão, por tornarem minha caminhada mais leve, pelo apoio emocional e por estarem presentes sempre que precisei;

Aos meus amigos Anthonio Schandler, Isabella Bertolini, Laura Salomão e Paulina Saboya, que estiveram comigo em encontros mensais ao longo destes últimos anos, oferecendo apoio, companhia e incentivo nos momentos necessários;

À minha amiga Luana Vidaurre, que, nestes últimos meses de escrita, esteve ao meu lado, oferecendo apoio constante, palavras de incentivo e torcida sincera ao longo de todo o processo;

À minha madrinha, Priscila Flores, por todo o amor, carinho e apoio incondicional ao longo dessa caminhada;

Ao Betinho Miranda, Fabrício Thebaldi e Fifi Guerra, por acreditarem em mim desde sempre, pelo apoio incondicional, por não medirem esforços para me ajudar e por me encorajarem em todos os momentos;

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

Por fim, a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho, expresso o meu mais profundo e sincero agradecimento.

SUMÁRIO

RESUMO.....	vi
ABSTRACT.....	viii
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1 Geral	4
2.2 Específicos	4
3. CAPÍTULOS	5
3.1 AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MARACUJAZEIRO PARA RESISTÊNCIA AO CABMV, PRODUÇÃO E QUALIDADE DE FRUTOS.	5
3.1.1 INTRODUÇÃO	5
3.1.2 REVISÃO	6
3.1.2.1 Aspectos gerais da cultura	6
3.1.2.2. Importância econômica	9
3.1.2.3. Melhoramento Genético do maracujazeiro para resistência ao CABMV e Ensaio de Valor de Cultivo e Uso	10
3.1.2.4 Modelagem mista no melhoramento genético de fruteiras	12
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS	13
3.1.3.1 Material Genético	13
3.1.3.2 Local e condução do experimento	14
3.1.3.3 Avaliação de resistência ao CABMV	15
3.1.3.4 Avaliações Agronômicas	17

3.1.3.5 Análises estatísticas	18
3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
3.1.4.1 Componentes de variância e parâmetros genéticos	20
3.1.4.2 Ganho genético	26
3.1.5 CONCLUSÕES	31
3.2 DIVERSIDADE GENÉTICA DAS FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE MARACUJAZEIRO POR DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS VIA METODOLOGIA WARD-MLM	32
3.2.1 INTRODUÇÃO	32
3.2.2. REVISÃO	34
3.2.2.1 Estudo de Diversidade Genética em Populações	34
3.2.2.2 Metodologia Ward-MLM	35
3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS	36
3.2.3.1 Material genético e condições de cultivo	36
3.2.3.2 Características avaliadas	37
3.2.3.3 Diversidade genética	39
3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
3.2.5 CONCLUSÕES	46
3.3 ENSAIO DE VALOR DE CULTIVO E USO MARACUJAZEIRO: UMA NOVA CULTIVAR	48
3.3.1 INTRODUÇÃO	48
3.3.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	50
3.3.2.1 Ensaio de Valor de Cultivo e Uso em maracujazeiro	50
3.3.2.2 Programa de melhoramento genético do maracujazeiro para resistência ao CABMV e avaliação do valor de cultivo e uso na Região Norte e Noroeste Fluminense.	51
3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS	53
3.3.3.1 Material genético	53
3.3.3.2 Condução do Experimento	54
3.3.3.3 Características avaliadas	54
3.3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	56
3.3.5 CONCLUSÃO	63
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	64

RESUMO

VALADÃO, Aline Batista, M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro 2026; Avaliação de Famílias de meios-irmãos de maracujazeiro para resistência ao *Cowpea Aphid-Borne Mosaic Virus* (CABMV), atributos agronômicos e valor de cultivo e uso; Orientador: D.Sc. Alexandre Pio Viana. Conselheiros: D.Sc. Marcelo Vivas e D.SC. Roberto Ramos Sobrinho.

O maracujazeiro (*Passiflora edulis* Sims) apresenta elevada importância econômica no Brasil, país que se destaca como o maior produtor. Entretanto, a produtividade e a sustentabilidade dos pomares são severamente comprometidas por problemas fitossanitários, especialmente o endurecimento dos frutos, causado pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV), além de estresses abióticos, como déficit hídrico e temperaturas extremas. Nesse contexto, o melhoramento genético configura-se como a principal estratégia para o desenvolvimento de cultivares resistentes e adaptadas às condições ambientais adversas. Diante desse cenário, o presente estudo teve como objetivo geral avaliar e selecionar genótipos promissores oriundos da recombinação de indivíduos da população RC₃, em esquema de meios-irmãos, provenientes de retrocruzamentos do Programa de Melhoramento genético do maracujazeiro, visando à obtenção de genótipos com resistência ao CABMV e desempenho agronômico superior. Foram avaliadas famílias de meios-irmãos quanto às características agronômicas, ao Valor de Cultivo e Uso (VCU) e aos descritores morfoagronômicos. No primeiro capítulo, objetivou-se avaliar e selecionar genótipos recombinados da população RC₃, em esquema de meios-irmãos, quanto à resistência ao CABMV, produtividade e

qualidade de frutos. As análises foram conduzidas por meio dos métodos de máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viesada (REML/BLUP), aliados a técnicas de análise multivariada. Os resultados evidenciaram efeito significativo de genótipo para a maioria das características avaliadas, indicando ampla variabilidade genética e elevado potencial de ganho por seleção. O segundo capítulo teve como objetivo caracterizar a diversidade genética das melhores progênies recombinadas da população RC₃, em esquema de meios-irmãos, com base em descritores morfoagronômicos, utilizando a metodologia Ward-MLM. A análise possibilitou a formação de dois grupos geneticamente distintos, evidenciando a presença de divergência genética entre os indivíduos selecionados. Ao mesmo tempo, a estruturação em apenas dois grupos sugere um nível de uniformidade da população recombinada, refletindo a concentração de genes associados à resistência ao CABMV, bem como a características relacionadas à produtividade e à qualidade dos frutos. Esses resultados confirmam o elevado potencial dos indivíduos recombinados para a obtenção de nova cultivar superior e reforçam a relevância de *Passiflora setacea* como fonte genética estratégica de resistência no programa de melhoramento. No terceiro capítulo, a população recombinada RC₃ foi avaliada quanto ao padrão morfoagronômico, desempenho produtivo e resistência ao CABMV, com vistas à sua indicação para registro como nova cultivar. Os resultados demonstraram uniformidade fenotípica e padrão morfoagronômico desejável, com frutos de tamanho médio, formato oval, casca de espessura intermediária, teor adequado de sólidos solúveis, elevada produtividade e desempenho agrônomico competitivo em comparação às principais cultivares comerciais, aliado à resistência à virose. De forma geral, os resultados obtidos contribuem para a identificação de genótipos com resistência ao CABMV, elevada produtividade, qualidade de frutos e adaptação às variações ambientais, subsidiando a recomendação de novas cultivares para áreas com alta incidência do vírus e promovendo maior rentabilidade aos produtores brasileiros de maracujá.

Palavras-chave: Maracujazeiro; Melhoramento genético; Resistência ao CABMV; Desempenho agrônomico; Retrocruzamento.

ABSTRACT

VALADÃO, Aline Batista, M.Sc.; State University of Northern Fluminense Darcy Ribeiro; February 2026; Evaluation of half-sibling families of passion fruit for resistance to *Cowpea Aphid-Borne Mosaic Virus* (CABMV), agronomic traits, and value for cultivation and use; Advisor: D.Sc. Alexandre Pio Viana. Committee members: D.Sc. Marcelo Vivas and D.Sc. Roberto Ramos Sobrinho.

The passion fruit plant (*Passiflora edulis* Sims) has high economic importance in Brazil, which stands out as the world's largest producer of this crop. However, orchard productivity and sustainability are severely compromised by phytosanitary problems, particularly fruit hardening caused by *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV), as well as by abiotic stresses such as water deficit and extreme temperatures. In this context, genetic breeding represents the main strategy for developing resistant cultivars adapted to adverse environmental conditions. Given this scenario, the present study aimed to evaluate and select promising genotypes derived from the recombination of individuals from the RC₃ population, under a half-sib mating scheme, originating from backcrosses in the passion fruit breeding program, with the goal of obtaining materials resistant to CABMV and with superior agronomic performance. Half-sib families were evaluated for agronomic traits, Value for Cultivation and Use (VCU), and morpho-agronomic descriptors. In the first chapter, recombined genotypes from the RC₃ population under a half-sib scheme were evaluated and selected for resistance to CABMV, productivity, and fruit quality. Analyses were performed using the restricted maximum likelihood and best linear unbiased prediction (REML/BLUP) methods, combined with multivariate analysis

techniques. The results showed a significant genotype effect for most evaluated traits, indicating wide genetic variability and high potential for selection gain. The second chapter aimed to characterize the genetic diversity of the best recombined progenies from the RC₃ population under a half-sib scheme, based on morpho-agronomic descriptors, using the Ward-MLM methodology. The analysis allowed the formation of two genetically distinct groups, demonstrating the presence of genetic divergence among the selected individuals. At the same time, the structuring into only two groups suggests a level of uniformity within the recombined population, reflecting the concentration of genes associated with resistance to CABMV, as well as traits related to productivity and fruit quality. These results confirm the high potential of the recombined individuals for the development of new superior cultivars and reinforce the relevance of *Passiflora setacea* as a strategic genetic source of resistance in the breeding program. In the third chapter, the RC₃ recombined population was evaluated for morpho-agronomic pattern, productive performance, and resistance to CABMV, aiming at its indication for registration as a new cultivar. The results demonstrated phenotypic uniformity and a desirable morpho-agronomic standard, with medium-sized fruits, oval shape, intermediate peel thickness, adequate soluble solids content, high productivity, and competitive agronomic performance compared to the main commercial cultivars, combined with resistance to the virus. Overall, the results contribute to the identification of genotypes with resistance to CABMV, high productivity, fruit quality, and adaptation to environmental variations, supporting the recommendation of new cultivars for areas with high virus incidence and promoting greater profitability for Brazilian passion fruit growers.

Keywords: Passion fruit; Genetic breeding; CABMV resistance; Agronomic performance; Backcrossing.

1. INTRODUÇÃO

O maracujazeiro (*Passiflora edulis* Sims) é amplamente cultivado em diversas regiões do mundo e possui elevada relevância econômica no setor agrícola, tanto pela extensão de sua cadeia produtiva quanto pelo consumo da fruta *in natura* (Nascimento et al., 2020). O Brasil destaca-se como o maior produtor mundial de maracujá, com produção expressiva voltada aos mercados interno e externo.

Apesar dessa importância, a expansão e a sustentabilidade da cultura enfrentam diversas limitações. Problemas fitossanitários são responsáveis por perdas significativas na produção e pela redução da vida útil dos pomares. Além disso, o maracujazeiro é sensível a fatores de estresse abiótico, como seca, salinidade e temperaturas extremas, que comprometem o crescimento e o rendimento das plantas, dificultando a expansão da área colhida e o aumento da produção (Zhang et al., 2023).

Entre as doenças que afetam a cultura, o endurecimento dos frutos é considerado o principal fator limitante da produtividade do maracujazeiro. Essa virose é causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) e apresenta elevado impacto econômico, ocasionando grandes perdas nos pomares brasileiros (Colariccio et al., 2018). Plantas infectadas pelo CABMV exibem sintomas como mosaico, deformação foliar, formação de bolhas, espessamento e endurecimento do pericarpo. O vírus é transmitido de forma não persistente por afídeos, sendo o pulgão-do-caupi (*Aphis craccivora*) o principal vetor natural, em função de sua

ampla ocorrência em áreas de cultivo de maracujá. Outras espécies, como *Aphis gossypii* e *Myzus persicae*, também atuam como vetores do patógeno (Kotsubo et al., 2021).

Diante desse cenário, o desenvolvimento de cultivares resistentes constitui a estratégia mais eficaz e sustentável para manter o Brasil como líder mundial na produção de maracujá e superar os desafios fitossanitários da cultura (Mendes et al., 2022). Assim, programas de melhoramento genético têm direcionado esforços para a identificação e incorporação de fontes de resistência ao CABMV.

Como exemplo, o Programa de Melhoramento da Embrapa Mandioca e Fruticultura realizou a avaliação de genótipos do Banco de Germoplasma, identificando acessos com respostas de resistência ao CABMV, os quais passaram a ser utilizados como genitores em cruzamentos interespecíficos. As progênies obtidas foram avaliadas quanto à reação à virose, produtividade e características de frutos, permitindo a seleção de indivíduos superiores. Posteriormente, os genótipos mais promissores foram submetidos a sucessivas gerações de retrocruzamento com a espécie comercial, visando à recuperação do padrão agrônomo desejado. Em gerações avançadas, observa-se a obtenção de plantas produtivas, com frutos semelhantes aos comerciais (Souza et al., 2018; Gonçalves et al., 2018).

O Programa de Melhoramento Genético do maracujazeiro azedo da UENF foi iniciado em 2010, com o objetivo de desenvolver cultivares resistentes ao vírus do endurecimento dos frutos (CABMV) e com bom desempenho agrônomo. Inicialmente, foram obtidos híbridos interespecíficos (*P. edulis* x *P. setacea*), seguidos de retrocruzamentos com *P. edulis*. Posteriormente, adotou-se a seleção recorrente para ampliar a base genética e aumentar a frequência de alelos favoráveis, mantendo a variabilidade da população (Preisigke, 2017; Vidal, 2021; Mendes et al., 2023; Bezerra et al., 2025).

Nesse contexto, os descritores morfoagronômicos desempenham papel fundamental na caracterização e divulgação das características agrônomo das cultivares, sendo decisivos na escolha do material a ser utilizado pelos produtores. Além disso, esses descritores permitem a estimação de parâmetros genéticos essenciais para subsidiar programas de melhoramento genético (Jesus et al., 2016; 2017).

Assim, o presente estudo busca avaliar e selecionar genótipos promissores oriundos da recombinação da população RC₃ em esquema de meios-irmãos, oriunda de retrocruzamentos do Programa de Melhoramento genético de maracujazeiro da UENF para desenvolver cultivares resistentes ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). Além da resistência ao vírus, esses genótipos devem apresentar características agronômicas desejáveis, como alta produtividade, qualidade superior dos frutos e adaptação às variações climáticas.

2. OBJETIVOS

2.1 Geral

Avaliar e selecionar genótipos recombinados oriundos da população RC₃ em esquema de meios-irmãos do Programa de Melhoramento genético do maracujazeiro da UENF, buscando a seleção e desenvolvimento de genótipos com resistência ao vírus do endurecimento dos frutos (CABMV) com elevada produtividade e a qualidade dos frutos.

2.2 Específicos

Avaliar famílias de meios-irmãos para resistência ao CABMV, produção e qualidade de frutos;

Estimar parâmetros genéticos e componentes de variância associados às características avaliadas;

Selecionar e recombinar plantas superiores de cada família para resistência ao CABMV, produtividade e qualidade de frutos;

Caracterizar as famílias de meios-irmãos quanto a características agronômicas e descritores;

Aplicar métodos de análise multivariada para estudar a divergência genética dos genótipos avaliados;

Descrever as características da nova cultivar de maracujazeiro avaliada no ensaio de valor de cultivo e uso -VCU.

3. CAPÍTULOS

3.1 AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MARACUJAZEIRO PARA RESISTÊNCIA AO CABMV, PRODUÇÃO E QUALIDADE DE FRUTOS.

3.1.1 INTRODUÇÃO

O maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims) é a espécie de maior importância agronômica e científica do gênero *Passiflora*, o qual se destaca como o mais representativo da família Passifloraceae. Espécie nativa das regiões tropicais e subtropicais do continente americano, o maracujazeiro apresenta ampla adaptação e elevado valor econômico, sendo amplamente cultivado em diferentes regiões do Brasil (Araponga et al.,2025).

No entanto, a exploração dessa cultura é fortemente limitada por problemas fitossanitários, entre os quais se destaca a virose do endurecimento dos frutos, causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV), considerada uma das doenças de maior impacto econômico para o maracujazeiro (Petry et al., 2025).

O vírus é transmitido por afídeos e a infecção ocorre rapidamente após a picada de prova do inseto vetor, não havendo, até o momento, métodos de controle químico eficazes nem cultivares comerciais com resistência comprovada. Os sintomas incluem mosaico, formação de bolhas e deformações foliares, além do

endurecimento dos frutos e redução expressiva do conteúdo de polpa, tornando-os impróprios para comercialização (Cavichioli et al., 2014).

Nesse contexto, espécies silvestres do gênero *Passiflora* têm sido identificadas como importantes fontes de resistência a viroses, representando reservatórios de genes de interesse que podem ser incorporados ao maracujazeiro comercial por meio de cruzamentos controlados (Junqueira et al., 2005; Sacoman et al., 2018).

Contudo, a avaliação e a seleção de indivíduos superiores em populações alógamas, especialmente em espécies perenes, constituem um processo complexo, exigindo a utilização de metodologias como a modelagem mista, capazes de estimar com precisão os valores genéticos aditivos e genotípicos, de modo a permitir uma seleção mais eficiente dos genótipos de maior mérito genético (Resende, 2000). Nesse sentido, o Programa de Melhoramento genético do maracujazeiro azedo da UENF tem adotado, ao longo dos últimos anos, estratégias baseadas em cruzamentos interespecíficos e sucessivos retrocruzamentos, visando ao desenvolvimento de novas variedades com características agronômicas superiores e maior resistência a doenças (Santos, 2018).

Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar e selecionar genótipos de maracujazeiro para produção e qualidade de frutos e resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV).

3.1.2 REVISÃO

3.1.2.1 Aspectos gerais da cultura

O gênero *Passiflora* é o mais representativo da família Passifloraceae, englobando mais de 530 espécies, predominantemente originárias da América Tropical. No Brasil, estão registradas cerca de 157 espécies, sendo 87 endêmicas, o que evidencia o país, especialmente a Região Centro-Norte, como um dos principais centros de diversidade genética do gênero (Faleiro et al., 2020; Flora do Brasil, 2025). Entre as espécies cultivadas comercialmente, destacam-se *Passiflora edulis* Sims (maracujá-azedo) e *Passiflora alata* Curtis (maracujá-doce), sendo o

maracujá-azedo o mais conhecido e amplamente comercializado, principalmente devido à qualidade de seus frutos (Faleiro et al., 2022).

O maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis*) é uma planta perene; contudo, em pomares comerciais, o replantio anual tem se tornado comum devido à elevada incidência de doenças, como vírus do endurecimento dos frutos, bacterioses, fusariose e antracnose, que afetam significativamente a produtividade e a longevidade das plantas (Kudo, 2004; Junqueira et al., 2005; Narita, 2007).

O sistema radicular do maracujazeiro é caracterizado por uma raiz central pivotante ou axial, mais espessa que as demais. As raízes finas se distribuem principalmente em um raio de 0,50 m a partir do tronco, concentrando-se entre 0,30 e 0,45 m de profundidade. Nessa faixa, as raízes de tamanho médio contribuem para a sustentação da planta, enquanto as menores são responsáveis pela absorção de água e nutrientes (Souza e Meletti, 1997; Meletti, 2000; Carvalho-Okano e Vieira, 2001).

