

CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS EM *Passiflora* VISANDO
RESISTÊNCIA A DOENÇAS

JÔSIE CLOVIANE DE OLIVEIRA FREITAS

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
DEZEMBRO – 2014

CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS EM *Passiflora* VISANDO
RESISTÊNCIA A DOENÇAS

JÔSIE CLOVIANE DE OLIVEIRA FREITAS

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

Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
DEZEMBRO – 2014

CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS EM *Passiflora* VISANDO
RESISTÊNCIA A DOENÇAS

JÔSIE CLOVIANE DE OLIVEIRA FREITAS

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

Aprovada em 9 de dezembro de 2014.

Comissão Examinadora:

Prof. Cláudio Horst Bruckner (D. Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UFV

Prof^a. Telma Nair Santana Pereira (Ph. D., Plant Breeding) – UENF

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

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

Dedico

Ao Deus criador de todas as coisas, aos meus pais Luiz Alberto Barreto de Freitas e Suely Santos de Oliveira Freitas, ao meu irmão Luiz Alberto de Oliveira Freitas, aos meus sobrinhos Luiz Eduardo F. de Freitas e Gustavo F. de Freitas e a todos que de alguma forma contribuíram com essa conquista.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo que tem feito em minha vida e por tudo que ainda há de fazer, e, embora não seja digna nem merecedora de tantas bênçãos, Ele me ama.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de realização do doutorado e concessão da bolsa de estudos.

Ao meu orientador, Professor Alexandre Pio Viana, pela orientação, por toda experiência profissional e conhecimento transmitido, e por todo apoio e incentivo.

Aos professores, Telma Nair Santana Pereira, Rosana Rodrigues, Messias Gonzaga Pereira e Antônio Teixeira do Amaral Júnior, por todos os conhecimentos transmitidos durante a ministração das disciplinas da pós-graduação.

Ao Daniel, secretário do programa de Pós-graduação, por sua dedicação, amizade, apoio, sempre disposto a nos ajudar.

Ao técnico de nível superior da Clínica Fitossanitária da UENF, Dr. Vicente Musse Dias, por todo apoio no desenvolvimento do trabalho com fungo.

Ao Dr. Marcelo Eiras, do Instituto Biológico – SP, pelo apoio e realização dos testes Elisa.

Aos taxistas Sr. Gilberto e seu filho Júnior, por tornarem possível a realização das polinizações nas madrugadas.

À professora. Margarete Magalhães de Souza, por ter-me incentivado a tentar a seleção para o doutorado, pela grande contribuição no meu aprimoramento como profissional, e por toda amizade, conselhos e apoio.

Aos professores, Dário Harnet, Raúl Valle, Quintino Reis Araújo, Jorge Chiapetti e Alex-Alan Furtado de Almeida, pela grande contribuição no meu crescimento e amadurecimento como profissional, por toda amizade, apoio e conselhos.

Aos amigos, Eileen, Jardel, Fernando Higino e Cláudia Lougon, por estarem sempre disponíveis a me ajudar na conclusão do trabalho, independentemente de hora e situação, inclusive disponibilizando os seus carros e motos.

Ao Sr. Geraldo e toda a equipe da Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em especial a Valdinei, Larissa e Luzimara.

Aos funcionários de campo, em especial ao Sr. Armando, Romoaldo, Elis, Jose Ricardo, Luiz, Naulin e Paulo.

À professora Telma Nair, pelo apoio, incentivo e conselhos.

À professora Rosana Rodrigues, pelo apoio e conselhos sobre o trabalho, e por disponibilizar espaço em seu laboratório para a realização das análises dos frutos.

A todos os amigos do laboratório 111, em especial a Cláudia Pombo, Cíntia Bento, Samy Pimenta, Camila, Jessica, Graze e Gabriel.

A todos os amigos do laboratório 222, em especial Eileen, Jardel, Fernando Higino, Cláudia Lougon, Ruffe Tavares, Bianca Machado, Silvana Quintal, Daniele, Naiara, Cássio, Thiago, Rodrigo, Amanda e Guilherme.

Aos amigos, Eileen, Jardel, Bruna Rafaela, Bianca, Fernando, Cláudia Lougon, Geovana, Helen Moura, Monique Moulin, Denilson, Deyse, Amanda, Mara Cristina, Sueli, por todos os almoços, caminhadas e momentos de descontração.