O maracujazeiro (*Passiflora edulis*) é uma liana trepadeira de caule cilíndrico ou subanguloso, com gavinhas axilares que auxiliam na fixação, permitindo que a planta se prenda a suportes (Cunha et al., 2004; Nunes e Queiroz, 2007). Seus ramos podem atingir até 10 metros de comprimento. As folhas são simples, alternas, geralmente trilobadas, com margem serrilhada, ápice acuminado e pecíolo provido de glândulas próximas à base. As flores, grandes e vistosas, são hermafroditas, perfumadas e axilares, com diâmetro entre 5 e 7,5 cm. Possuem cálice e corola pentâmeros, sépalas verdes na face externa e brancas na interna, além de uma coroa formada por séries de filamentos coloridos que conferem destaque ornamental e funcional à estrutura floral (Oliveira et al., 2022).

O fruto do maracujazeiro é uma baga, geralmente oval ou esférica, raramente fusiforme, com polpa mucilagínosa e suculenta. A casca, frágil e lisa, protege o mesocarpo, onde estão localizadas as sementes (Meletti e Maia, 1999; Cunha et al., 2004). As principais espécies cultivadas do gênero *Passiflora*, incluindo *P. edulis* Sims, são diploides ($2n=2x=18$ cromossomos) e apresentam autoincompatibilidade esporófitica, um mecanismo que impede a autofecundação e promove a alogamia, garantindo variabilidade genética dentro dos pomares (Rêgo et al., 2011; He et al., 2020; Case, 2022). Essa característica é fundamental para programas de melhoramento, seleção de genótipos e manutenção da qualidade do fruto, além de influenciar diretamente a eficiência da polinização e da frutificação.

O maracujazeiro caracteriza-se como uma espécie predominantemente de fecundação cruzada, em razão da ocorrência do fenômeno da incompatibilidade. Isso significa que o pólen gerado por uma flor não é capaz de fecundá-la, nem de atuar de forma eficiente na fertilização das demais flores da mesma planta (Junqueira et al., 2001). Essa particularidade exerce papel relevante nas estratégias de melhoramento genético, pois favorece a alogamia, resulta em elevado nível de heterozigosidade e influencia diretamente a compatibilidade entre diferentes cruzamentos (Allard, 1971).

A polinização natural do maracujazeiro azedo é limitada pela sua morfologia floral e pela presença de grãos de pólen pesados e pegajosos, o que torna a espécie altamente dependente de insetos polinizadores, especialmente as mamangavas do gênero *Xylocopa* (Souza e Meletti, 1997). Em condições de baixa densidade desses polinizadores, a frutificação tende a ser bastante reduzida, sendo relatados apenas 7% de pegamento em flores submetidas à polinização natural, contra até 76% em flores cruzadas e polinizadas manualmente (Junqueira et al., 2001; Lima e Cunha, 2004). Resultados semelhantes foram obtidos mais recentemente por Barrera Jr. et al. (2020), que observaram 75% de frutificação em flores polinizadas manualmente, em contraste com 35% em flores polinizadas naturalmente por *Xylocopa* spp., além de frutos de maior peso, dimensões, número de sementes e rendimento de suco, reforçando a importância da polinização artificial na ausência de agentes polinizadores em número adequado.

Para o sucesso da produção, diversos fatores influenciam a produtividade. Entre eles, a qualidade do solo é fundamental, devendo ser bem drenado e com pH entre 6,0 e 7,0. Também é essencial garantir boa incidência de luz solar e irrigação regulares. A poda é uma prática importante, pois ajuda a controlar o crescimento da planta, remove galhos mortos ou doentes e contribui para a produtividade e saúde geral da planta (Thokchom e Mandal, 2020).

Os órgãos reprodutivos incluem cinco estames ligados a uma coluna central bem desenvolvida, com anteras grandes que liberam pólen abundante. O ovário é globoso, uni-cameral, com múltiplos óvulos. A curvatura dos estigmas pode variar, influenciando diferentes padrões de polinização (Siqueira et al., 2006).

O maracujazeiro desempenha papel importante no setor agrícola brasileiro devido à ampla demanda do mercado consumidor. Os frutos podem ser consumidos *in natura* ou processados pela indústria alimentícia (Faleiro e

Junqueira, 2016). Além disso, a planta apresenta características agronômicas e ornamentais que contribuem para sua valorização, como o porte trepador, folhas decorativas e flores vistosas.

3.1.2.2. Importância econômica

O maracujazeiro é uma denominação geral atribuída tanto ao fruto quanto à planta pertencentes a diferentes espécies do gênero *Passiflora*. Dentre elas, *Passiflora edulis* Sims destaca-se como a espécie de maior importância econômica, sendo amplamente cultivada em diversas regiões tropicais e subtropicais do mundo. Nesse contexto, o Brasil ocupa posição de destaque como maior produtor mundial de maracujá, favorecido pelas condições climáticas adequadas ao desenvolvimento da cultura (Junghans et al., 2017).

Em termos nacionais, no ano de 2024, o Brasil registrou 47.082 hectares de área colhida, com produção total de 736.585 toneladas e rendimento médio de 15,64 t ha⁻¹, evidenciando a relevância da cultura para a fruticultura brasileira (IBGE, 2024).

No contexto regional, a Região Nordeste configura-se como o principal polo produtor de maracujá do país, sendo responsável por 72,8% da produção nacional, com área colhida de 34.749 hectares e produção de 536.102 toneladas. As regiões Sudeste (10,5%), Sul (8,0%), Norte (6,8%) e Centro-Oeste (2,0%) apresentam participações menores, porém relevantes, refletindo a ampla distribuição geográfica da cultura no território brasileiro.

Dentre os estados produtores de maracujá no Brasil, a Bahia destaca-se como a principal produtora em 2024, respondendo por 35,9% da produção nacional, com 264.138 toneladas, consolidando sua liderança no cenário produtivo. Em seguida, o Ceará ocupa a segunda posição, com 160.709 toneladas, equivalente a 21,8% da produção brasileira, destacando-se pelo elevado rendimento médio de 24,18 t ha⁻¹. Na sequência, figuram Pernambuco, Santa Catarina e Minas Gerais, que também apresentam participação expressiva na produção nacional, evidenciando a concentração da cultura em estados estratégicos do país (Embrapa, 2024).

Apesar da expressiva produção nacional, a cultura do maracujazeiro ainda enfrenta desafios relacionados à produtividade, especialmente em função da escassez de genótipos adaptados às diferentes condições edafoclimáticas e da

suscetibilidade a doenças. Nesse contexto, o melhoramento genético assume papel fundamental para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptadas e resistentes, capazes de atender às demandas tanto do mercado *in natura* quanto da indústria, garantindo a sustentabilidade e competitividade da cadeia produtiva no país (Cavalcante, 2019).

3.1.2.3. Melhoramento Genético do maracujazeiro para resistência ao CABMV e Ensaio de Valor de Cultivo e Uso

O maracujazeiro apresenta ampla variabilidade genética, a qual sustenta seu elevado potencial produtivo e a qualidade de seus frutos. Essa diversidade não apenas favorece a seleção de plantas com características agrônomicas valorizadas pelo mercado consumidor, como também possibilita a identificação de genótipos resistentes ao vírus do endurecimento dos frutos (*Cowpea aphid-borne mosaic virus* – CABMV). No Brasil, os programas de melhoramento genético têm priorizado principalmente a produtividade e a qualidade dos frutos; contudo, a resistência a doenças também se tornou alvo central devido às condições de alta umidade e temperatura predominantes nas regiões produtoras, que favorecem a ocorrência de diversos patógenos. Entre as enfermidades de maior impacto destacam-se o endurecimento dos frutos, causado pelo CABMV, as doenças bacterianas, como as provocadas por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflora*, e a podridão do colo, associada a *Fusarium solani*, que comprometem folhas, ramos, sistema radicular e, em casos mais severos, levam à morte da planta (Fischer et al., 2005; Meletti et al., 2005; Kososki et al., 2008; Cunha, 2013).

Diante desse cenário, as hibridações interespecíficas tornaram-se uma ferramenta essencial no melhoramento genético do maracujá, sobretudo para a incorporação de genes de resistência. Espécies silvestres desempenham papel estratégico, pois concentram genes úteis que podem ser transferidos para variedades comerciais. Um exemplo notável é a utilização de *P. setacea*, espécie resistente ao CABMV, em cruzamentos interespecíficos com *P. edulis*, seguida de retrocruzamentos sucessivos. Essa estratégia visa recuperar as características agrônomicas desejáveis da espécie cultivada, preservando ao mesmo tempo o gene de resistência, de modo a obter plantas adaptadas ao mercado e tolerantes à doença (Preisigke, 2017).

No Brasil, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) tem se destacado como referência nesse processo. Desde 1998, o Programa de Melhoramento da instituição vem realizando coletas, avaliações e seleções recorrentes de genótipos de maracujá. Entre os principais avanços está o desenvolvimento de híbridos interespecíficos resistentes ao CABMV, obtidos a partir de cruzamentos entre *P. edulis* (cultivar suscetível) e *P. setacea* (espécie resistente), os quais foram avaliados quanto à resistência ao vírus e a características agrônômicas relevantes (Santos et al., 2014; Preisigke et al., 2020). Embora alguns híbridos tenham apresentado atributos indesejáveis, a continuidade dos retrocruzamentos possibilitou recuperar gradualmente o perfil da espécie comercial, preservando a resistência viral. Pesquisas mais recentes avaliaram populações segregantes de segunda e terceira geração (RC₂ e RC₃), buscando selecionar genótipos produtivos, resistentes e com características compatíveis às exigências do mercado (Vidal, 2021; Oliveira, 2023).

Como resultado desse esforço, a UENF desenvolveu a cultivar UENF Rio Dourado, oriunda de ciclos de seleção recorrente voltados para produtividade e qualidade de frutos. Após três ciclos de seleção, a cultivar foi submetida a ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), que confirmaram sua superioridade agrônômica em relação a variedades comerciais, possibilitando seu registro oficial junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) (Viana et al., 2016). O VCU representa etapa obrigatória para inserção de novas cultivares no Registro Nacional de Cultivares (RNC), atestando sua distinção, homogeneidade, estabilidade e desempenho superior, além de garantir a proteção da cultivar junto ao Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) (Bertoldo et al., 2016).

Paralelamente, os avanços metodológicos também têm contribuído para o fortalecimento dos programas de melhoramento. O uso de modelos estatísticos como REML/BLUP mostrou-se eficiente na predição de ganhos genéticos em populações de maracujá-azedo, otimizando a seleção de famílias com maior potencial produtivo (Cavalcante et al., 2018). Além disso, a caracterização morfológica de germoplasmas cultivados e silvestres permanece como estratégia fundamental para ampliar o conhecimento sobre a diversidade genética da espécie, permitindo identificar genótipos superiores quanto a frutificação, resistência a doenças e qualidade de frutos, bem como assegurando a conservação dos

recursos genéticos vegetais (Ferreira et al., 1991; Cunha, 1998; Rabbani et al., 1998; Faleiro et al., 2005).

3.1.2.4 Modelagem mista no melhoramento genético de fruteiras

Entre as análises biométricas empregadas em programas de genética e melhoramento de plantas, destacam-se aquelas que permitem compreender a natureza da ação gênica envolvida no controle dos caracteres de interesse. Nesse contexto, a metodologia REML/BLUP tem sido amplamente utilizada, por possibilitar a seleção de genótipos superiores com elevada precisão. Esse procedimento combina a estimação dos componentes de variância por meio da máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood – REML) com a predição dos valores genotípicos utilizando a melhor predição linear não viciada (Best Linear Unbiased Prediction – BLUP), resultando em um processo seletivo mais eficiente e confiável (Resende, 2016).

Os modelos estatísticos mistos constituem a base dessa abordagem e são amplamente aplicados na análise de dados experimentais que envolvem, simultaneamente, fatores de efeito fixo além da média geral e fatores de efeito aleatório, para além do erro experimental. Essa metodologia possibilita a estimação dos efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios, conforme proposto por Henderson (1973). A aplicação de modelos mistos na avaliação genética tem despertado crescente interesse na comunidade científica, em virtude da elevada acurácia na seleção e do expressivo potencial de ganho genético que proporciona (Silva et al., 2017). Entre suas principais vantagens práticas destacam-se a possibilidade de comparação de indivíduos ou cultivares avaliados em diferentes ambientes e épocas, a correção simultânea dos efeitos ambientais e a eficiência na análise de conjuntos de dados desbalanceados.

No melhoramento do maracujazeiro, diversos estudos evidenciam a eficiência da metodologia REML/BLUP. Krause et al. (2020) estimaram parâmetros genéticos e predisseram valores genéticos de progênies de maracujazeiro azedo, permitindo um ranqueamento mais acurado dos genótipos após a correção dos efeitos ambientais. Os autores observaram ganhos genéticos preditos expressivos, especialmente para produtividade e número de frutos, confirmando a eficiência do método como ferramenta de apoio à seleção.

De forma semelhante, Mendes (2023) e Ferreira et al. (2016) estimaram componentes de variância e predizer ganhos genéticos por meio do procedimento REML/BLUP em famílias de irmãos completos de *Passiflora*. Mendes (2023) avaliou 90 famílias e obteve ganhos de até 132,75% na média de produção com a seleção baseada nos valores genéticos preditos (BLUPs). Por sua vez, Ferreira et al. (2016) aplicaram a metodologia em um programa de seleção recorrente de maracujá-amarelo, alcançando ganhos genéticos de até 27% para número de frutos e 59,26% para massa média de fruto.

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1 Material Genético

Foram utilizadas no presente estudo, 33 famílias de meios-irmãos (FMI), compostas por 12 plantas cada, além de duas testemunhas (*setacea*), totalizando 420 plantas. As FMI foram obtidas por meio de várias etapas, dentro do programa de melhoramento do maracujazeiro, visando resistência ao endurecimento dos frutos. 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 RC₁. Esta foi avaliada por (Preisigke, 2017). Os genótipos selecionados em RC₁ foram retrocruzados com *P. edulis*, dando origem a geração RC₂, a qual foi avaliada por Vidal (2021). Foram selecionados os melhores genótipos para o terceiro ciclo de retrocruzamento, gerando a geração RC₃, previamente avaliada por Coelho (2024). No presente trabalho, a recombinação das melhores plantas selecionadas, em esquemas de meios-irmãos, entre as famílias RC₃ foi avaliada com base em descritores morfoagronômicos.

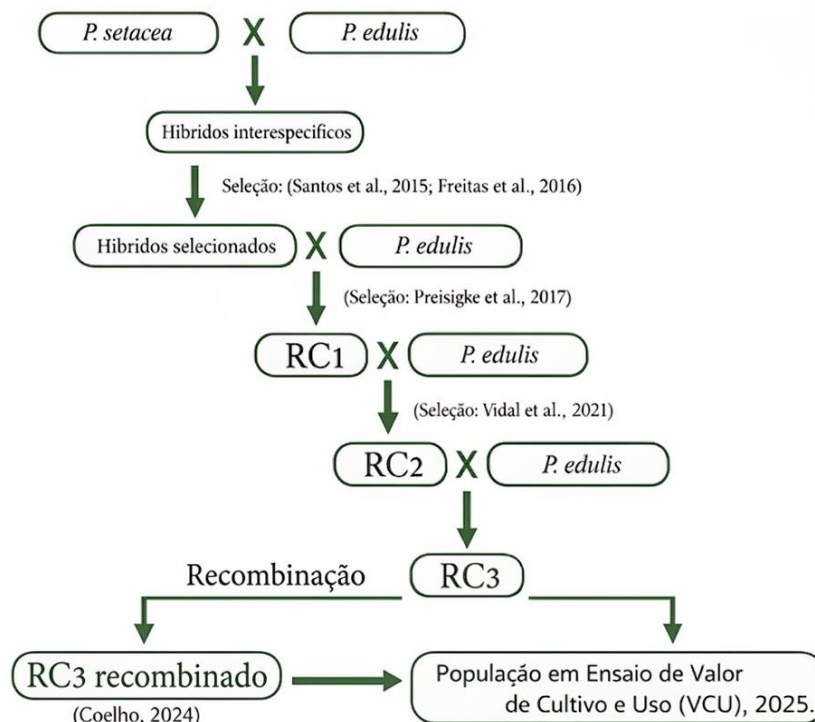


Figura 1: Organograma do Processo de obtenção dos melhores indivíduos recombinados da população RC₃ em esquema de meios-irmãos.

3.1.3.2 Local e condução do experimento

O experimento foi conduzido na área experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes (Figura 2), Região Norte do estado do Rio de Janeiro, situada a 21°45' de latitude sul, 41°20' de longitude oeste e 11 m de altitude. O clima da região é classificado como tropical sub úmido seco, com temperatura média anual variando entre 22 e 25°C e precipitação média anual entre 1.200 e 1.300 mm. O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, composto por 33 famílias de meios-irmãos de maracujazeiro provenientes do ciclo (RC₃) e duas testemunhas *setacea*. Para a condução das plantas, utilizou-se o sistema de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m de altura, espaçados a 4 m, e um fio de arame número 12 disposto a 1,80 m do solo (Figura 2).

A distância entre as linhas de plantio foi de 2,0 m. Empregou-se irrigação localizada por gotejamento suspenso, visando facilitar os tratos culturais, como a capina. A calagem e as adubações de plantio e de cobertura foram realizadas com base na análise de solo, seguindo as recomendações de Borges et al. (2010). Os

tratos culturais foram conduzidos conforme as recomendações técnicas para a cultura do maracujazeiro (Costa et al., 2008).



Figura 2. Plantio do experimento na área experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do estado do Rio de Janeiro, setembro de 2024.

3.1.3.3 Avaliação de resistência ao CABMV

As avaliações dos sintomas da virose foram realizadas quinzenalmente durante um ano, após a ocorrência natural dos primeiros sintomas da doença na

área experimental. A área apresenta histórico da virose, portanto os genótipos não foram inoculados artificialmente. A incidência da doença nos genótipos foi determinada considerando a porcentagem de plantas que apresentaram sintomas característicos da virose. As avaliações dos sintomas foram realizadas visualmente em folhas jovens, especificamente na terceira folha a partir da mais jovem nos ramos novos, bem como pela observação da distribuição dos sintomas da virose em toda a área ocupada pela planta (Figura 3).



Figura 3. Sintomas de virose no maracujazeiro: A) escala de nota na folha jovem variando de 1 para plantas sem sintomas a 4 sintomas mais severo; B) escala de nota nos frutos variando de 1 fruto sem sintomas a 4 sintomas mais severos; C) escala de nota na área total ocupada pela planta variando de 1 plantas sem sintomas a 4 sintomas mais severo (Preisigke, 2017).

Para a quantificação dos sintomas foi utilizada uma escala de notas, com modificações, proposta por Novaes e Rezende (1999) e posteriormente modificada por Oliveira et al. (2013) e Preisigke (2017) (Tabela 1).

Após obtidas as informações foi estimada a área abaixo da curva de progresso da doença para escala de notas obtidas para folhas jovens e para área total da planta, pelo seguinte estimador:

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

Em que: Y_i = proporção da doença na i -ésima observação; T_i = tempo em dias da i -ésima observação; n = número de observações (Campbell e Madden, 1990). Após estimadas, foram obtidas uma média com as AACPDs (AACPDM). Com as observações de severidade nos frutos foi obtida a nota máxima e as médias das notas em plantas individuais.

Tabela 1. Escala de notas utilizada para avaliação de sintomas do vírus do endurecimento dos frutos nas folhas e plantas de maracujazeiro, com adaptações de Novaes e Rezende (1999) e Oliveira et al. (2013).

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

3.1.3.4 Avaliações Agronômicas

As avaliações foram iniciadas no primeiro ano de produção, considerando os genótipos pertencentes às 33 famílias de meios-irmãos, além de duas testemunhas do tipo *setacea*. Para a análise estatística, foram utilizadas apenas 33 famílias, totalizando 327 plantas avaliadas, uma vez que o *setacea* não apresenta características agronômicas de interesse produtivo, sendo considerado apenas quanto à resistência.

As colheitas dos frutos foram realizadas semanalmente, coletando tanto os frutos caídos no chão quanto os aderidos à planta, quando estavam no estágio “verde-amarelo” (CEAGESP, 2001). Os frutos de cada genótipo foram identificados e acondicionados em caixas plásticas e transportadas para o Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) da UENF, para avaliação das características estudadas. Foram colhidos todos os frutos produzidos e, posteriormente, separados cinco frutos de cada planta para a realização das avaliações. Os genótipos foram avaliados quanto ao desempenho agrônomo por meio das seguintes características:

- Número de frutos por planta (NF): número total de frutos contabilizado para cada genótipo durante o período de avaliação;

- Produção total por planta (PROD): todos os frutos maduros coletados ao longo do período de avaliação foram pesados em balança digital semianalítica, e a massa, expressa em gramas por planta (g planta^{-1});
- Comprimento médio dos frutos (CF): será obtido a partir do comprimento longitudinal de 5 frutos, com auxílio de um paquímetro digital. Os resultados foram expressos em milímetros (mm);
- Diâmetro médio dos frutos (DF): será obtido pela quantificação do comprimento transversal de 5 frutos, com auxílio de um paquímetro digital. Os resultados foram expressos em mm;
- Massa média de frutos (MMF): determinada pela média aritmética de cada genótipo. Os frutos foram pesados individualmente em balança digital semianalítica, e a massa, expressa em gramas;
- Massa média da polpa (MP): determinada pela média aritmética dos frutos de cada genótipo, obtido por pesagem da polpa (sementes com arilo), com o auxílio de balança semianalítica, e a massa, expressa em gramas;
- Espessura média da casca (EC): determinada com a utilização de paquímetro digital, expressa em mm;
- Teor de sólidos solúveis (TSS): a determinação dos sólidos solúveis foi feita por refratometria, utilizando-se um refratômetro digital, com leitura na faixa de 0 a 32 °Brix. Uma alíquota de polpa dos frutos foi separada para a análise dos teores de sólidos solúveis. O resultado foi expresso em °Brix;
- Rendimento de polpa (RP): Foi obtido a partir da relação entre a massa da polpa bruta (sementes com arilo) e massa total dos frutos multiplicada por 100, expressa em porcentagem (%).

3.1.3.5 Análises estatísticas

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

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

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

Em que, $\ln(L)$ = ponto máximo da função de logaritmo de máxima verossimilhança restrita (REML); y = vetor da variável analisada; m = vetor dos

efeitos das observações, assumido fixo; X = matriz de incidência dos efeitos fixos; e V = matriz de variância-covariância de y .

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

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

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

As características agrônômicas e o caráter resistência à doença AACPDm foram analisados via Modelos Mistos considerando o modelo indicado por Resende (2002). Para estimativa dos componentes de variâncias via REML e para predição de ganhos com a seleção via BLUP (Resende, 2002; 2007). As análises foram realizadas utilizando o programa Selegen REML/BLUP (Resende, 2016). A análise seguiu o modelo estatístico 1, no qual:

$$y = Xr + Za + Wp + e$$

Nesse modelo, y representa o vetor de dados; r o vetor dos efeitos de repetição (considerados fixos) somados à média geral; a o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); p o vetor dos efeitos de parcela; e e o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As matrizes de incidência para esses efeitos foram representadas por X , Z e W .

As soluções para as equações de modelos mistos foram obtidas por métodos iterativos de resolução de sistemas de equações lineares. Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmos EM (Expectation-Maximization).

V_a : variância genética aditiva;

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas;

V_e : variância residual (ambiental + não aditiva);

$V_f = V_a + V_{parc} + V_e$: variância fenotípica individual;

h^2_a : V_a/V_f : herdabilidade individual no sentido restrito;

h^2_{aj} : $V_a/(V_a+V_e)$ herdabilidade no sentido restrito ajustada para o efeito de parcela;

$C^2_{parc} = V_{parc}/V_f$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

$h^2_{mp} = (0,25 V_a) / [0,25 V_a + V_{parc}/3 + (0,75 V_a + V_e)/12]$: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa, em que 3 é o número de

repetições, e 12 é o número de repetições multiplicado pelo número de plantas por parcela (4);

$Acprog$ = raiz quadrada de h^2mp : acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa;

h^2ad = $(0,75 Va) / (0,75 Va + Ve)$: herdabilidade aditiva dentro de parcela;

$Cv_{gi}\%$ = $[(Va) 1/2 / Média Geral] \cdot 100$: coeficiente de variação genética aditiva individual;

$CV_{gp}\%$: $[(Va/4) 1/2 / Média Geral] \cdot 100$: coeficiente de variação genotípica entre as progênes;

$Cve\%$ = $\{[(0,75 Va + Ve)/3 + V_{parc}] 1/2 / Média Geral\} \cdot 100$: coeficiente de variação experimental;

CV_r = CV_{gp} / Cve = coeficiente de variação relativa;

PEV = $(1 - Acprog^2) Va/4$: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa;

SEP = raiz quadrada da PEV : desvio-padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa.

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1.4.1 Componentes de variância e parâmetros genéticos

A Tabela 2 reúne os resultados da análise de deviance. Com base no teste da razão de verossimilhança (LRT), considerando os níveis de significância de 5% e 1%, verificou-se que os valores de deviance indicaram diferença significativa pelo teste do qui-quadrado a 5% de probabilidade. Observou-se efeito significativo de genótipo para a maioria das características avaliadas (Tabela 2), evidenciando a existência de variabilidade genética entre os genótipos estudados. Para as variáveis ACPDF, ACPDP e MF, o efeito genotípico foi altamente significativo a 1%, indicando que existe diferença genética entre os genótipos.

Tabela 2. Análise de deviance para doze características de produção, qualidade e resistência de fruto da população RC₃ de maracujá. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2026.

Efeito	ACPDF		ACPD		MF		MP		RP		CF	
			Devianc		Devianc		Devianc		Devianc		Devianc	
	Deviance	LRT (X ²)	e	LRT (X ²)	e	LRT (X ²)	e	LRT (X ²)	e	LRT (X ²)	e	LRT (X ²)
Genótipo	3405,61	10,84**	3275,96	10,95**	2621,18	11,37**	2188,96	5,06*	1446,57	3,03	1615,58	44,64**
Parcela	3432,22	37,44**	3270,41	5,39*	2609,85	0,04	2183,94	0,04	1445,27	1,73	1571,01	0,07
Modelo	3394,77		3265,01		2609,81		2183,9		1443,54		1570,94	

Efeito	DF		PROD		EC		TSS		PMF		NF	
			Devianc		Devianc		Devianc		Devianc		Devianc	
	Deviance	LRT (X ²)	e	LRT (X ²)	e	LRT (X ²)	e	LRT (X ²)	e	LRT (X ²)	e	LRT (X ²)
Genótipo	1452,2	16,55**	5853,45	0,66	631,12	5,14*	572,14	14,53*	2417,5	22,85**	2583,28	0,40
Parcela	1435,68	0,03	5853,09	0,30	626	0,02	560,12	2,51	2395,54	0,89	2583,1	0,22
Modelo	1435,65		5852,79		625,98		557,61		2394,65		2582,88	

* e ** significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade pelo teste qui-quadrado, respectivamente. LRT(X²): teste de razão de verossimilhança. TSS= teor de sólidos solúveis; NF= número de frutos; PROD= produção; PMF= peso médio do fruto; ACPDF= área abaixo da curva do progresso da doença folha; ACPDP= área abaixo da curva do progresso da doença planta MF= massa de fruto; MP= massa da polpa; RP= rendimento da polpa; CF= Comprimento do fruto; DF= Diâmetro do fruto; EC= espessura da casca.

Para MP, o efeito de genótipo foi significativo a 5%, enquanto para RP não foi detectada significância, sugerindo menor diferenciação genética entre os genótipos para essa variável. Destaca-se ainda a variável CF, que apresentou elevado valor de LRT, indicando forte influência do genótipo.

Quanto ao efeito de parcela, verificou-se significância apenas para as variáveis ACPDF e ACPDP, sugerindo que fatores ambientais ou variações dentro do experimento influenciaram essas características específicas. Para as demais variáveis avaliadas nesse grupo, o efeito de parcela não foi significativo, indicando adequada homogeneidade experimental.

Em relação às características produtivas e de qualidade dos frutos, constatou-se efeito significativo de genótipo para produtividade (PROD), teor de sólidos solúveis (TSS), peso médio de frutos (PMF) e número de frutos (NF), evidenciando a presença de variabilidade genética passível de exploração em programas de melhoramento. Para a variável EC, o efeito genotípico não foi significativo, indicando resposta semelhante entre os genótipos avaliados.

De modo geral, a análise de deviance (Tabela 2) demonstra que o genótipo exerce influência determinante sobre a maioria das características avaliadas, especialmente aquelas relacionadas à produtividade e qualidade dos frutos, evidenciando o potencial dos genótipos estudados para seleção e avanço em programas de melhoramento genético.

A variância fenotípica variou de 2,27 a 24857821,66 (Tabela 3), mostrando que cada característica reage de maneira específica aos efeitos ambientais. As características que tiveram maiores resultados de variância fenotípica foi produção, ACPDF área abaixo da curva do progresso da doença da folha e massa do fruto (24857821,66, 25599,37, 1179,40), respectivamente.

Os valores estimados da variância genética aditiva apresentaram ampla variação, oscilando entre 0,84 e 2.897.739,75. As maiores estimativas foram observadas para as características PROD, ACPDF, ACPDP, PMF e MF (2897739,75; 1655495; 7231,94; 707,74 e 674,43, respectivamente), indicando elevada variabilidade genética da população para esses caracteres. Esse resultado é relevante, uma vez que o conhecimento da variância genotípica é fundamental em programas de melhoramento, por refletir a amplitude da variação genética de um caráter e, conseqüentemente, seu potencial de resposta à seleção (Cruz e Carneiro, 2006).

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos recombinados RC₃: variância genotípica (σ^2_g), variância fenotípica (σ^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 doze características do maracujazeiro. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2026.

Parâmetro	MF (g)	MP(g)	RP (%)	CF (mm)	DF (mm)	EC (mm)
σ_a^2	674,43	104,60	10,07	97,43	24,10	0,84
σ_{parc}^2	11,96	3,60	2,54	0,61	0,30	0,03
σ_e^2	493,01	198,02	19,00	36,65	8,05	1,63
σ_f^2	1179,40	306,22	31,60	134,68	32,46	2,50
h_a^2	0,5718 ± 0,2366	0,3416 ± 0,1828	0,3187 ± 0,1766	0,7234 ± 0,3941	0,7425 ± 0,2696	0,3377 ± 0,1818
h_{aj}^2	0,6	0,3	0,3	0,7	0,7	0,3
c_{parc}^2	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0
h_{mp}^2	0,7	0,5	0,5	0,8	0,7	0,5
Acprog	0,8	0,7	0,7	0,9	0,9	0,7
h_{ad}^2	0,5	0,3	0,3	0,7	0,7	0,3
CVgi%	14,7	13,2	7,2	11,8	6,6	12,4
CVgp%	7,3	6,6	3,6	5,9	3,3	6,2
CVe%	9,1	11,0	6,9	3,7	3,5	10,4
CVr	0,8	0,6	0,5	1,6	0,9	0,6
PEV	57,5	12,6	1,4	2,9	1,7	0,1
SEP	7,6	3,5	1,2	1,7	1,3	0,3
Média	176,88	77,59	43,92	83,89	74,00	7,39

MF= massa de fruto; MP= massa da polpa; RP= rendimento da polpa; CF= Comprimento do fruto; DF= Diâmetro do fruto; EC= espessura da casca.

Tabela 3. Cont...

Parâmetro	TSS (°Brix)	NF	PROD (g planta ⁻¹)	PMF (g)	ACPDF	ACPDP
σ_a^2	1,94	89,87	2897739,75	707,74	16554,95	7231,94
σ_{parc}^2	0,17	29,68	807373,67	30,06	4918,25	1154,82
σ_e^2	0,15	906,95	21152708,23	48,07	4126,18	1239,95
σ_f^2	2,27	1026,50	24857821,66	785,88	25599,37	9626,72
h_a^2	0,8581 ± 0,2898	0,0875 ± 0,0926	0,1166 ± 0,1068	0,9006 ± 0,3174	0,6467 ± 0,3056	0,7512 ± 0,2711
h_{aj}^2	0,9	0,1	0,1	0,9	0,8	0,9
c_{parc}^2	0,1	0,0	0,0	0,0	0,2	0,1
h_{mp}^2	0,7	0,2	0,2	0,8	0,6	0,7
Acprog	0,8	0,4	0,5	0,9	0,8	0,8
h_{ad}^2	0,9	0,1	0,1	0,9	0,8	0,8
CVgi%	10,5	14,5	16,7	16,9	20,3	14,3
CVgp%	5,3	7,2	8,3	8,4	10,2	7,1
CVe%	5,7	25,2	25,2	7,8	13,2	8,9
CVr	0,9	0,3	0,3	1,1	0,8	0,8
PEV	0,1	18,0	545771,1	39,1	1490,9	618,6
SEP	0,4	4,2	738,8	6,3	38,6	24,9
Média	13,23	65,57	10214,80	157,62	632,76	595,67

TSS= teor de sólidos solúveis; NF= número de frutos; PROD= produção; PMF= peso médio do fruto; ACPDF= área abaixo da curva do progresso da doença folha; ACPDP= área abaixo da curva do progresso da doença planta.

Por outro lado, estimativas mais baixas de variância genotípica foram obtidas para rendimento de polpa (RP), diâmetro do fruto (DF) e sólidos solúveis totais (TSS), cujos valores variaram de 1,94 a 24,10. No entanto, esses resultados não implicam necessariamente menores ganhos genéticos com a seleção, uma vez que características com baixa variância genotípica, podem apresentar elevadas estimativas de herdabilidade, como observado para TSS, desde que a influência ambiental seja reduzida.

As maiores estimativas de h^2_{mp} foram observadas para o comprimento do fruto (CF) e o peso médio do fruto (PMF), ambos com valor de 0,8, o que indica elevado potencial de ganho genético por meio da seleção desses caracteres. Adicionalmente, a massa do fruto (MF) e o diâmetro do fruto apresentaram valores de h^2_{mp} iguais a 0,7, reforçando a importância desses caracteres no processo seletivo. Resultados semelhantes foram reportados por Oliveira et al. (2008), que, ao avaliarem ganhos genéticos preditos por diferentes índices de seleção em famílias de meios-irmãos de maracujazeiro, observaram estimativas de herdabilidades da média de progênies (h^2_{mp}) variando de 0,11 a 0,57, com os maiores valores associados ao comprimento do fruto, número de frutos por planta e peso do fruto

A acurácia seletiva expressa o grau de confiabilidade das estimativas dos valores genotípicos, sendo definida como a correlação entre o valor genotípico verdadeiro e aquele predito a partir das informações obtidas nos experimentos de campo (Costa et al., 2008). Esse parâmetro constitui um dos principais indicadores da qualidade experimental e da eficiência do processo de seleção, uma vez que reflete a precisão com que os genótipos superiores são identificados.

Os valores de acurácia seletiva estimados foram elevados para a maioria das características avaliadas. Observou-se acurácia de 0,9 para o CF, DF e PMF. Para a MF, TSS, ACPDF e ACPDP, os valores de acurácia foram de 0,8, indicando alta confiabilidade na predição dos valores genotípicos. As características MP, RP e EC apresentaram acurácia de 0,7, enquanto número de frutos (NF) e produtividade (PROD) exibiram valores de 0,4 e 0,5, respectivamente, sugerindo menor precisão na seleção para esses caracteres. De acordo com a classificação de Resende e Duarte (2007), esta estatística varia de 0 a 1, sendo classificada como muito alta ($Ac \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq Ac < 0,90$), moderada ($0,50 \leq Ac < 0,70$) e baixa ($Ac < 0,50$)

A h^2_{mp} foi superior à herdabilidade individual no sentido restrito para a maioria das características avaliadas, com valores variando entre 0,2 e 0,8 (Tabela 3). Esse resultado indica que a variabilidade genética é mais expressiva entre famílias do que dentro das famílias, favorecendo a seleção baseada nas médias de progênes. Comportamento semelhante foi relatado em estudos com maracujazeiro, como o de Cavalcante (2019).

A maioria das características avaliadas apresentarem CVr próximo de 1, o que evidencia a possibilidade de ganhos genéticos consistentes com a seleção desses caracteres. O CVR expressa a relação entre a variabilidade genética e a ambiental, indicando a predominância do efeito genético sobre determinada característica. Valores de CVR > 1 apontam maior controle genético e favorecem a seleção, enquanto valores baixos indicam maior influência ambiental. Conforme destacado por Resende e Duarte (2007), valores de CVR superiores à unidade estão associados a elevados níveis de exatidão e precisão das estimativas.

3.1.4.2 Ganho genético

As características associadas à produtividade do maracujazeiro apresentaram ganhos genéticos expressivos (Tabela 4), com destaque para a produtividade média de 5,5%, evidenciando o bom desempenho da população avaliada. As novas médias estimadas para a área abaixo da curva do progresso da doença na folha (ACPDF) variaram de 407,32 a 472,63, enquanto para a área abaixo da curva do progresso da doença na planta (ACPDP) os valores oscilaram entre 648,86 e 731,19. Essa variação pode ser atribuída às diferenças nas condições ambientais ao longo do período experimental, uma vez que, nos primeiros seis meses, as avaliações ocorreram sob adequada disponibilidade hídrica, enquanto, no período subsequente, houve restrição de água na lavoura, o que possivelmente influenciou o progresso da doença.

Tabela 4. Seleção de genótipos de maracujazeiro para a recombinação, considerando seis características.