A Eileen, por todo o apoio e por ter-se tornado uma irmã.

A Jardel, Bruna e Mara, por toda a amizade, incentivo e conselhos.

Ao Grupo Deus é Mais, às meninas da célula, ao Pastor Luciano e a toda a família Semear.

Aos meus pais, por me ensinarem a viver, por estarem presentes em minha vida, sempre me apoiando em todas as minhas decisões, enfim, por tudo que eu sou e eles representam para mim.

Ao meu irmão, Luiz Alberto, e aos meus dois sobrinhos, Luiz Eduardo e Gustavo, por me darem a certeza de que o tempo poderá passar, mas nunca estarei sozinha, e pela atenção, carinho e amor a mim dedicados.

Ao meu grande amigo James Gattward, pela atenção concedida aos meus pais durante a minha ausência.

A todos os meus familiares e amigos da Bahia, os quais sempre me apoiaram e incentivaram.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	x
1 INTRODUÇÃO	1
2 OBJETIVOS	3
2.1 Gerais.....	3
2.2 Específicos	3
3 CAPÍTULOS	5
3.1 RESISTÊNCIA AO <i>FUSARIUM SOLANI</i> E CARACTERIZAÇÃO DOS HÍBRIDOS ENTRE <i>P. mucronata</i> e <i>P. edulis</i>	5
3.1.1 INTRODUÇÃO.....	5
3.1.2 REVISÃO.....	7
3.1.3 MATERIAL E MÉTODO.....	19
3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
3.1.5 CONCLUSÕES.....	52
3.2 OBTENÇÃO DE POPULAÇÃO POR RETROCRUZAMENTO EM PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE PASSIFLORA, VISANDO RESISTÊNCIA AO VÍRUS CABMV	53
3.2.1 INTRODUÇÃO.....	53
3.2.2 REVISÃO.....	54
3.2.3 MATERIAL E MÉTODO.....	60
3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	65
3.2.5 CONCLUSÕES.....	75
3.3 METODOLOGIA REML/BLUP NA SELEÇÃO DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE PASSIFLORA	76
3.3.1 INTRODUÇÃO.....	76
3.3.2 REVISÃO.....	77
3.3.3 MATERIAL E MÉTODO.....	81
3.3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	84
3.3.5 CONCLUSÕES.....	94
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	95

RESUMO

FREITAS, Jôsie Cloviane de Oliveira; D. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; dezembro 2014; CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS EM *Passiflora* VISANDO RESISTÊNCIA A DOENÇAS; Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana; Conselheiros: Prof^a Rosana Rodrigues e Prof^a. Telma Nair Santana Pereira

Os problemas fitossanitários que acometem a cultura do maracujazeiro promovem queda na produção e significativa redução da vida útil dos plantios. O desenvolvimento de cultivares resistentes é uma alternativa de controle para tais problemas. O presente trabalho visou à obtenção de progênes, por meio de cruzamentos interespecíficos entre *P. edulis* x *P. mucronata*, e retrocruzamento entre um híbrido (*P. edulis* x *P. setacea*) e o genitor recorrente *P. edulis*, bem como a caracterização das progênes obtidas; avaliação e seleção de genótipos resistentes ao CABMV e *Fusarium solani*. O respectivo trabalho foi constituído por três experimentos. O primeiro experimento teve como objetivo caracterizar e avaliar a resistência ao *F. solani* em genótipos híbridos interespecíficos (*P. edulis* X *P. mucronata*) e seus parentais. Quando *P. mucronata* foi utilizada como genitor feminino, foram obtidas 516 sementes, com 20% de germinação e sobrevivência de nove genótipos híbridos. Já no cruzamento recíproco, nove sementes foram obtidas e apenas um genótipo sobreviveu. Devido ao pequeno número de genótipos obtidos, realizou-se estaqueamento dos dez genótipos híbridos e seus genitores *P. edulis* (suscetível) e *P. mucronata* (resistente). Nove clones de cada genótipo foram levados a