Gen/Fam	PROD		ACPDF*		ACPDP*		ACPDF		ACPDP		MF	
	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM
157/01	8,1	11447,78	6,3	394,69	10,5	458,96	19,9	766,84	11,6	666,41	10,9	199,74
377/01	8,3	12159,83	3,6	381,46	-0,3	414,29	-0,9	629,15	-0,5	593,70	2,3	180,16
362/02	3,0	10574,66	6,9	393,71	4,7	431,03	13,3	703,66	6,0	626,54	15,2	211,28
364/02	2,2	10420,05	3,6	417,58	17,5	485,18	12,7	700,07	6,3	627,78	7,4	190,05
277/03	6,0	11364,41	4,6	398,95	9,4	450,05	9,4	682,41	4,7	620,25	12,0	202,21
339/03	5,3	11046,84	4,2	419,74	27,1	544,65	32,9	895,14	22,5	758,36	8,0	191,61
335/04	3,2	10536,19	0,7	387,73	3,2	425,46	5,9	662,54	3,1	611,60	9,1	193,89
336/04	4,5	11071,18	0,1	392,22	8,2	444,09	14,5	715,61	7,3	636,40	8,3	191,88
235/05	7,1	11022,28	2,3	390,40	14,0	470,15	15,7	722,81	5,2	622,73	8,9	193,79
417/05	6,8	11346,32	0,8	389,39	15,1	475,23	19,3	755,53	6,5	632,00	6,7	188,62
237/06	10,2	11373,84	8,7	392,39	4,9	431,81	4,6	654,60	1,8	604,15	12,0	200,91
294/06	9,4	11403,85	7,6	412,59	26,1	541,62	29,3	837,99	12,5	671,06	16,2	214,40
405/07	3,5	10495,64	7,5	408,52	15,0	468,81	16,5	719,54	8,3	639,18	7,0	189,97
406/07	4,4	10749,06	7,1	389,06	5,2	431,42	11,3	688,22	4,6	617,84	7,7	191,51
029/08	7,9	11459,70	15,5	401,33	17,5	488,84	9,8	698,28	7,4	641,65	21,4	233,72
307/08	6,9	11528,48	1,6	401,65	5,8	435,31	10,2	685,33	7,4	635,37	19,0	224,45
035/09	7,4	11355,25	13,3	399,74	9,8	453,65	8,5	684,74	6,1	631,01	13,5	202,87
368/09	6,3	11066,26	0,2	382,39	1,4	418,95	5,7	659,50	1,0	600,27	15,5	210,09
040/10	9,5	11276,14	14,7	438,18	9,5	534,23	16,3	817,13	7,6	704,45	12,3	220,55
410/10	8,4	11771,37	3,1	402,62	19,5	494,39	17,3	738,17	8,3	641,29	12,8	201,54
041/11	7,3	12060,69	19,1	407,52	17,9	479,06	20,1	750,26	8,9	645,72	11,0	197,77
043/11	6,4	11153,14	19,3	398,31	9,8	446,86	8,0	673,72	3,6	613,71	16,8	215,53

* 1º ano de avaliação, Ganho (%).; NM: nova média; PROD= produção; MF= massa de fruto; ACPDF= área abaixo da curva do progresso da doença folha; ACPDP= área abaixo da curva do progresso da doença planta.

Tabela 4. Cont.

Gen/Fam	PROD		ACPDF*		ACPDP*		ACPDF		ACPDP		MF	
	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM
045/12	4,9	10692,33	22,9	390,07	13,2	464,89	11,3	694,71	1,6	603,50	19,4	223,27
317/12	4,4	10927,56	4,1	465,50	38,8	532,01	37,1	931,19	21,2	748,00	13,2	202,70
051/13	3,2	10501,70	13,4	420,29	17,1	481,05	19,5	743,60	9,9	651,04	8,2	191,33
388/13	2,6	10486,69	2,7	401,97	5,4	434,54	7,7	676,03	7,0	632,66	12,0	201,38
186/14	4,0	10678,95	1,9	386,84	7,7	440,63	7,5	667,86	0,7	598,64	9,7	195,56
297/14	4,3	10897,00	1,0	388,23	4,1	429,46	5,1	661,32	4,6	621,17	8,5	192,63
219/15	5,2	10716,57	3,9	385,93	4,4	429,87	14,9	721,51	8,8	646,11	6,7	188,29
220/15	5,4	10972,57	2,0	400,06	13,9	467,93	4,4	655,23	2,5	607,91	7,3	189,55
286/16	6,3	11241,55	4,1	396,75	7,8	444,88	4,6	658,29	4,6	620,55	11,3	198,92
288/16	6,4	11337,72	3,0	420,02	19,8	502,45	22,8	787,59	14,2	685,85	12,5	202,04
414/17	4,3	10752,77	4,6	389,56	9,7	450,86	9,7	689,39	4,3	618,74	16,0	208,78
416/17	4,3	10763,53	2,4	406,35	15,8	478,09	13,9	718,23	9,4	650,62	20,0	226,22
228/18	5,8	10835,16	10,7	409,56	13,5	469,26	8,8	683,57	6,9	634,01	18,2	218,04
329/18	5,7	10850,80	7,3	433,45	21,5	511,71	30,9	852,31	20,4	734,86	22,4	244,14
076/19	9,4	11514,21	9,7	420,58	20,0	497,18	26,3	797,43	11,5	665,91	9,6	195,24
374/19	8,6	11165,34	0,6	445,07	27,8	557,61	26,4	824,23	17,5	712,65	10,2	197,41
212/20	1,3	10344,17	5,8	396,90	11,8	458,13	8,4	677,18	4,9	620,86	5,0	185,48
323/20	1,2	10341,09	1,9	386,66	1,9	421,68	0,3	634,15	0,6	598,29	6,0	187,79
176/21	3,3	10682,26	4,6	424,85	17,9	492,11	15,0	722,16	10,4	656,84	14,4	208,01
345/21	2,7	10504,75	6,7	389,23	5,7	434,93	9,7	687,65	5,5	624,00	10,8	197,89
223/22	6,0	11255,04	13,2	404,34	13,2	466,20	13,7	712,39	8,8	644,20	7,1	189,89
371/22	5,7	11215,53	8,1	422,95	27,0	554,51	30,6	881,39	19,1	722,30	13,5	206,84

* 1º ano de avaliação, Ganho (%).; NM: nova média. PROD= produção; MF= massa de fruto; ACPDF= área abaixo da curva do progresso da doença folha; ACPDP= área abaixo da curva do progresso da doença planta.

Tabela 4. Cont.

Gen/Fam	PROD		ACPDF*		ACPDF*		ACPDF		ACPDF		MF	
	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM	Ganho	NM
089/23	6,8	11383,68	13,7	398,63	12,2	459,78	11,6	695,90	3,5	614,30	12,0	199,05
356/23	5,9	11012,81	0,9	399,26	13,0	462,73	15,9	723,46	4,4	618,14	14,0	205,41
165/24	2,9	10425,98	11,1	429,53	21,6	513,60	42,6	989,11	27,4	804,20	8,3	193,20
312/24	3,7	10668,97	3,2	391,56	3,2	424,63	-0,6	630,09	-0,1	595,38	5,8	186,90
097/25	6,5	11305,52	15,9	399,58	13,6	472,87	23,7	803,74	10,8	662,46	7,4	189,29
268/25	5,0	10642,91	5,0	387,21	2,9	425,05	3,6	651,50	2,6	608,54	15,2	210,97
104/26	9,6	11486,10	8,6	416,79	12,6	468,37	12,0	707,37	8,9	649,34	22,8	236,05
150/26	7,9	11436,14	6,0	402,30	10,4	453,25	13,3	706,75	7,7	638,13	16,7	211,59
273/27	0,6	10229,88	10,7	386,29	2,8	423,80	8,6	677,76	4,7	619,95	19,9	228,77
344/27	1,7	10368,75	-0,1	381,71	0,1	415,44	0,7	636,32	0,0	595,75	17,1	215,14
241/28	4,3	10617,04	7,0	410,62	15,1	480,05	8,3	680,68	5,4	625,60	15,2	209,28
358/28	4,8	11031,94	4,5	388,40	5,3	432,99	6,6	666,68	3,0	610,69	11,2	197,53
114/29	7,0	11091,76	14,7	387,39	6,8	438,37	12,4	702,46	1,5	602,84	20,3	227,76
389/29	5,6	10706,01	5,5	450,06	26,2	538,80	34,8	883,67	22,2	753,89	13,7	203,40
144/30	2,9	10600,72	10,2	409,35	20,9	506,75	16,5	742,81	7,2	634,69	13,8	206,42
301/30	1,8	10396,03	4,3	428,46	24,6	535,14	11,3	704,28	8,1	642,73	16,8	216,34
122/31	7,4	11542,90	7,9	383,03	4,7	430,25	5,9	660,11	-0,3	594,19	17,5	217,18
351/31	6,4	10808,13	0,3	413,03	28,3	552,43	19,6	756,43	4,0	617,55	9,7	194,40
169/32	4,9	10827,32	13,3	420,86	18,0	495,50	16,5	742,01	15,8	696,18	19,2	225,61
283/32	4,7	10943,67	8,3	427,47	24,6	530,58	28,8	850,39	18,5	716,08	12,4	200,17
131/33	6,7	11119,03	25,0	527,10	28,8	511,51	42,4	810,09	30,8	795,96	22,4	231,61
290/33	5,7	10960,00	18,7	459,40	29,8	577,95	36,9	957,82	26,4	787,77	20,7	226,92
Média	5,5	10984,33	7,3	407,32	13,6	472,63	15,2	731,79	8,4	648,86	12,9	205,01

* 1º ano de avaliação, Ganho (%).; NM: nova média. PROD= produção; MF= massa de fruto; ACPDF= área abaixo da curva do progresso da doença folha; ACPDP= área abaixo da curva do progresso da doença planta.

De modo geral, os resultados indicam desempenho agrônomico satisfatório, sobretudo para características produtivas e seus componentes associados. A produtividade apresentou ampla variação entre as famílias, com destaque para 237/06 (10,2), 040/10 (9,5), 104/26 (9,6), 294/06 (9,4) e 076/19 (9,4), as quais demonstram elevado potencial produtivo e desempenho consistente nas condições avaliadas. Adicionalmente, os valores observados para ACPDF e ACPDP evidenciaram diferenças importantes entre as famílias, destacando-se 131/33, 290/33, 165/24, 317/12, 339/03 e 294/06, indicando melhor comportamento em relação ao progresso da doença. Esses resultados reforçam a existência de variabilidade entre os materiais avaliados e permitem a identificação de genótipos com maior adaptação às condições experimentais.

No que se refere à identificação de materiais superiores para fins de recomendação, destacaram-se aqueles com desempenho consistente considerando o conjunto de características avaliadas. As famílias 294/06 e 104/26 reuniram alta produtividade associada a bom desempenho fitossanitário, enquanto a 339/03 se destacou pelos valores favoráveis relacionados à doença. A família 317/12 apresentou desempenho geral superior, e a 329/18 evidenciou bom equilíbrio entre produtividade e massa de frutos. Além disso, as famílias 131/33 e 290/33 se sobressaíram pelo desempenho consistente nos parâmetros analisados.

De maneira geral, os resultados evidenciam ampla variabilidade entre as famílias, com desempenho agrônomico que demonstra o potencial de adaptação dos materiais avaliados. Algumas famílias apresentaram desempenho superior consistente, justificando o seu uso no presente ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Assim, os materiais mais promissores configuram-se como potenciais candidatos à recomendação como cultivares, com possibilidade de uso pelos produtores das regiões Norte e Noroeste Fluminense.

Resultados semelhantes foram reportados por Coelho et al. (2025), que observaram ganhos genéticos para produtividade da ordem de 3,78%, mesmo sob herdabilidade de magnitude moderada. No presente estudo, os ganhos estimados foram superiores, com destaque para a produtividade (5,5%), além de desempenho consistente para massa de fruto e variáveis associadas à área abaixo da curva do progresso da doença (ACPDF e ACPDP), reforçando o potencial dos materiais avaliados para recomendação.

3.1.5 CONCLUSÕES

Os melhores indivíduos recombinados da população RC₃ de maracujazeiro apresentam elevada variabilidade genética para a maioria das características avaliadas, confirmada pela significância do efeito de genótipo, pelas estimativas de variância genotípica, herdabilidade e acurácia seletiva. Características como comprimento, diâmetro e peso médio do fruto, massa do fruto e as áreas abaixo da curva do progresso da doença (ACPDF e ACPDP) destacaram-se por apresentarem altas herdabilidades da média de progênies e acurácia seletiva elevada, indicando forte controle genético e alta confiabilidade na identificação de genótipos superiores.

Os ganhos genéticos estimados foram expressivos, especialmente para produtividade, massa do fruto e redução da severidade das doenças, evidenciando o avanço genético obtido na população avaliada. Apesar da influência ambiental observada em algumas características, particularmente na produtividade e no progresso das doenças, foi possível selecionar genótipos superiores com base em critérios agronômicos e fitossanitários. A recombinação desses indivíduos representa um passo estratégico para a obtenção de uma nova cultivar, demonstrando o elevado potencial da população recombinada RC₃.

3.2 DIVERSIDADE GENÉTICA DAS FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE MARACUJAZEIRO POR DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS VIA METODOLOGIA WARD-MLM

3.2.1 INTRODUÇÃO

O maracujá-azedo (*Passiflora edulis* Sims) é a espécie de maior relevância econômica do gênero *Passiflora* L., em função do elevado valor comercial de seus frutos e de sua ampla utilização nas indústrias alimentícia, farmacêutica e cosmética (Lisboa et al., 2024). Ao longo dos anos, a cultura tem sido alvo de intensos programas de melhoramento genético, os quais visam, sobretudo, o aumento da produtividade, da qualidade dos frutos e da adaptação a diferentes condições edafoclimáticas. Por se tratar de uma espécie alógama e autoincompatível, os pomares de maracujazeiro apresentam elevada heterogeneidade genética, característica essencial para a manutenção da polinização cruzada e para a obtenção de elevados níveis produtivos (Araponga et al., 2025).

Apesar de sua ampla aceitação por pequenos produtores rurais, em razão da possibilidade de cultivo em áreas relativamente reduzidas e do rápido retorno econômico (Lima, 2001), a cultura do maracujazeiro enfrenta sérias limitações fitossanitárias. Entre os principais entraves à produção, destaca-se a elevada incidência de doenças, que comprometem tanto a produtividade quanto a qualidade dos frutos. Nesse contexto, a virose do endurecimento dos frutos, causada pelo

Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV), configura-se como uma das principais doenças da cultura, sendo considerada um fator altamente limitante em todas as regiões produtoras de maracujá-azedo (Nascimento et al., 2006).

A base genética estreita das cultivares comerciais de *P. edulis* tem restringido a obtenção de genótipos com níveis satisfatórios de resistência ao CABMV, limitando os avanços do melhoramento genético por meio da seleção intrapopulacional (Grisi et al., 2019). Diante desse cenário, o uso de populações derivadas de cruzamentos interespecíficos, seguidas de retrocruzamentos sucessivos, constitui uma estratégia promissora para a ampliação da variabilidade genética e para a introgressão de genes de interesse agrônomo. A população RC₃, resultante desses ciclos de retrocruzamento, representa uma etapa avançada do programa de melhoramento e reúne genótipos com potencial agrônomo e variabilidade suficiente para seleção.

A caracterização e a avaliação da diversidade genética em populações segregantes, como a RC₃, são etapas fundamentais no melhoramento genético do maracujazeiro, pois permitem a identificação de genótipos superiores e a definição de estratégias eficientes de seleção e avanço de gerações. A utilização de descritores morfoagronômicos, especialmente aqueles relacionados às características de flor, fruto e folha, constitui uma abordagem amplamente empregada, por envolver caracteres de fácil mensuração, elevada herdabilidade e, em muitos casos, menor influência ambiental (Primot et al., 2005; Paiva et al., 2014).

Nesse contexto, a análise da diversidade genética por meio de métodos multivariados tem se mostrado uma ferramenta eficiente para a discriminação de genótipos e para o agrupamento de indivíduos geneticamente similares. Entre essas metodologias, o procedimento Ward-MLM (*Modified Location Model*), que integra variáveis quantitativas e qualitativas em uma única análise, destaca-se por sua capacidade de capturar de forma mais abrangente a variabilidade genética existente nas populações avaliadas. Assim, o presente capítulo teve como objetivo avaliar a diversidade genética dos melhores indivíduos recombinados em esquema de meios-irmãos da população recombinada RC₃ de *Passiflora edulis*, com base em descritores quantitativos e qualitativos, utilizando a abordagem Ward-MLM.

3.2.2. REVISÃO

3.2.2.1 Estudo de Diversidade Genética em Populações

A escolha criteriosa dos genitores constitui um fator determinante para o sucesso de programas de melhoramento baseados em hibridações, sendo fundamental que os parentais apresentem desempenho agrônomico satisfatório aliado a ampla variabilidade genética. A utilização de genótipos geneticamente semelhantes pode limitar a ampliação da variabilidade disponível, comprometendo os ganhos genéticos obtidos com a seleção ao longo das gerações (Scapim et al., 1999; Nascimento Filho et al., 2001). Nesse sentido, os estudos de divergência genética assumem papel central, uma vez que fornecem subsídios para a identificação de genitores contrastantes, os quais, quando cruzados, aumentam a probabilidade de expressão de heterose na progênie e favorecem a recuperação de genótipos superiores nas gerações segregantes. Além disso, tais estudos contribuem para o entendimento da base genética das populações avaliadas (Pandey e Dobhal, 1997; Ferrão et al., 2002; Carvalho et al., 2003).

Para que um programa de melhoramento seja conduzido de forma eficiente, a caracterização inicial do germoplasma representa uma etapa indispensável, pois possibilita a obtenção de informações detalhadas sobre os genótipos em avaliação. Nesse contexto, a fenotipagem destaca-se como uma das abordagens mais amplamente empregadas, por se tratar de uma metodologia acessível, prática e eficaz na caracterização morfológica, permitindo o uso mais racional e estratégico dos recursos genéticos disponíveis aos melhoristas (Cruz e Carneiro, 2006).

A utilização de descritores morfoagronômicos possibilita a discriminação de genótipos com base em diferentes características, as quais podem apresentar distintos níveis de variabilidade genética. A eficiência desse processo é ampliada quando a avaliação dessas variáveis é acompanhada do estudo das associações entre caracteres, etapa fundamental que antecede a seleção de genótipos superiores. Considerando que determinados caracteres apresentam maior complexidade ou dificuldade operacional de mensuração durante a fenotipagem, a análise dessas relações viabiliza a adoção da seleção indireta como estratégia para otimizar o processo de melhoramento (Cruz et al., 2012).

Nesse contexto, Oliveira et al. (2017), ao avaliarem 15 acessos de *Passiflora* spp. com base em 14 descritores morfológicos quantitativos de flores e frutos, constataram variabilidade significativa entre os genótipos, sendo as diferenças fenotípicas confirmadas por análises de agrupamento. Esses resultados reforçam que descritores morfoagronômicos quantitativos e qualitativos, especialmente aqueles associados a flores e frutos, são eficazes para quantificar e comparar a diversidade fenotípica em maracujazeiro.

3.2.2.2 Metodologia Ward-MLM

Entre as metodologias multivariadas disponíveis para a análise da diversidade genética, destaca-se o método Ward-MLM (*Modified Location Model*), proposto por Franco et al. (1998). Essa abordagem permite a avaliação conjunta de características quantitativas e qualitativas, possibilitando um melhor aproveitamento das informações disponíveis no germoplasma. Além disso, a técnica viabiliza a definição do número ótimo de grupos e a estimativa precisa da probabilidade de cada acesso ser alocado em determinado agrupamento, conferindo maior confiabilidade aos resultados obtidos (Gonçalves et al., 2009).

O método de Ward fundamenta-se na minimização da variância dentro dos grupos e na maximização da variância entre grupos, promovendo uma separação mais eficiente das similaridades e divergências entre os acessos avaliados. Essa característica torna a metodologia particularmente eficaz na identificação de diferenças genéticas expressivas, as quais podem ser exploradas em programas de melhoramento visando ao desenvolvimento de novas variedades (Paiva et al., 2014).

A associação do procedimento de agrupamento hierárquico de Ward ao *Modified Location Model* resulta na metodologia Ward-MLM, amplamente utilizada em estudos de melhoramento genético do maracujazeiro. Essa estratégia estatística possibilita uma avaliação eficiente da variabilidade genética existente entre acessos, populações ou progênies, permitindo a formação de grupos geneticamente distintos e consistentes. Dessa forma, contribui para a seleção de genótipos promissores, reduz o risco de homogeneização genética e favorece a manutenção da diversidade dentro das cultivares. Além disso, a aplicação do método Ward-MLM auxilia na seleção mais criteriosa de genitores para

cruzamentos dirigidos, aumentando a probabilidade de obtenção de novas cultivares com características agronômicas superiores, como maior resistência a doenças, melhor qualidade de frutos e maior produtividade. Esses aspectos reforçam a relevância da metodologia como ferramenta de apoio à tomada de decisão em programas de melhoramento do maracujazeiro (Viana et al., 2013; Paiva et al., 2014; Silva et al., 2014; Cortes et al., 2017; Fachi et al., 2019).

3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1 Material genético e condições de cultivo

A população avaliada é composta por famílias de meios-irmãos recombinadas, oriundas do terceiro ciclo de retrocruzamento (RC₃). Para as análises estatísticas, utilizou-se a média das famílias, sendo consideradas, ao todo, 35 famílias do Programa de Melhoramento genético do maracujazeiro, conduzido com o objetivo de incorporar resistência ao endurecimento dos frutos em *Passiflora edulis*. O processo teve início com a obtenção de híbridos interespecíficos provenientes do cruzamento entre *P. edulis* e *P. setacea*, os quais foram inicialmente avaliados por Santos (2014). As plantas com desempenho superior quanto à resistência foram selecionadas e retrocruzadas com *P. edulis*, originando a geração RC₁, posteriormente avaliada por Preisigke (2017).

Os genótipos superiores da geração RC₁ foram novamente retrocruzados com *P. edulis*, resultando na geração RC₂, avaliada por Vidal (2021). A partir dessa geração, foram selecionados os melhores indivíduos para a realização do terceiro ciclo de retrocruzamento, culminando na formação da população RC₃, previamente caracterizada por Coelho (2024). No presente estudo, foi realizada a recombinação das plantas superiores da geração RC₃, em esquema de famílias de meios-irmãos, visando ampliar a variabilidade genética e permitir a avaliação da diversidade genética da população.

O experimento foi conduzido na área experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, localizada no município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do estado do Rio de Janeiro, situada a 21°45' de latitude sul, 41°20' de longitude

oeste e altitude de 11 m. O clima da região é classificado como tropical subúmido seco, com temperatura média anual entre 22 e 25 °C e precipitação média anual variando de 1.200 a 1.300 mm.

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, constituído por 33 famílias de meios-irmãos da população RC₃. As plantas foram conduzidas em sistema de espaldeira vertical, utilizando-se mourões com 2,5 m de altura, espaçados a cada 4 m, e fio de arame nº 12 disposto a 1,80 m do solo. O espaçamento entre linhas foi de 3,0 m. A irrigação foi realizada por sistema de gotejamento suspenso, de modo a facilitar os tratos culturais.

A calagem, bem como as adubações de plantio e de cobertura foram realizadas com base na análise química do solo, seguindo as recomendações técnicas para a cultura do maracujazeiro propostas por Borges et al. (2010). Os demais tratos culturais foram conduzidos conforme as recomendações agronômicas descritas por Costa et al. (2008), garantindo condições adequadas para o desenvolvimento das plantas e expressão dos caracteres avaliados.

3.2.3.2 Características avaliadas

A diversidade genética da população recombinada RC₃ foi estimada com base em descritores morfoagronômicos e produtivos (Quadro 1), contemplando caracteres qualitativos e quantitativos relacionados ao desenvolvimento vegetativo, características dos frutos, produção e sanidade das plantas. A escolha desses descritores fundamentou-se na facilidade de avaliação em campo, elevada herdabilidade e relevância agronômica para programas de melhoramento do maracujazeiro.

As avaliações foram realizadas ao longo do ciclo produtivo, seguindo metodologias padronizadas e critérios previamente estabelecidos para a cultura. A relação completa das características avaliadas, bem como suas respectivas descrições e critérios de mensuração, encontra-se apresentada em anexo, sendo utilizada como base para as análises multivariadas aplicadas na quantificação da diversidade genética da população recombinada RC₃.

Quadro 1. Descritores qualitativos e quantitativos de *Passiflora* avaliados na população recombinada RC₃.

Nº	Natureza	Descritor	Órgão
1	Qualitativo	Coloração predominante do ramo	Ramo
2	Quantitativo	Comprimento do limbo foliar	Folha
3	Quantitativo	Largura máxima da folha	Folha
4	Quantitativo	Profundidade predominante dos sinus	Folha
5	Quantitativo	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	Quantitativo	Coloração da casca	Fruto
27	Quantitativo	Espessura da casca	Fruto
28	Quantitativo	Coloração da polpa	Fruto
29	Quantitativo	Teor de sólidos solúveis totais	Fruto
30	Quantitativo	Rendimento de polpa	Fruto

3.2.3.3 Diversidade genética

As características foram analisadas utilizando o procedimento Ward-MLM para a composição dos grupos de genótipos, por meio do procedimento CLUSTER e IML do programa SAS (SAS Institute, 2000). Para o uso do método de agrupamento Ward, a matriz de distância foi obtida pelo algoritmo de Gower (Gower, 1971). A definição do número ideal de grupos foi realizada de acordo com os critérios do pseudo-F e pseudo-t², combinados com o perfil da verossimilhança associado ao teste da razão da verossimilhança (SAS Institute, 2000). O índice de dissimilaridade Gower foi utilizado, e esse índice utilizou dados qualitativos e quantitativos para gerar um único índice de dissimilaridade, variando de 0 a 1. A dissimilaridade foi dada por:

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

Onde i e j representam os indivíduos comparados em relação à característica k ; p representa o número total de características, e S_{ij} representa a contribuição da característica k para a distância total. Se uma característica fosse qualitativa, S_{ijk} assumia o valor 1 quando a concordância era positiva ou negativa para a característica k entre os indivíduos i e j ; por outro lado, quando a característica era quantitativa:

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

Onde R_k representa a amplitude de variação da característica k , com valores entre 0 e 1. O valor de W_{ijk} foi usado para definir as contribuições dos indivíduos para S_{ijk} . Assim, quando o valor da característica k estava ausente em um ou ambos os indivíduos, $W_{ijk} = 0$ ou, de outra forma, é igual a 1. As análises foram realizadas nos softwares SAS e R.

3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Figura 1 apresenta a resposta da função logarítmica da verossimilhança em função do número de grupos formados pelo método Ward-MLM. Observa-se um aumento acentuado da log-verossimilhança até a formação de dois grupos, indicando ganho significativo de informação na primeira partição dos genótipos. A partir desse ponto, os incrementos observados entre três e oito grupos são pequenos e graduais, evidenciando a estabilização do modelo.

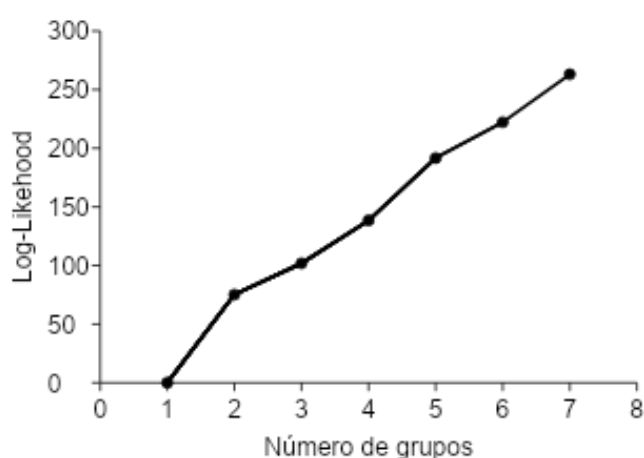


Figura 1. Gráfico da função logarítmica da probabilidade (Log-likelihood) em relação ao número de grupos formado pela estratégia Ward MLM, em 35 genótipos de maracujá.

Esse comportamento indica que a divisão dos 35 genótipos em dois grupos é a mais adequada, uma vez que explica de forma eficiente a variabilidade genética existente na população avaliada. Assim, a estrutura populacional foi definida em dois grupos geneticamente distintos, evidenciando a presença de divergência genética entre os genótipos. Resultados semelhantes são descritos na literatura. Santos (2013), ao avaliar 138 genótipos de *Passiflora* utilizando a estratégia Ward-MLM com descritores morfoagronômicos, observou a formação de três grupos homogêneos, agrupados de acordo com suas similaridades genéticas. De forma semelhante, Santos (2018), ao analisar 91 genótipos de *Passiflora edulis* e *P. setacea*, identificou a separação dos acessos em cinco grupos homogêneos, refletindo diferenças genéticas consistentes entre os genótipos avaliados.

No presente estudo, a aplicação da estratégia Ward-MLM aos descritores morfoagronômicos quantitativos permitiu a separação dos 35 genótipos em dois grupos homogêneos (Tabela 2).

Tabela 2. Médias das variáveis quantitativas para os dois grupos formados pelo método Ward-MLM e as duas variáveis canônicas, obtidas na avaliação de 35 genótipos de maracujá.

Característica	GI (33 genótipos)	GII (<i>P. setacea</i>)	VC1	VC2
MF	176,57	90,72	0,78	0,13
MP	77,23	49,54	0,64	0,07
RP	43,84	48,91	-0,44	-0,12
NFC	65,90	7,50	0,76	-0,08
PROD	10261,60	806,61	0,77	0,02
ACPFD	631,44	397,73	0,57	0,04
ACPDP	595,56	391,19	0,68	0,04
PMF	157,63	93,09	0,69	0,14
CLF	142,24	120,80	0,38	-0,07
LLF	132,71	125,20	0,17	0,04
CP	33,60	27,64	0,31	0,01
ComBrac	23,54	27,70	-0,44	-0,03
ComSep	32,43	34,15	-0,26	-0,04
Lsep	12,50	10,40	0,47	0,11
Dsep	76,15	75,90	0,02	0,00
Dcor	51,20	40,80	0,45	0,09
ComAnd	13,06	22,55	-0,95	-0,06
CF	83,79	68,90	0,58	0,07
LF	73,81	57,95	0,76	0,11
CF/LF	1,14	1,21	-0,41	-0,03
EspCas	7,41	6,70	0,23	0,10
TSS	13,25	14,06	-0,22	-0,06

MF= massa de fruto (g); MP= massa da polpa (g); RP= rendimento da polpa (%); PROD= produção (g planta⁻¹); ACPDF= área abaixo da curva do progresso da doença folha; ACPDP= área abaixo da curva do progresso da doença planta; PMF= peso médio do fruto(g); CLF= comprimento do limbo foliar (mm); LLF= largura do limbo foliar (mm); CP= comprimento do pecíolo (mm); ComBrac= comprimento da bráctea (mm); ComSep= comprimento da sépala (mm); Lsep= largura da sépala (mm); Dsep= diâmetro da sépala (mm); Dcor= diâmetro da corona (mm); ComAnd= comprimento do andrógeno (mm); NF= número de frutos CF= Comprimento do fruto (mm); DF= Diâmetro do fruto (mm); CF/LF razão comprimento e diâmetro; EspCas= espessura da casca (mm); TSS= Teor de sólidos solúveis (°Brix)

O Grupo I foi constituído por 33 genótipos pertencentes à população recombinada RC₃, enquanto o Grupo II foi composto por dois acessos de *Passiflora setacea*, conforme apresentado na Tabela 2.

A comparação entre os grupos formados pela análise Ward-MLM evidencia diferenças marcantes entre as características avaliadas. O Grupo I, composto por 33 genótipos, apresentou desempenho superior para a maioria dos caracteres quantitativos como o tamanho do fruto, produção e vigor vegetativo, enquanto o Grupo II, representado por *Passiflora setacea*, apresentou valores inferiores para esses caracteres, porém com destaque em alguns atributos específicos.

Os genótipos do Grupo I apresentaram maior massa do fruto, com média de 176,57 g, e maior massa da polpa, com 77,23 g, em comparação ao Grupo II, que apresentou massa média do fruto de 90,72 g e massa da polpa de 49,54 g. Consequentemente, o Grupo I também apresentou maior número de frutos comerciais, com média de 65,90, e maior produtividade, atingindo 10.261,60, enquanto o Grupo II apresentou valores reduzidos para essas características, com 7,50 frutos comerciais e produtividade de 806,61.

Em relação às características fitossanitárias, o Grupo I apresentou maiores valores de área abaixo da curva do progresso da doença tanto para folhas quanto para plantas, indicando maior suscetibilidade quando comparado ao Grupo II. Esse comportamento está diretamente relacionado ao fato de o Grupo II ser composto por *Passiflora setacea*, espécie utilizada como genitor nos cruzamentos interespecíficos por apresentar genes de resistência ao endurecimento dos frutos. Assim, os genótipos do Grupo I, majoritariamente derivados de *Passiflora edulis*, ainda expressam maior progresso da doença, evidenciando a importância do uso de *P. setacea* como fonte genética de resistência no programa de melhoramento.

Quanto às características morfológicas do fruto, o Grupo I apresentou maiores médias para peso médio, comprimento e largura dos frutos, além de maior espessura da casca. O Grupo II, por sua vez, apresentou frutos relativamente mais alongados, evidenciado pelo maior valor da relação entre comprimento e largura do fruto.

As características florais também diferenciam os grupos. O Grupo II apresentou maiores valores para comprimento do androginóforo, comprimento das

brácteas e comprimento das sépalas, enquanto o Grupo I apresentou maiores valores para largura das sépalas e diâmetro da corola.

Em relação à qualidade dos frutos, o Grupo II apresentou maior teor de sólidos solúveis totais, indicando maior concentração de açúcares, apesar do menor desempenho produtivo.

De forma geral, os resultados demonstram que o Grupo I reúne genótipos com maior potencial agrônômico e produtivo, enquanto o Grupo II apresenta características morfológicas e de qualidade distintas, reforçando a divergência genética entre os grupos e seu valor para estudos de diversidade genética e programas de melhoramento do maracujazeiro.

A Figura 2 apresenta a dispersão dos 35 genótipos de maracujá com base nas duas primeiras variáveis canônicas obtidas pela análise Ward-MLM, permitindo a visualização da estrutura genética da população. A primeira variável canônica foi a principal responsável pela separação dos grupos, estando associada principalmente a características produtivas e de tamanho do fruto, enquanto a segunda variável canônica apresentou menor contribuição. Observou-se separação clara entre os grupos, com o Grupo I apresentando maior similaridade genética e o Grupo II, representado por *Passiflora setacea*, isolado dos demais genótipos, evidenciando elevada divergência genética. Esses resultados confirmam a eficiência do método na discriminação dos grupos e indicam que os caracteres produtivos foram determinantes para a estruturação da diversidade genética da população recombinada RC₃.

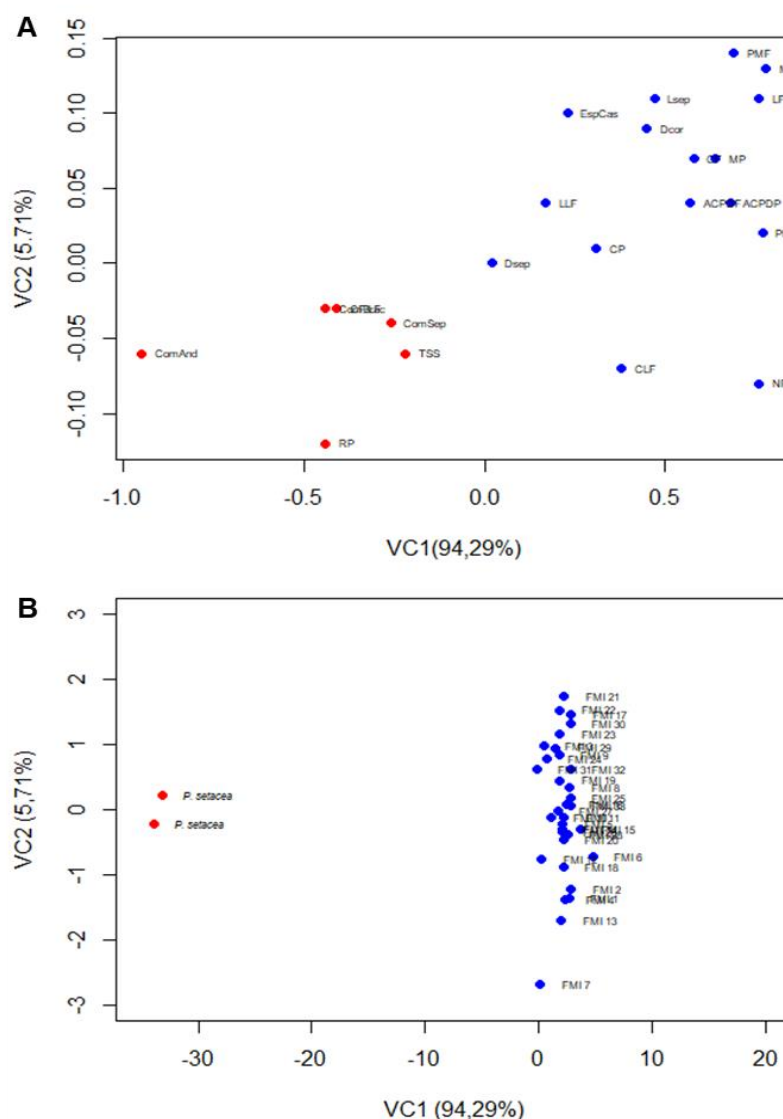


Figura 2. Gráfico das duas primeiras variáveis canônicas para os dois grupos formados pela análise Ward-MLM, em 35 genótipos de maracujá. A) variáveis canônicas para as características. B) variáveis canônicas para genótipos.

A análise dos descritores qualitativos evidenciou diferenças morfológicas consistentes entre os grupos formados pela estratégia Ward-MLM, confirmando a divergência genética observada na análise quantitativa. O Grupo I, composto majoritariamente por genótipos derivados de *Passiflora edulis*, apresentou maior uniformidade para a maioria dos descritores avaliados, enquanto o Grupo II, representado por *Passiflora setacea*, apresentou padrões morfológicos distintos.