campo e conduzidos em blocos ao acaso com três repetições, para a realização da caracterização morfológica. Foram avaliados 20 descritores quantitativos e sete qualitativos, ambos pertencentes à lista de descritores do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Nove clones de cada indivíduo foram mantidos em casa de vegetação, inoculados com *F. solani*, e avaliados 76 dias após a inoculação, realizando-se o reisolamento do fungo posteriormente. O genótipo do cruzamento em que *P. edulis* foi o genitor feminino não floresceu. Para a maioria das características quantitativas e qualitativas, os híbridos foram similares a *P. mucronata*. Os genótipos estudados foram agrupados em seis grupos. Na avaliação da doença, foi verificada resistência ao fungo nos genótipos de *P. mucronata*, oriundos da Bahia, e nos híbridos 14 e 13, entretanto, ambos os híbridos não foram férteis. Em sumo, os genótipos híbridos classificados como resistentes não são férteis, entretanto, estes podem ser utilizados como potenciais porta-enxertos. O segundo experimento objetivou identificar genótipos resistentes em populações de maracujazeiro oriundas de retrocruzamento e estudar a herança da resistência ao vírus do CABMV. Foram avaliados 369 genótipos, incluindo os parentais *P. edulis* (suscetível), *P. setacea* (resistente) e híbrido H4-14 (*P. edulis* x *P. setacea*). As plantas foram conduzidas em casa de vegetação e inoculadas mecanicamente. A avaliação foi feita com a escala de notas, que foi usada para o cálculo da AACPD, e as plantas assintomáticas foram submetidas ao ELISA. Houve variabilidade para a característica AACPD. A estimativa dos parâmetros genéticos indicou uma herdabilidade de 94%; IV de 0,26 e CV_e de 27,9%. A porcentagem de genótipos resistentes nas progênes mediante ELISA foi 14,87 e 22,64%, na progênie 1 e 2, respectivamente. Os números de indivíduos resistentes e suscetíveis obtidos nos retrocruzamentos foram significativamente diferentes dos números de indivíduos resistentes e suscetíveis esperados ($\chi^2 > 3,84$; g.l. 1; P>0,05), rejeitando-se a hipótese de herança monogênica. Os dados permitem concluir que a herança para resistência é poligênica e que há ganho com a seleção, desde que se trabalhe com grandes populações e se utilizem métodos de melhoramento mais complexos, como seleção recorrente. O terceiro experimento teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e prever o ganho com a seleção. As plantas foram conduzidas em campo, em blocos incompletos com três repetições. Foram avaliadas cinco características quantitativas de fruto, em 77 genótipos de nove progênes híbridas

(*P. setacea* x *P. edulis*), durante duas safras, por meio da metodologia REML/BLUP. A herdabilidade individual no sentido restrito para todos os caracteres foi considerada de baixa magnitude, variando de 0,12 a 0,32. Os maiores valores estimados para as variâncias genotípica e ambiental, entre parcelas, foram observados para número de frutos (NF) e produtividade total (PRO). Foram selecionados os 30 melhores genótipos para cada característica avaliada. Observou-se que grande parte dos genótipos selecionados para NF também foram selecionados para a PRO. Concluiu-se que as progênies 5 e 9 são promissoras, já que apresentaram um maior número de genótipos com alto ganho com a seleção para as características relacionadas à produtividade.

ABSTRACT

FREITAS, Jôsie Cloviane de Oliveira; D. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; dezembro 2014; CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS EM *Passiflora* VISANDO RESISTÊNCIA A DOENÇA; Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana; Conselheiros: Prof^a Rosana Rodrigues e Prof^a. Telma Nair Santana Pereira

Plant health problems affecting the passion fruit culture promotes drop in production and a significant reduction in the life of the plantations. The development of resistant cultivars is an alternative to control such problems. This study aimed to obtain a progeny through interspecific crosses between *P. edulis* x *P. mucronata*, and backcross between a hybrid (*P. edulis* x *P. setacea*) and the recurrent parent *P. edulis* as well as the characterization of progenies obtained; evaluation and selection of resistant genotypes to *Fusarium solani* and CABMV. Its work consisted of three experiments. The first experiment aimed to characterize and evaluate the resistance to *F. solani* in interspecific hybrid genotypes (*P. edulis* X *P. mucronata*) and their parents. When *P. mucronata* was used as female parent were obtained 516 seeds germination with 20% surviving nine and hybrid genotypes. In the reciprocal cross nine seeds were obtained and only one genotype survived. Due to the small number of genotypes obtained, there was cloning of ten hybrid genotypes and their parents *P. edulis* (susceptible) and *P. mucronata* (resistant). Nine clones of each genotype were taken to field and conducted in a randomized block design with three replications, to perform the morphological characterization. There were 20 quantitative descriptors and seven