Tabela 3. Distribuição dos genótipos de maracujazeiro de acordo com dois grupos formados, com base nos descritores qualitativos.

Descritor	Classe	GI	GII	%
Cor do Ramo	Verde claro			
	Verde-escuro			
	Verde arroxeadado	33		94,3
	Roxa		2	5,7
Profundidade dos Sinus	Rasa	18		51,4
	Média		2	5,7
	Profunda	15		42,9
Posição dos nectários	Adjacente ao limbo	33		94,3
	distante do limbo		2	5,7
Filamentos mais longos da coroa	Lisos		2	5,7
	Ondulados	33		94,3
Anéis coloridos no filamento da coroa	Presente	33		94,3
	Ausente		2	5,7
Anéis coloridos nos filamentos da coroa	Fraca		2	5,7
	Média	1		2,9
	Forte	32		91,4
Antocianina do filete	Ausente ou fraca	24	2	74,3
	Média	3		8,6
	Forte	6		17,1
Antocianina do estilete	Ausente ou fraca	32	2	97,1
	Média	1		2,9
	Forte			
Forma predominante do fruto	Oval	30		85,7
	Oblonga			
	Arredondada	2	2	11,4
	Oblata			
	Elipsóide	1		2,9
Coloração da polpa	Oboval			
	Esbranquiçada			
	Amarelo			
	esverdeada			
	Amarela	2		5,7
	Alaranjado clara	28	4	91,4
	Alaranjado escura	3		8,6

Em relação à cor do ramo, o Grupo I foi caracterizado predominantemente pela coloração verde-arroxeadada, presente em 94,3% dos genótipos, enquanto o Grupo II apresentou coloração roxa. Quanto à profundidade dos Sinus, o Grupo I apresentou distribuição entre classes rasa e profunda, indicando variabilidade intra-grupo, enquanto o Grupo II apresentou profundidade média.

A posição dos nectários foi predominantemente adjacente ao limbo no Grupo I, enquanto no Grupo II os nectários se apresentaram distantes do limbo, caracterizando um padrão morfológico distinto. Em relação aos filamentos mais longos da coroa, observou-se predominância de filamentos ondulados no Grupo I, enquanto no Grupo II os filamentos foram lisos.

A presença de anéis coloridos nos filamentos da coroa foi observada na maioria dos genótipos do Grupo I, com intensidade forte, enquanto no Grupo II esses anéis foram ausentes ou de fraca intensidade. Resultados semelhantes foram observados para a antocianina do filete e do estilete, com maior intensidade no Grupo I e ausência ou baixa intensidade no Grupo II.

Quanto à forma predominante do fruto, o Grupo I apresentou maior frequência de frutos ovais, enquanto o Grupo II apresentou frutos arredondados. Em relação à coloração da polpa, ambos os grupos apresentaram predominância da coloração alaranjada clara; entretanto, o Grupo I apresentou maior uniformidade para essa característica, enquanto o Grupo II apresentou variação reduzida. De modo geral, os descritores qualitativos reforçam a separação dos grupos e confirmam a divergência morfológica entre *Passiflora edulis* e *P. setacea*, evidenciando a importância da avaliação conjunta de descritores qualitativos e quantitativos na caracterização da diversidade genética da população recombinada RC₃.

3.2.5 CONCLUSÕES

Houve variabilidade genética entre os genótipos recombinados da população RC₃ de maracujazeiro avaliados, considerando-se os descritores morfoagronômicos quantitativos e qualitativos. A análise evidenciou divergência genética entre os genótipos, especialmente em função da origem interespecífica de parte dos genótipos.

O procedimento estatístico Ward-MLM mostrou-se eficiente na discriminação da diversidade genética, permitindo a separação das 33 famílias de meios-irmãos e duas testemunhas (*setacea*) em dois grupos homogêneos. A utilização conjunta de variáveis quantitativas e qualitativas possibilitou melhor

compreensão da estrutura genética da população, demonstrando a eficiência da análise multivariada na caracterização da divergência entre os genótipos avaliados.

O Grupo I, constituído por genótipos da recombinação da população RC₃, derivados de *Passiflora edulis*, apresentou desempenho superior para as principais características agronômicas e produtivas, enquanto o Grupo II, representado por *Passiflora setacea*, destacou-se pela menor suscetibilidade à doença e por características morfológicas contrastantes, confirmando sua importância como fonte genética de resistência no programa de melhoramento.

Este estudo forneceu informações relevantes para o conhecimento da diversidade genética da população RC₃, contribuindo para o lançamento dessa população, como nova cultivar, após passar por processo de registro no ministério da agricultura, pecuária e abastecimento (MAPA).

3.3 ENSAIO DE VALOR DE CULTIVO E USO MARACUJAZEIRO: UMA NOVA CULTIVAR

3.3.1 INTRODUÇÃO

O maracujazeiro é cultivado predominantemente em pequenas propriedades rurais e, embora seja considerado uma cultura de elevado risco, em razão da alta suscetibilidade a doenças, do custo expressivo dos insumos e das exigências do mercado, apresenta grande atratividade econômica devido ao elevado valor agregado de sua produção. Além disso, a cultura possui relevante importância social, uma vez que gera expressivo número de empregos no meio rural. Contudo, a constante variação da área cultivada evidencia o caráter itinerante do maracujazeiro, decorrente principalmente da incidência de doenças e da limitada disponibilidade de variedades resistentes (Meletti, 2011).

A adoção do maracujazeiro por pequenos produtores deve-se, em grande parte, à sua capacidade de gerar renda em áreas relativamente reduzidas quando comparada a outras atividades agrícolas, aliada ao rápido retorno financeiro dos investimentos realizados (Lima, 2001). A principal espécie cultivada, *Passiflora edulis* Sims, destaca-se não apenas pela sua importância econômica, mas também pelo elevado valor nutricional dos frutos e por sua ampla utilização na medicina tradicional.

O maracujá pode ser consumido *in natura* ou na forma de polpa concentrada, amplamente utilizada no processamento de sucos e produtos doces, sendo

comercializado tanto no mercado interno quanto no externo (Pita, 2012; Nascimento et al., 2012).

Nesse contexto, o melhoramento genético do maracujazeiro tem como objetivo principal a seleção de genótipos superiores quanto às características dos frutos, visando atender às demandas do mercado, elevar a produtividade e incorporar resistência a doenças de importância econômica (Gonçalves et al., 2009). Apesar de sua relevância, o melhoramento genético do maracujazeiro, considerando as diferentes espécies comerciais, é relativamente recente no Brasil e no mundo (Meletti et al., 2005; Meletti, 2011).

Para a obtenção de elevadas produtividades em pomares comerciais, torna-se essencial a adoção de tecnologias adequadas no sistema de produção, associando o uso de cultivares geneticamente melhoradas a práticas de manejo eficientes, como podas, irrigação e fertirrigação, adubações de plantio e de cobertura, controle integrado de pragas e doenças e polinização manual, entre outras.

Além do desenvolvimento de novas cultivares, a fase de pós-melhoramento desempenha papel fundamental, englobando ações voltadas à validação dos materiais, à transferência de tecnologia e à organização dos sistemas de produção, comercialização e distribuição de sementes e mudas de qualidade, de modo a assegurar que os genótipos oriundos dos programas de melhoramento genético cheguem efetivamente aos produtores e beneficiem toda a cadeia produtiva (Faleiro et al., 2008).

Esse processo fundamenta-se no registro das cultivares junto ao Registro Nacional de Cultivares (RNC), vinculado ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), o qual constitui requisito para a disponibilização legal de sementes e mudas, garantindo ao produtor o acesso a genótipos geneticamente identificados e de qualidade. Para além do atendimento às exigências legais, o registro assegura a autenticidade e a manutenção da qualidade genética das cultivares ofertadas (MAPA, 2026).

A solicitação de inscrição de uma cultivar no RNC é realizada por pessoa física ou jurídica responsável por sua obtenção ou introdução, detentora dos direitos de proteção previstos na Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997, ou devidamente autorizada pelo obtentor. Entretanto, para que a inscrição seja efetivada, a cultivar deve ser previamente submetida a ensaios para a

determinação do Valor de Cultivo e Uso (VCU). O VCU corresponde à avaliação integrada das características agrônômicas da cultivar em associação às suas aptidões de uso nos sistemas agrícolas, industriais, comerciais e para consumo *in natura* (Aviani et al., 2008).

Nesse sentido, o Programa de Melhoramento genético do maracujazeiro da UENF avaliou os melhores indivíduos recombinados da população RC₃ em esquema de meios-irmãos, identificada como promissora para o desenvolvimento de uma cultivar comercial adaptada às condições edafoclimáticas das regiões Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro.

Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo demonstrar o potencial genético da cultivar de maracujazeiro em fase de avaliação e registro no MAPA.

3.3.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.3.2.1 Ensaio de Valor de Cultivo e Uso em maracujazeiro

O registro e a proteção de cultivares de maracujazeiro no Brasil vêm sendo realizados desde 2008, amparados por legislação específica e diretrizes técnicas consolidadas. Nesse contexto, os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) desempenham papel fundamental no processo de registro de novas cultivares, uma vez que permitem avaliar o desempenho agrônômico, produtivo e a capacidade de adaptação dos genótipos às diferentes condições de cultivo. Esses procedimentos garantem a identidade genética das cultivares, promovem a padronização do material propagativo e contribuem para a organização e a sustentabilidade da cadeia produtiva do maracujazeiro (Moreira et al., 2018).

Para a inscrição de uma cultivar no Registro Nacional de Cultivares (RNC), é obrigatória a sua prévia submissão a ensaios destinados à determinação do Valor de Cultivo e Uso (VCU), entendido como o valor resultante da combinação de suas características agrônômicas com suas aptidões de uso em atividades agrícolas, comerciais, industriais e para consumo *in natura*. Além disso, para que uma cultivar seja passível de proteção, é necessário o atendimento a requisitos específicos, destacando-se: ser resultado de processo de melhoramento genético, pertencer a

uma espécie passível de proteção no país e apresentar distinção, homogeneidade (ou uniformidade) e estabilidade, conforme os critérios estabelecidos (Aviani et al., 2008).

Para que uma cultivar seja considerada produto de melhoramento genético, ela deve ter sido submetida a pelo menos um ciclo de seleção e recombinação, conduzido por métodos reconhecidos de melhoramento, como a seleção recorrente, o retrocruzamento ou a obtenção de híbridos interespecíficos (Borém, 1997). Para fins de registro, deve ser apresentado formulário específico contendo os resultados dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), os quais devem atender às exigências e aos critérios estabelecidos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Para as espécies em que ainda não existem critérios mínimos oficialmente definidos para a avaliação de VCU, o registro pode ser solicitado por meio de formulário especial, no qual são informadas determinadas características da cultivar, incluindo resultados de ensaios agrônômicos, como produtividade e regiões de adaptação. No caso do maracujazeiro, embora existam descritores mínimos publicados que viabilizam a condução dos ensaios de Distinguidade, Homogeneidade e Estabilidade (DHE), os critérios mínimos para a avaliação de VCU ainda não foram oficialmente estabelecidos (MAPA, 2025).

3.3.2.2 Programa de melhoramento genético do maracujazeiro para resistência ao CABMV e avaliação do valor de cultivo e uso na Região Norte e Noroeste Fluminense.

O maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims) apresenta elevada variabilidade genética, a qual constitui a base para o desenvolvimento de genótipos mais produtivos e adaptados por meio de programas de melhoramento genético. A exploração eficiente dessa variabilidade requer a caracterização e a avaliação sistemática do germoplasma disponível, permitindo a identificação de genótipos superiores quanto a características agrônômicas e à resistência a doenças.

Apesar desse potencial genético, o número de cultivares comerciais disponíveis no Brasil ainda é limitado, com cerca de 60 registros no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), destacando-se cultivares amplamente utilizadas como FB200, FB300, BRS Gigante Amarelo, BRS Rubi do

Cerrado, BRS Sol do Cerrado, Redondo Amarelo, IAC 275, IAC 273/277 e UENF Rio Dourado (Faleiro e Junqueira, 2016; BRASIL, 2021).

Embora essas cultivares apresentem boa adaptação às condições da agricultura tropical, a produtividade do maracujazeiro azedo em diversas regiões do país permanece aquém do potencial da cultura. Essa limitação está associada, em grande parte, à ocorrência de problemas fitossanitários, ao manejo inadequado da cultura, à escolha de cultivares pouco adaptadas às condições edafoclimáticas locais e à adoção de práticas de adubação desequilibradas ou insuficientes (Junqueira et al., 1999; Ambrósio et al., 2018). Entre os fatores fitossanitários, destaca-se a virose do endurecimento do fruto, causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV), considerada uma das principais responsáveis pela redução da produtividade e pela diminuição da área cultivada em importantes estados produtores do Brasil (Pinto et al., 2008; Fischer et al., 2010).

Diante desse cenário, os programas de melhoramento genético têm direcionado esforços não apenas para a obtenção de variedades com características agrônomicas desejáveis, mas também para o desenvolvimento de genótipos com maior resistência a doenças e pragas, especialmente ao CABMV (Pinto et al., 2008). Entretanto, estudos indicam que a variabilidade genética para resistência ao vírus dentro da própria espécie *P. edulis* é limitada (Pinto et al., 2008; Santos, 2013).

Entre 2011 e 2024, a produção de maracujá no estado do Rio de Janeiro apresentou estagnação do rendimento médio, refletindo os impactos cumulativos de problemas fitossanitários que afetam a cultura na região. Em 2011, a produtividade média estadual foi de 12,946 t ha⁻¹, com destaque para a Região Norte Fluminense, especialmente o município de Campos dos Goytacazes, então o maior produtor do estado (Santos, 2013; IBGE, 2013).

Já em 2024, o rendimento médio registrado foi de aproximadamente 13,21 t ha⁻¹, valor que, embora ligeiramente superior ao observado em 2011, evidencia a ausência de ganhos expressivos de produtividade ao longo de mais de uma década, cenário frequentemente associado a doenças, em especial viroses, e às dificuldades de manejo fitossanitário enfrentadas pelos produtores (IBGE, 2026).

Esse contexto contribuiu para a redução da área cultivada em algumas regiões tradicionais, reforçando a importância de iniciativas de pesquisa e melhoramento genético, como as conduzidas pela Universidade Estadual do Norte

Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), cujo Programa de Melhoramento do maracujazeiro foi iniciado em 1998 a partir da coleta de genótipos em diferentes regiões produtoras do estado, visando ampliar a base genética e desenvolver genótipos mais adaptados e resistentes às condições locais (Viana et al., 2003, 2004).

3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.3.3.1 Material genético

As progênies avaliadas no presente estudo foram obtidas ao longo de sucessivas etapas de um Programa de Melhoramento genético do maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims), com ênfase na obtenção de genótipos resistentes ao endurecimento dos frutos. Inicialmente, híbridos interespecíficos provenientes do cruzamento entre *P. edulis* e *P. setacea* foram obtidos e avaliados por Santos (2014). A partir desses híbridos, plantas com comportamento agrônomico superior e resistência à doença foram selecionadas e retrocruzadas com *P. edulis*, originando a geração RC₁, posteriormente avaliada por Preisigke (2017).

Os genótipos superiores da geração RC₁ foram novamente retrocruzados com *P. edulis*, resultando na geração RC₂, avaliada por Vidal (2021). A partir dessa etapa, os melhores genótipos foram selecionados para o terceiro ciclo de retrocruzamento, dando origem à geração RC₃, previamente caracterizada por Coelho (2024). No presente trabalho, foi realizada a recombinação das melhores plantas selecionadas da geração RC₃, em esquema de famílias de meios-irmãos, utilizando 66 plantas provenientes de 33 famílias, visando à avaliação do desempenho agrônomico e do potencial produtivo dessas progênies em ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU). A avaliação foi baseada em descritores morfoagronômicos oficiais e em características relacionadas ao rendimento, permitindo uma caracterização detalhada dos atributos fenotípicos das progênies, subsidiando a seleção de genótipos com potencial para recomendação de uma nova cultivar e posterior registro junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA).

3.3.3.2 Condução do Experimento

O experimento foi conduzido na área experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, localizada no município de Campos dos Goytacazes, na Região Norte do estado do Rio de Janeiro, a 21°45' de latitude sul, 41°20' de longitude oeste e 11 m de altitude. O clima da região é classificado como tropical subúmido seco, apresentando temperatura média anual entre 22 e 25°C e precipitação média anual variando de 1.200 a 1.300 mm.

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, constituído por 33 famílias de meios-irmãos de maracujazeiro provenientes do ciclo RC₃ e duas testemunhas *setacea*. As plantas foram conduzidas em sistema de espaldeira vertical, utilizando-se mourões de 2,5 m de altura, espaçados a cada 4 m, com fio de arame número 12 instalado a 1,8 m do solo. O espaçamento entre linhas foi de 2,0 m.

A irrigação foi realizada por meio de sistema localizado de gotejamento suspenso, com o objetivo de facilitar a execução dos tratos culturais, como a capina. A calagem, bem como as adubações de plantio e de cobertura foram realizadas com base na análise química do solo, seguindo as recomendações de Borges et al. (2010). Os tratos culturais foram conduzidos conforme as recomendações técnicas para a cultura do maracujazeiro, de acordo com Costa et al. (2008).

3.3.3.3 Características avaliadas

A avaliação do valor de cultivo e uso foi conduzida com base em descritores morfoagronômicos oficiais estabelecidos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) para a cultura do maracujazeiro, contemplando caracteres de ramo, folha, flor e fruto (Figura 1).

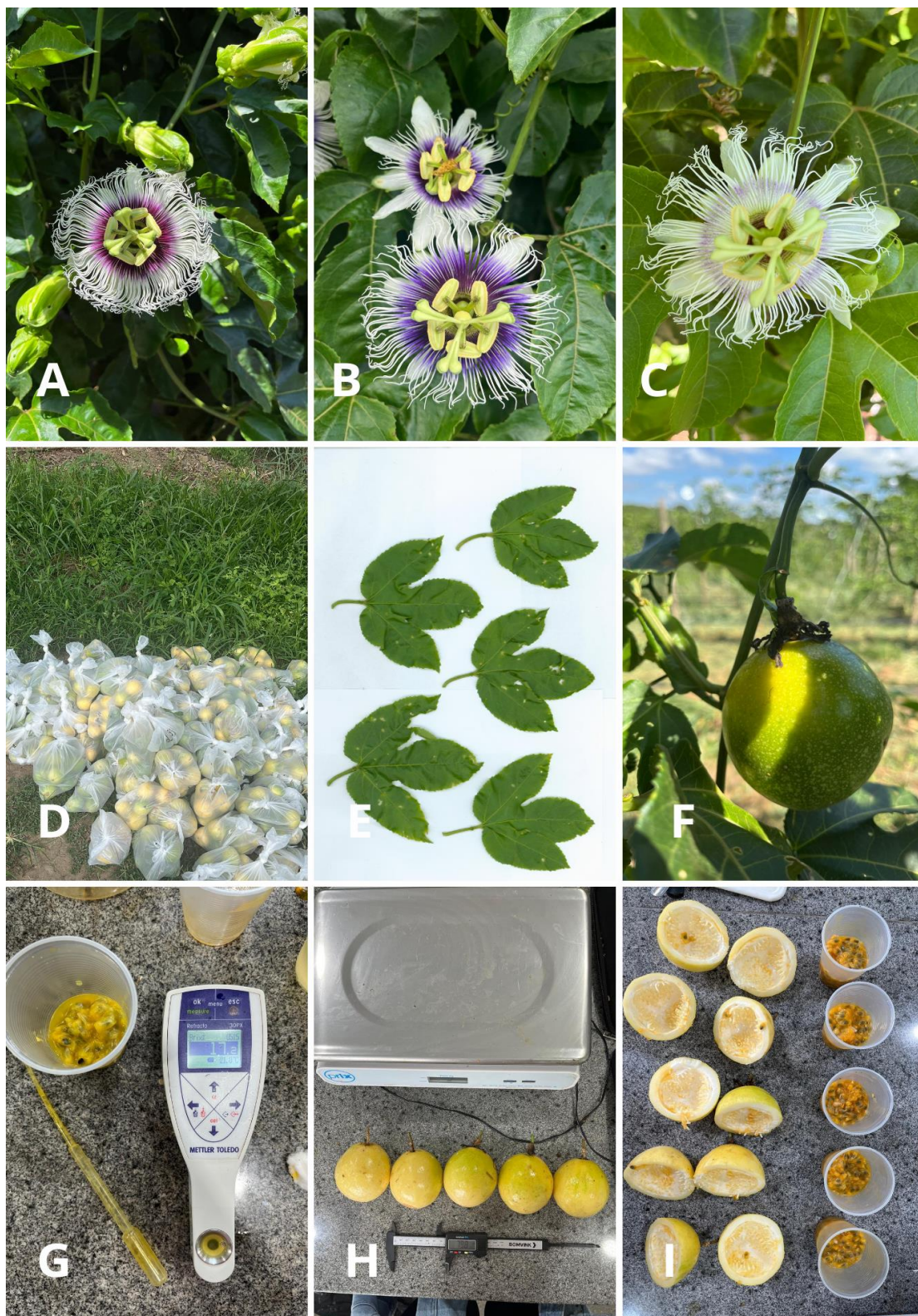


Figura 1. Descritores morfoagronômicos utilizados na caracterização dos indivíduos da recombinados da população RC₃ de maracujazeiro. (A, B e C) Descritores florais; (D) amostragem de frutos; (E) descritor de folha; (F) descritor de fruto, caracterizando fruto com coloração verde-amarelada; (G, H e I) avaliação dos frutos em laboratório, contemplando descritores físicos e químicos do fruto, como rendimento de polpa, massa, dimensões e características internas.

As avaliações agronômicas foram realizadas no primeiro ano de produção dos genótipos pertencentes às 35 famílias de meios-irmãos da população recombinada RC₃ de maracujazeiro azedo, com colheitas semanais de frutos naturalmente desprendidos ou ainda aderidos às plantas, desde que no estágio de maturação “verde-amarelo” (Figura 1F), conforme a classificação da CEAGESP (2001).

Os frutos foram identificados, acondicionados em caixas plásticas e transportados ao Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), onde foram avaliados, considerando-se todas as unidades para plantas com até cinco frutos e uma amostragem de cinco frutos por planta nos demais casos (Figura 1 D), seguindo os procedimentos metodológicos recomendados pelo MAPA.

O desempenho agronômico foi determinado pelo número total de frutos e pela produção total por planta, obtida pela pesagem dos frutos maduros em balança digital semianalítica, com os resultados expressos em gramas por planta. As características físicas dos frutos incluíram comprimento e diâmetro médios, mensurados com paquímetro digital, massa média dos frutos, massa média da polpa, espessura média da casca, teor de sólidos solúveis totais, determinado por refratômetro, e rendimento de polpa, calculado pela relação entre a massa da polpa bruta e a massa total dos frutos (Figura 1G–I).

As características foliares foram avaliadas a partir da coleta de cinco folhas completamente desenvolvidas do terço médio de cada planta, as quais foram digitalizadas em scanner e mensuradas com o auxílio do software ImageJ (Figura 1E). As avaliações dos caracteres florais foram realizadas em flores em antese completa, considerando descritores qualitativos e quantitativos relacionados à morfologia e às dimensões florais (Figura 1A–C).

3.3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 é apresentada a caracterização morfoagronômica da população recombinada. As características correspondem às médias dos caracteres quantitativos de produção, considerando as 66 plantas selecionadas

para a recombinação em esquema de meios-irmãos da população RC₃ avaliada, na qual se observa um padrão fenotípico predominantemente intermediário para a maioria dos descritores analisados, característica comum entre genótipos de *Passiflora edulis* Sims. Os ramos apresentaram coloração predominantemente verde-arroxeadada, indicando a presença de antocianina, enquanto as folhas exibiram limbo com comprimento e largura médios, com valores de 143,32 mm e 134,10 mm, respectivamente. Verificou-se profundidade média dos sinus foliares e presença de limbo foliar bulado, atributos típicos da espécie. O comprimento do pecíolo foi classificado como médio, com média de 34,07 mm, e os nectários extraflorais localizaram-se predominantemente adjacentes ao limbo foliar, aspecto relevante na interação com insetos (Silva et al., 2016).

As brácteas apresentaram comprimento médio de 24,42 mm, enquanto as sépalas foram classificadas como curtas, com comprimento médio de 33,68 mm, e largura estreita, com média de 12,39 mm. As flores apresentaram diâmetro médio de 78,38 mm, sendo classificadas como grandes, com corona de diâmetro intermediário de 57,85 mm. Observou-se que os filamentos mais longos da corona apresentaram forma ondulada, com presença de anéis coloridos de largura média, estimada em 13,85 mm, e coloração escura. O androginóforo apresentou comprimento médio de 12,64 mm, com baixa intensidade de antocianina nessa estrutura e no estilete, enquanto os filetes apresentaram intensidade média de pigmentação.

Em relação às características dos frutos, verificou-se a predominância de frutos de tamanho médio, com comprimento médio de 88,10 mm e largura média de 78,57 mm, resultando em relação comprimento/largura de 1,12, indicativa de frutos relativamente arredondados e de formato oval. A casca apresentou coloração amarela predominante e espessura média de 7,64 mm, enquanto a polpa apresentou coloração alaranjada clara. O teor médio de sólidos solúveis foi de 13,04 °Brix, valor que expressa qualidade adequada para o consumo *in natura* e para a indústria de processamento.

Tabela 1. Caracterização morfoagronômica da população avaliada, com base em descritores qualitativos e quantitativos.

Nº	Descritor	Cod	Classificação	Média
1	Coloração predominante do ramo	3	Verde arroxeada	-
				143,3
2	Comprimento do limbo foliar	3	Médio	2
				134,1
3	Largura do limbo foliar	3	Médio	0
4	Profundidade predominante do sinus	2	Médio	-
5	Limbo foliar bulado	1	Presente	-
6	Comprimento do pecíolo	3	Médio	34,07
7	Posição predominante dos nectários	1	Adjacentes ao limbo	-
8	Comprimento da bráctea	2	Médio	24,42
9	Comprimento da sépala	1	Curto	33,68
10	Largura da sépala	1	Estreita	12,39
11	Diâmetro da flor	4	Grande	78,38
12	Diâmetro da corona (fímbrias)	3	Médio	57,85
13	Filamentos mais longos da corona	2	Ondulado	-
	Anéis coloridos no filamento da			
14	Corona	2	Presente	-
15	Largura dos anéis coloridos	3	Médio	13,85
16	Coloração predominante dos anéis	3	Escura	-
17	Comprimento do androginóforo	3	Médio	12,64
18	Antocianina no androginóforo	1	Ausente ou fraco	-
19	Antocianina no filete	2	Médio	-
20	Antocianina no estilete	1	Ausente ou fraco	-
21	Comprimento do fruto	3	Médio	88,10
22	Largura do fruto	3	Médio	78,57
23	Relação comprimento/largura	2	Baixa	1,12
24	Forma predominante do fruto	1	Oval	-
25	Coloração predominante da casca	1	Amarela	-
26	Espessura da casca	2	Médio	7,64
27	Coloração da polpa	4	Alaranjada clara	-
28	Teor de sólidos Solúveis	3	Médio	13,04

De modo geral, os resultados indicam uniformidade fenotípica e padrão morfoagronômico desejável entre os indivíduos recombinados da população RC₃ em esquema de meios-irmãos, reforçando seu potencial para registro no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA).

Se comparado à UENF Rio Dourado, o material recombinado da população RC₃ apresentou frutos ligeiramente maiores (88,10 x 78,57 mm) que a cultivar

(84,50 × 76,00 mm), com espessura de casca semelhante (7,64 e 7,10 mm) e teor de sólidos solúveis próximo (13,04 e 13,50 °Brix). Embora a UENF Rio Dourado tenha maior percentual de polpa (41,00%), à população recombinada da RC₃ apresenta frutos uniformes, com dimensões comerciais adequadas e potencial produtivo (Viana et al., 2016).

Tabela 2. Comparativo entre a cultivar oriunda da população recombinada dos indivíduos da RC₃ e as cultivares comercialmente disponíveis.

Cultivar	MF (g)	MP	RP (%)	NFC	PROD (t)	ACPDF	ACPDP
Progenies recombinadas da população RC ₃	206	90,94g	44	80,29	33	604,73	563,55
UENF Rio Dourado	175		41	250	25		
BRS Gigante Amarelo	180		36		48		
BRS Rubi do Cerrado	170		38		48		

MF= massa de fruto; MP= massa de polpa; RP= rendimento da polpa; NFC= número de frutos comerciais; PROD= produtividade; ACPDF= área abaixo da curva do progresso da doença folha; ACPDP= área abaixo da curva do progresso da doença planta.

A Tabela 2 apresenta os dados produtivos das cultivares de maracujazeiro azedo avaliadas, evidenciando diferenças expressivas entre os materiais genéticos, as quais estão diretamente relacionadas tanto ao potencial genético quanto às condições ambientais e ao nível tecnológico adotado nos sistemas de cultivo.

As cultivares comerciais BRS Gigante Amarelo (BRS GA1) e BRS Rubi do Cerrado (BRS RC) destacam-se pelo elevado potencial produtivo, podendo superar 50 t ha⁻¹ no primeiro ano de produção, especialmente quando cultivadas em condições tropicais, com irrigação, adubação equilibrada, manejo fitossanitário eficiente e, no caso da BRS GA1, com uso de polinização manual. Resultados obtidos em condições experimentais na Região Norte do Brasil, no município de Senador Guimard, Acre, sob clima tropical úmido, com temperaturas médias entre

23 e 27°C, precipitação anual variando de 800 a 1.750 mm e alta disponibilidade de radiação solar, demonstraram produtividades em torno de 48 t ha⁻¹ no primeiro ano e 30 t ha⁻¹ no segundo ano de cultivo. Nessas condições, as plantas foram conduzidas sob sistema tecnificado, com irrigação suplementar, adubação adequada, podas, controle fitossanitário e polinização manual, evidenciando a forte influência do ambiente e do manejo sobre a expressão do potencial produtivo dessas cultivares. Esses resultados, entretanto, estão associados a condições ideais de cultivo, que nem sempre refletem a realidade da maioria dos produtores (Embrapa, 2018).

Por outro lado, a cultivar UENF Rio Dourado, avaliada em condições de campo no Norte Fluminense, apresentou produtividade média de 25 t ha⁻¹, sob clima tropical com estação seca definida, utilizando irrigação por gotejamento e manejo convencional, porém com polinização natural. Esse desempenho, embora inferior ao das cultivares BRS em sistemas intensivos, demonstra boa adaptação às condições edafoclimáticas regionais e reforça a importância do ambiente na expressão do potencial produtivo (Viana et al., 2016).

Nesse mesmo contexto, a cultivar oriunda das progênies recombinadas da população RC₃, avaliada em Campos dos Goytacazes (RJ), sob clima tropical subúmido seco e conduzida em sistema de espaldeira vertical com irrigação por gotejamento e manejo conforme recomendações técnicas, apresentou produtividade de 33 t ha⁻¹, superando a UENF Rio Dourado nas mesmas condições de cultivo. Além disso, destacou-se pela massa média de frutos de 206 g e rendimento de polpa de 44%, indicando superioridade em atributos de qualidade de frutos. O número médio de frutos por planta (80,29) também reforça seu bom desempenho agrônômico em condições de campo.

Dessa forma, a análise comparativa dos dados da Tabela 2 indica que, embora as cultivares BRS apresentem maior potencial produtivo absoluto sob condições ideais e sistemas intensivos, a população RC₃ demonstra desempenho produtivo competitivo em condições reais de cultivo, com destaque para a qualidade dos frutos e adaptação às condições do Norte Fluminense.

Diferentemente das cultivares comerciais utilizadas como referência, que foram selecionadas predominantemente com base em produtividade e qualidade

de frutos, sem a incorporação de resistência genética ao CABMV, os indivíduos recombinados da população RC₃, avaliados em esquema de meios-irmãos, aliam boa produtividade, qualidade de frutos e resistência à virose, característica de elevada relevância agrônômica. Adicionalmente, os valores moderados de ACPDF e ACPDP indicam menor progresso da doença ao longo do tempo, reforçando o potencial desses genótipos como fonte de resistência.

Nesse sentido, os resultados evidenciam que os indivíduos recombinados da RC₃ representam um avanço consistente no melhoramento do maracujazeiro, ao integrar resistência ao CABMV sem comprometer atributos produtivos essenciais. Assim, configuram-se como materiais altamente promissores tanto para uso direto em cultivo quanto como base para o desenvolvimento de futuras cultivares mais produtivas, estáveis e adaptadas às condições de campo.



Figura 2. Ensaio de valor de cultivo e uso na área experimental da Escola Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do estado do Rio de Janeiro, 2024-2025.

3.3.5 CONCLUSÃO

Os resultados do ensaio de Valor de Cultivo e Uso indicam que os melhores indivíduos recombinados da população RC₃ do maracujazeiro azedo em esquema de meios-irmãos apresenta elevado potencial agrônomo, combinando desempenho produtivo, qualidade de frutos e resistência a doenças de importância econômica, como o CABMV. A caracterização morfoagronômica evidenciou uniformidade e atributos desejáveis para o mercado *in natura* e para processamento industrial, demonstrando que a população é competitiva frente às cultivares comerciais atualmente disponíveis, podendo ser recomendada como futura cultivar de maracujazeiro azedo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allard, R.W. (1971) *Principles of plant breeding*. New York: John Wiley & Sons.
- Ambrósio, M. M. Q., Silva, A. de C. C. da, Mendonça, V., Alves, A. de A. R., Nascimento, I. H. do, Teixeira, G. S. de O. (2018) Manejo e produtividade do maracujazeiro azedo em diferentes condições de cultivo. *Rev. Bras. Frutic.*, Jaboticabal, 40 (3): e-032.
- Araponga, C.S., Silva, G.S., Melo, C.A.F., Souza, M.M., Souza, V.C.A., Santos-Silva, R. de C.V. (2025) Genetic diversity and population structure of sour passion fruit in Brazil. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 23 (4):100607.
- Aviani, D. M., Hidalgo, M. C. da S., Machado, R. J., Carvalho, F. S. S. de, Silva, M. da G. (2008) Valor de cultivo e uso (VCU) e proteção de cultivares no Brasil. *Informativo ABRATES*, Londrina, 18 (1):15-22.
- Barrera Júnior, W., Silva, J. R., Faleiro, F. G. (2020) Polinização artificial e natural no maracujazeiro azedo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 42 (2):1-10.
- Bertoldo, J. G., Coelho, C. M. M., Guidolin, A. F., Kopp, M. M. (2016) Registro, proteção e certificação de cultivares no Brasil. *Revista Brasileira de Agrociência*, Pelotas, 22 (2):1-9.

- Bezerra, F. V., Viana, A. P., Cavalcante, N. R., Sousa, C. M. B., Almeida, G. P. (2025) Recurrent selection in passion fruit for resistance to Cowpea aphid-borne mosaic virus and agronomic traits. *Euphytica*, 221 (2):45.
- Borém, A. (1997) Melhoramento de plantas. Viçosa – MG - Universidade Federal de Viçosa – UFV, 547p.
- Borges, A. L., Caldas, R. C., Lima, A. A. (2010) Recomendações de adubação e calagem para o maracujazeiro. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2021. *Cultivar web: Gerenciamento de Informações sobre Cultivares*. Brasília: MAPA. Disponível em: <http://sistemas.agricultura.gov.br/cultivarweb>. Acesso em: 02 jan. 2026.
- Campbell, C. L.;Madden, L. V. (1990) *Introduction to plant disease epidemiology*. New York: John Wiley & Sons.
- Carvalho, S. P., Cruz, C. D., Botelho, C. E. (2003) Divergência genética em plantas cultivadas. *Revista Ceres*, Viçosa, 50 (291):537-546.
- Carvalho-Okano, R. M., Vieira, M. F. (2001) Morfologia externa e taxionomia. In: Bruckner, C. H., Picanço, M. C. (eds.) *Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado*. Porto Alegre: Cinco Continentes, p. 33-49.
- Case, F. (2022) *Purple passion fruit*. Encyclopedia Britannica. Disponível em: <https://www.britannica.com/plant/purple-passion-fruit>.
- Cavalcante, N. R.; Viana, A. P.; Almeida, G. P.; Sousa, C. M. B.; Ambrósio, M. (2018) Evaluation of passion fruit families for passion fruit woodiness virus resistance and fruit quality using REML/BLUP. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 34, n. 3, p. 615-626.
- 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., Kasai, F. S., Nasser, M. D. (2014) Produtividade e características físicas de frutos de *Passiflora edulis* enxertado sobre *Passiflora gibertii*. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36 (1):243-247.
- CEAGESP – Companhia de Entrepostos e Armazéns Gerais de São Paulo (2001) *Classificação do maracujá (Passiflora edulis Sims)*. São Paulo.
- Coelho, L. C. L. Produção e características morfoagronômicas da população RC₃ de *Passiflora* visando a resistência ao Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). 2024. 73 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes.
- Coelho, L. C. L., Viana, A. P., Cavalcante, N. R., Santa Catarina, R., Silva, F. A. da, Oliveira, J. A. V. S. de. (2025) Genotype selection from a segregating BC₃ population of *Passiflora* spp. *Euphytica*, 221:175-188.
- Colariccio, A., Chagas, P. R. R., Galletti, S. R., Rossetti, V., Kitajima, E. W. (2018) Doenças causadas por vírus na cultura do maracujazeiro. In: *Maracujazeiro azedo: polinização, pragas e doenças*. Florianópolis: Epagri, p. 171-201.
- Cortes, D. F. M., Ramos, H. C. C., Viana, A. P., Araujo, M. S., Cavalcante, N. R., Vivas, M., Santa-Catarina, R. (2017) Divergência genética em maracujazeiro utilizando descritores morfoagronômicos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 39 (2).
- Costa, A. F. S., Costa, A. N., Ventura, J. A., Fanton, C. J., Lima, I. M., Caetano, L. C. S. e Santana, E. N. (2008) - Recomendações técnicas para o cultivo do maracujazeiro. Vitória, Incaper, 56 p. (Incaper. Documentos, 162).
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S. (2006) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. ed. Viçosa: UFV.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4. ed. Viçosa: UFV.