qualitative, both belonging to the list of descriptors Ministry of Agriculture Livestock and Supply. Nine clones of each individual were kept in a greenhouse, inoculated with *F. solani*, and evaluated 76 days after inoculation, performing the fungus re-isolation later. The crossing of the genotype that *P. edulis* was the female parent, not flourished. For most quantitative and qualitative characteristics, the hybrids were similar to *P. mucronata*. Genotypes were grouped into six groups. In the evaluation of the disease was found possible resistance in *P. mucronata* genotypes from Bahia, and hybrids 14 and 13, however both hybrids were infertile. In summary, the hybrid genotypes classified as resistant are not fertile, although these may be used as potential rootstocks. The second experiment aimed to identify resistant genotypes in passion and backcross populations derived from studying the inheritance of resistance to virus CABMV. We evaluated 369 genotypes, including parental *P. edulis* (susceptible), *P. setacea* (resistant) and hybrid H4-14 (*P. edulis* x *P. setacea*). The plants were cultivated under greenhouse and inoculated mechanically. The evaluation was made with the scale of notes, which was used to calculate the AACPD, and asymptomatic plants were ELISA. There was variability for AACPD characteristic. The estimation of the genetic parameters indicated a heritability of 94%; IV 0.26 and CV_e 27.9%. The percentage of resistant genotypes in the progenies by ELISA was 14.87 and 22.64%, the progeny 1 and 2, respectively. The numbers of resistant and susceptible individuals obtained in backcross were significantly different numbers of resistant and susceptible individuals expected ($\chi^2 > 3,84$; g.l. 1; P>0,05), rejecting the hypothesis of monogenic inheritance. The data showed that the inheritance of resistance is polygenic and that there is gain with selection, as long as you work with large populations and use more complex breeding methods such as recurrent selection. The third objective was to estimate genetic parameters and predict the gain with selection. Plants were in the field, incomplete block design with 3 replications. Five quantitative characteristics were evaluated fruit in 77 genotypes nine hybrid progeny (*P. setacea* x *P. edulis*) for two crops, by REML / BLUP methodology. The individual heritability in the narrow sense for all characters was considered of low magnitude, ranging from 0.12 to 0.32. The highest values estimated for genotypic and environmental variances between plots were observed for number of fruits (NF) and total productivity (PRO). The highest values estimated for genotypic and environmental variances between plots were

observed for number of fruits (NF) and total productivity (PRO). We selected the 30 best genotypes for each evaluated trait. It was observed that most of the selected genotypes for NF, were also selected for PRO. It is concluded that the progenies 5 and 09 are promising, as it showed a greater number of genotypes with high gain with selection for characteristics related to productivity.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é o maior produtor mundial de maracujá (Meletti et al., 2011) e o segundo centro de diversidade do gênero *Passiflora* (Bernacci et al., 2014; Bernacci et al., 2013; Pacheco et al., 2014).

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

Dentre as doenças que acometem o maracujazeiro, destacam-se o *Cowpea ahip-borne mosaic virus* (CABMV), sendo o endurecimento do fruto, causado por este vírus, a principal doença de importância econômica no maracujazeiro (Pinto et al., 2008; Pinto et al., 2009), além da murcha de fusariose e da podridão do colo causada por *Fusarium ssp.*, sendo esta doença de difícil controle, por se tratar de fitopatógenos que sobrevivem em solo. A ocorrência dessas doenças pode ocasionar a inviabilidade da área para o plantio, a exemplo do que ocorreu na região produtora de São Francisco do Itabapoana–RJ (Fischer et al., 2005; Fischer et al., 2010).

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

Os programas de melhoramento do maracujazeiro no Brasil são recentes, com menos de 20 anos, e a preocupação inicial era desenvolver cultivares com boa produtividade e qualidade de frutos (Meletti et al., 2005; Meletti et al.; 2011; Cunha, 2013). Por isso, ainda são incipientes os trabalhos relacionados à resistência às diversas doenças que acometem a cultura, principalmente ao que se refere a estudo de populações segregantes oriundas de cruzamentos interespecíficos ou de retrocruzamentos tendo o genitor suscetível como recorrente.