- Cunha, M. A. P. (1998) Caracterização e avaliação de germoplasma de maracujazeiro (*Passiflora* spp.). Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Viçosa – MG - Universidade Federal de Viçosa – UFV, 155p.
- Cunha, M.A.P., Barbosa, L.V., Faria, G.A. (2004) Maracujá: produção e qualidade na passicultura. In: Lima, A.A. e Cunha M.A.P., Botânica. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, p. 13-36.
- Cunha, M. (2013) Produtividade e características de frutos de pomares de maracujá implantados com sementes originais e reaproveitadas do híbrido brs gigante amarelo. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Brasília – DF, Universidade de Brasília, 64p.
- EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. (2018) *Desempenho agrônomo da cultivar de maracujazeiro-azedo BRS Gigante Amarelo (BRS GA1) no estado do Acre*. Rio Branco: Embrapa Acre. (Comunicado Técnico, 203).
- EMBRAPA. (2024) *Anuário brasileiro da fruticultura*. Brasília: Embrapa.
- Fachi, L. R., Viana, A. P., Silva, F. H. L., Correa, C. C. G., Santos, E. A., Souza, Y. P. de. (2019) Ward-MLM strategy for genetic diversity analysis in *Passiflora*. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, 18 (2).
- Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F. et al. (2005) Caracterização de germoplasma de maracujazeiro. In: FALEIRO, F. G. et al. (Eds.). *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 331-361.
- Faleiro, F. G., Farias Neto, A. L. de, Ribeiro, J. F. (2008) *Pós-melhoramento e transferência de tecnologia em fruteiras tropicais*. Brasília: Embrapa Cerrados.
- Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V. (2016) Maracujá: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Brasília, DF: Embrapa (Coleção 500 perguntas, 500 respostas). ISBN 978-85-7035-617-8, 341p.

- Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V., Braga, M. F. (2020) *Pós-melhoramento de Passifloras no Brasil: a experiência da Embrapa em inovação tecnológica*. Planaltina: Embrapa Cerrados. (Documentos Embrapa Cerrados, 359).
- Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V.; Jesus, O. N. de; OLIVEIRA, E. J. (2022) Melhoramento genético do maracujazeiro: desafios e oportunidades. In: SILVA, D. J. H.; VIANA, A. P. (Eds.). *Melhoramento de fruteiras tropicais*. Viçosa: Editora UFV, p. 285-314.
- Ferrão, R. G., Cruz, C. D., Ferreira, A., Cecon, P. R., Ferrão, M. A. G., Fonseca, A. F. A. da, Carneiro, P. C. S. (2002) Parâmetros genéticos e divergência em programas de melhoramento. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 37 (6):765-771.
- Ferreira, F. R., Oliveira, J. C., Ruggiero, C. (1991) Caracterização morfológica e agrônômica de espécies de *Passiflora*. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 13 (1):17-28.
- Ferreira, R. T., Viana, A. P., Amaral Júnior, A. T., Santos, E. A., Rodrigues, D. L. (2016) Seleção recorrente em maracujazeiro amarelo com uso da metodologia REML/BLUP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38 (2):1-11.
- Fischer, I. H., Rezende, J. A. M., Filho, N. N., Silva, J. R. (2005) Ocorrência de *Nectria haematococca* em maracujazeiro no estado do Rio de Janeiro. *Fitopatologia Brasileira*, 30 (6).
- Fischer, I. H., Sampaio, A. C., Rezende, J. A. M., Amorim, L. (2010) Doenças do maracujazeiro azedo e seu manejo. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 36 (2):107-115.
- Flora do Brasil. (2025) *Passifloraceae*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/>. Acesso em: 09 abr. 2026.
- Franco, J., Crossa, J., Ribaut, J. M., Bertran, J., Warburton, M., Khan, M. A. (1998) A method for combining molecular markers and phenotypic traits for classifying plant genotypes. *Crop Science*, Madison, 38:895-902.

- Gonçalves, G. M., Viana, A. P., Bezerra Neto, F. V., Pereira, M. G., Pereira, T. N. S. (2009) Melhoramento genético do maracujazeiro: avanços e perspectivas. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 31 (3):1-10.
- Gonçalves, L. S. A., Amaral Júnior, A. T., Scapim, C. A. et al. (2009) Genetic divergence among popcorn populations using multivariate analysis. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44 (8):915-924.
- Gonçalves, G. M., Souza, M. M., Oliveira, E. J., Jesus, O. N. (2018) Reação de progênies de maracujazeiro azedo ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40 (2):e-871.
- Gower, J. C. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, Washington, 27:857-871.
- Grisi, M. C. M., Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V., Vilela, M. S., Andrade, S. R. M. (2019) Genetic resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in passion fruit. *European Journal of Plant Pathology*, 154:153-164.
- He, X., Luan, F., Yang, Y., Wang, Z., Zhao, Z., Fang, J., Wang, M., Zuo, L., Li, Y. (2020) *Passiflora edulis*: an insight into current researches on phytochemistry and pharmacology. *Frontiers in Pharmacology*, 11:617.
- Henderson, C. R. (1973) Sire evaluation and genetic trends. In: *Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of Dr. Jay L. Lush*. Champaign: American Society of Animal Science, p. 10-41.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2013) *Produção Agrícola Municipal 2011: Culturas temporárias e permanentes*. Rio de Janeiro: IBGE, v. 38, p. 1-91.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2024) *Levantamento Sistemático da Produção Agrícola*. Rio de Janeiro: IBGE. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/lspa>.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2026) *Levantamento Sistemático da Produção Agrícola*. Rio de Janeiro: IBGE. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/lspa>.

- Jesus, O. N. de, Silva, A. S. V., Santos, J. L., Oliveira, E. J. (2016) Characterization of passion fruit hybrids based on morphoagronomic descriptors. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38 (3):e-523.
- Jesus, O. N. de, Oliveira, E. J., Faleiro, F. G., Soares, T. L., Girardi, E. A. (2017) Morphological and molecular characterization of *Passiflora spp.* In: Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V. (Eds.) *Maracujá: do plantio à colheita*. Brasília: Embrapa, p. 45-68.
- Junghans, T. G., Jesus, O. N. de (eds.) (2017) *Maracujá: do cultivo à comercialização*. Brasília: Embrapa, 341p.
- Junqueira, N. T. V., Braga, M. F., Faleiro, F. G., Peixoto, J. R., Bernacci, L. C. (1999) Aspectos do cultivo do maracujazeiro azedo no Brasil. *Informe Agropecuário*, 20 (198):35-45.
- Junqueira, N. T. V., Faleiro, F. G., Braga, M. F. (2001) Polinização e frutificação do maracujazeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 36:777-785.
- 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: *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 341-358.
- Kososki, R. M.; Peixoto, J. R.; Junqueira, N. T. V.; Sousa, M. A. F. (2008) Reação de genótipos de maracujazeiro-azedo à podridão-do-colo (*Fusarium solani*). *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 24, n. 2, p. 19-24.
- Kotsubo, K. Y. Y., Favara, G. M., Rezende, J. A. M., Kitajima, E. W., Spadotti, D. M. (2021) Aspects of the transmission of *Cowpea aphid-borne mosaic virus* to passion fruit by *Aphis craccivora*. *European Journal of Plant Pathology*, 159 (4):947-952.
- Krause, W., Viana, A. P., Resende, M. D. V., Amaral Júnior, A. T., Rodrigues, D. L. (2020) Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em progênies de maracujazeiro azedo via REML/BLUP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 42 (4):1-12.

- Kudo, A.S. (2004) Reação de genótipos de maracujazeiro azedo a *Septoria passiflorae* e a *Cladosporium herbarum*. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) – Brasília - DF – Universidade de Brasília – UnB, 83p.
- Lima, A. De A.; Cunha, M. A. P. Da. (2004) *Maracujá: produção e qualidade*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica.
- Lisboa, C. F., Siqueira, A. P. O., Silva, J. K., Oliveira, E. J. (2024) Economic importance and industrial use of sour passion fruit. *Scientia Horticulturae*, Amsterdam.
- MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. (2025) *Registro Nacional de Cultivares: normas e procedimentos*. Brasília.
- MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. (2026) *Registro Nacional de Cultivares – RNC*. Brasília.
- Meletti, L. M. M., Maia, M. L. (1999) *Maracujá: produção e comercialização*. Campinas: Instituto Agrônomo, 64p. (Boletim Técnico).
- Meletti, L. M. M. (2000) Maracujazeiro (*Passiflora edulis* Sims.). In: Meletti, L. M. M. *Propagação de frutíferas tropicais*. Guaíba: Agropecuária Ltda., p. 186-204.
- Meletti, L. M. M., Soares-Scott, M. D., Bernacci, L. C., Passos, L. R. S. (2005) Melhoramento genético do maracujá: passado e futuro. In: Faleiro, F. G. et al. (orgs.) *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 81-106.
- Meletti, L. M. M. (2011) Avanços no melhoramento genético do maracujazeiro no Brasil. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33 (1):1-13.
- Mendes, M. S., Praça-Fontes, M. M., Viana, A. P., Santos, E. A., Freitas, J. C. O. (2022) Breeding for resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in passion fruit: a review. *Plant Breeding*, 141 (4):481-495.
- 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.

Mendes, M. S.; Praça-Fontes, M. M.; Viana, A. P.; Santos, E. A.; Bezerra, F. V. (2023) Genetic parameters and gains from selection in full-sib families of passion fruit. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 45, e-045.

Moreira, P. A., Goulart, M. S., Oliveira, E. J., Ramos, H. C. C., Viana, A. P. (2018) Ensaio de valor de cultivo e uso no registro de cultivares frutíferas. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40 (4).

Narita, N. (2007) Epidemiologia do “*Cowpea aphid borne mosaic virus*” (CABMV) em maracujazeiro na região produtora da alta paulista, SP. Tese (Doutor em Agronomia) – Botucatu – SP, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - Unesp - Campus de Botucatu, 65p.

Nascimento, A. V. S., Santos, A. A., Kitajima, E. W., Resende, R. O. (2006) Endurecimento dos frutos do maracujazeiro causado por *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. *Fitopatologia Brasileira*, 31:305-311.

Nascimento, W. M., Calado, T. B., Carvalho, S. I. C. (2012) *Produção e mercado de maracujá no Brasil*. Brasília: Embrapa Hortaliças.

Nascimento, W. M., Calado, T. B., Carvalho, S. I. C., Lopes, J. F., Melo, R. A. C. (2020) *Produção de maracujá: panorama atual e perspectivas*. Brasília: Embrapa Hortaliças.

Nascimento Filho, F. J., Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., Silva, D. J. H. (2001) Divergência genética e escolha de genitores. *Revista Brasileira de Sementes*, 23 (1):45-52.

Novaes, Q. S., Rezende, J. A. M. (1999) Possível aplicação do DAS-ELISA indireto na seleção de maracujazeiro tolerante ao *Passion fruit woodiness virus*. *Fitopatologia Brasileira*, 24:76-79.

NUNES, T. S.; QUEIROZ, L. P. (2007) Passifloraceae da região de Catolés, Chapada Diamantina, Bahia, Brasil. *Acta Botanica Brasílica*, v. 21, n. 4, p. 799–817.

- Oliveira, E. J., Santos, V. S., Lima, D. S., Machado, M. D., Lucena, R. S., Motta, T. B. N., Castellen, M. S. (2008) Ganhos genéticos preditos por diferentes índices de seleção em famílias de meios-irmãos de maracujazeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30 (1):204-209.
- Oliveira, E. J.; Santos, V. S.; Lima, D. S. Et Al. (2013) *Protocolo de avaliação de doenças em maracujazeiro*. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura. (Comunicado Técnico, 156).
- Oliveira, E. J.; Freitas, J. P. X. De; Jesus, O. N. De. (2017) Characterization of *Passiflora spp.* germplasm based on morphoagronomic descriptors. *Scientia Horticulturae*, v. 221, p. 19-29.
- Oliveira, F. F. de, Sekine, E. S., Woitowicz, F. C. G. et al. (2022) *Passiflora edulis*. In: Gazzoni, D. L. (ed.) *Plantas que os polinizadores gostam*. Brasília: Embrapa, p. 457-459.
- 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, J. R., Viana, A. P., Hernandez, F. F. F., Silva, V. Q. R. (2014) Análise multivariada aplicada à diversidade genética em maracujazeiro. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 14:1-9.
- Pandey, S., Dobhal, V. K. (1997) Heterose e divergência genética em plantas cultivadas. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, New Delhi, 57:123-130.
- Petry, H. B., Silva, D. A., Bertolini, E. et al. (2025) Manejo da virose do endurecimento dos frutos do maracujazeiro azedo. *Revista Agropecuária Catarinense*, 35 (3).
- Pinto, A. C. Q., Faleiro, F. G., Ramos, V. H. V. et al. (2008) Virose do endurecimento dos frutos do maracujazeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30 (3):593-598.

- Pita, J. D. (2012) Caracterização física e química de frutos de maracujazeiro e avaliação do potencial de mercado. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Ilhéus – BA - Universidade Estadual de Santa Cruz – UESC, 56p.
- 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. C., Viana, A. P., Santos, E. A., Bezerra Neto, F. V., Amaral Júnior, A. T. (2020) Avaliação agrônômica e reação ao CABMV de híbridos interespecíficos de maracujazeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 55:e01854.
- Primot, S., Segura, V., Amaral Júnior, A. T., Viana, A. P., Ramos, H. C. C. (2005) Descritores morfológicos na caracterização de *Passiflora*. *Plant Genetic Resources Newsletter*, Rome, 142:1-7.
- Rabbani, A. R. C., Silva, S. D. V. M., Ferreira, F. R. (1998) Variabilidade genética em espécies de *Passiflora* com base em caracteres morfológicos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 33 (3):401-409.
- Rêgo, M. M., Rêgo, E. R., Bruckner, C. H., Finger, F., Otoni, W. (2011) In vitro induction of autotetraploids from diploid yellow passion fruit mediated by colchicine and oryzalin. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 107:451-459.
- Resende, M. D. V. (2000) *Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes*. Colombo: Embrapa Florestas, 101p.
- Resende, M. D. V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p.
- Resende, M. D. V. (2007) *SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada*. Colombo: Embrapa Florestas, 361p.

- Resende, M. D. V., Duarte, J. B. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação genética. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, 37 (3):182-194.
- Resende, M. D. V. (2016) *Software Selegen-REML/BLUP: análise de modelos mistos para seleção genética*. Colombo: Embrapa Florestas.
- Sacoman, N. N., Székely-Loidi, T., Ferreira, S. S. et al. (2018) Transcriptome analysis of *Passiflora edulis* and *Passiflora setacea* in response to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) infection. *Scientific Reports*, 8 (1):1-13.
- Santos, E. A. (2013) *Melhoramento do maracujazeiro azedo visando à resistência ao Cowpea aphid-borne mosaic virus*. Tese (Doutorado) – UENF, Campos dos Goytacazes.
- Santos, E. A., Viana, A. P., Freitas, J. C. O., Souza, M. M., Paiva, C. L. (2014) Resistência ao CABMV em híbridos interespecíficos de maracujazeiro (*P. edulis* x *P. setacea*). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36 (2):491–500.
- Souza, J. S. I., Meletti, L. M. M. (1997) *Maracujá: espécies, variedades, cultivo*. Piracicaba: FEALQ, 179p.
- 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, E. A.; Viana, A. P.; Freitas, J. C. O.; Souza, M. M.; Paiva, C. L.; Rodrigues, D. L.; Tavares, R. F. (2014) Phenotyping of *Passiflora edulis*, *P. setacea*, and their hybrids by a multivariate approach. *Genetics and Molecular Research*, v. 13, p. 9828–9845.
- 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.

- SAS INSTITUTE. (2000) *SAS: System for Microsoft Windows, version 8.01*. Cary: SAS Institute.
- Scapim, C. A., Oliveira, V. R., Braccini, A. L., Cruz, C. D., Milani, A. P. (1999) Divergência genética e heterose em plantas cultivadas. *Acta Scientiarum*, Maringá, 21:593–598.
- Silva, A. R., Malafaia, G., Menezes, I. P. (2014) Métodos multivariados aplicados ao melhoramento genético. *Bragantia*, Campinas, 73 (2):151–160.
- Silva, R. M., Souza, M. M., Rodrigues, V., Silva, G. S., Oliveira, E. J. (2016) Nectários extraflorais e interações inseto-planta em *Passiflora edulis*. *Acta Botanica Brasilica*, 30 (2):1–9.
- Silva, F. F., Resende, M. D. V., Carneiro, P. L. S., Silva, L. O. C. (2017) Modelos mistos aplicados ao melhoramento genético animal e vegetal. *Ciência Rural*, Santa Maria, 47 (3):e20160617.
- Siqueira, K. M. M., Kiill, L. H. P., Araújo, F. P., Silva, A. L. (2006) Biologia floral e sistema reprodutivo do maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 28 (2):227–230.
- Souza, P. U., Bellon, G., Jesus, O. N. de, Oliveira, E. J. (2018) Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção em progênies de meios-irmãos de maracujazeiro azedo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40 (6):e-001.
- Thokchom, R.; Mandal, K. K. (2020) Production technology of passion fruit. In: GHOSH, S. N. (Ed.). *Production technology of tropical and sub-tropical fruits*. New Delhi: Jaya Publishing House, p. 431-443.
- Viana, A. P., Pereira, M. G., Amaral Júnior, A. T., Souza, S. A. M. (2003) Programa de melhoramento genético do maracujazeiro na UENF. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25 (2):1–6.
- Viana, A. P., Pires, M. M., Pereira, M. G., Amaral Júnior, A. T., Silva, D. J. H. (2004) Avanços no melhoramento genético do maracujazeiro azedo no Norte Fluminense. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 26 (1):1–5.

- Viana, A. P., Resende, M. D. V., Rangel, R. M., Silva, F. H. L. (2013) Estatística aplicada ao melhoramento genético do maracujazeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48 (6):607–615.
- Viana, A. P., Resende, M. D. V. (2014) *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. Interciência.
- Viana, A. P., Resende, M. D. V., Pereira, T. N. S., Amaral Júnior, A. T. (2016) Seleção recorrente e desenvolvimento da cultivar UENF Rio Dourado de maracujazeiro azedo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38 (4):e-873.
- Viana, A. P., Resende, M. D. V., Pereira, T. N. S., Amaral Júnior, A. T. (2016b) UENF Rio Dourado: cultivar de maracujazeiro azedo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38 (4).
- Vidal, R. F. et al. (2021) Evaluation of resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in passion fruit backcrosses for recurrent selection and development of resistant cultivars. *Gene Conserve*, v. 20, n. 78, Disponível em: <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/20210448212>. Acesso em: 21 jan. 2026.
- Zhang, X., Wei, J., He, Y. et al. (2023) The passion fruit genome: insights into its evolution and environmental adaptation. *Horticulture Research*, 10 (3):uhad012.