O Brasil é um centro de diversidade de espécies do gênero *Passiflora* (Bernacci et al., 2014), e não havendo muita variabilidade genética para resistência entre genótipos das espécies cultivadas, *P. edulis* e *P. alata* (Junqueira et al., 2003, Nascimento, 2003; Sousa, 2005; Junqueira et al., 2005), as espécies silvestres de maracujá tornam-se uma fonte promissora de genes de resistência para as diversas doenças que causam danos à cultura (Faleiro, 2006; Paula et al., 2010). Relatos de resistência a doenças nessas espécies silvestres têm sido constatado por diversos trabalhos publicados (Roncatto et al., 2004; Fischer et al., 2005; Junqueira et al., 2006a; Melo, 2008; Junqueira et al., 2008; Alves, 2008; Fischer et al., 2010).

O presente trabalho visou à obtenção de progênes, por meio de cruzamentos interespecíficos entre *P. edulis* x *P. mucronata*, e retrocruzamento entre um híbrido (*P. edulis* x *P. setacea*) e o genitor recorrente *P. edulis*, bem como a caracterização das progênes obtidas; avaliação e seleção de genótipos resistentes ao CABMV e *Fusarium solani*. O trabalho é constituído de três capítulos, com o primeiro abordando a obtenção de progênes híbridas entre *P. edulis* e *P. mucronata*, bem como a caracterização populacional via parâmetros genéticos; quantificação da diversidade genética dos híbridos e genitores e; avaliação dos híbridos e genitores quanto à resistência ao *Fusarium solani*. O segundo capítulo abrange a obtenção de uma população de retrocruzamento entre um híbrido H5-14 (*P. edulis* e *P. setacea*) e o genitor recorrente *P. edulis*; a avaliação desta população segregante e de seus genitores quanto à resistência ao CABMV e; a herança da resistência ao CABMV. O terceiro capítulo compreende a estimação de parâmetros genéticos e predição dos ganhos genéticos em características relacionadas à produtividade, em progênes híbridas (*P. edulis* e *P. setacea*), por meio da metodologia REML/BLUP.

2. OBJETIVOS

2.1. Gerais

O presente trabalho objetiva, de uma forma geral, a obtenção de genótipos resistentes, para dar continuidade ao programa de melhoramento do maracujazeiro azedo da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF.

2.2. Específicos

- i) Verificar o horário de antese das flores de *P. mucronata* no Norte Fluminense;
- ii) Realizar polinização interespecífica entre acessos de *P. mucronata* e *P. edulis*, e verificar a taxa de pegamento;
- iii) Avaliação da percentagem de germinação das sementes híbridas, oriundas dos cruzamentos entre *P. edulis* e *P. mucronata*;
- iv) Caracterização morfoagronômica em campo dos genitores e híbridos obtidos;
- v) Avaliar os genitores e progênes segregantes para resistência ao *Fusarium solani*;
- vi) Realizar retrocruzamento entre um genótipo híbrido, resistente ao vírus do CABMV, e o seu recorrente *P. edulis*, e verificar a taxa de pegamento;

- vii) Avaliação da porcentagem de germinação das sementes obtidas de retrocruzamento;
- viii) Avaliação da resistência ao CABMV nas progênies obtidas por retrocruzamento;
- ix) Estudo da herança da resistência ao CABMV;
- x) Estimar parâmetros genéticos e valores genotípicos pelo procedimento REML/BLUP em nível de planta dentro de progênies híbridas (*P. setacea* x *P. edulis*);
- xi) Selecionar híbridos com características agronômicas desejáveis para o avanço de geração no programa de melhoramento genético do maracujazeiro-azedo.

3. CAPÍTULOS

3.1. Resistência ao *Fusarium solani* e caracterização dos híbridos entre *P. mucronata* e *P. edulis*

3.1.1 INTRODUÇÃO

Alguns autores relatam o Brasil como o centro de origem do maracujá-azedo e de outras espécies do gênero *Passiflora* (Lima e Cunha 2004; Cunha, 2013; Pacheco et al., 2014), e acreditam que 1/3 das espécies desse gênero são originárias do Brasil (Ganga et al., 2004; Santos, 2010). Entretanto, Muschner et al. (2012) relataram que os ancestrais de *Passiflora* se originaram no continente Africano, e por meio de dispersão chegaram ao continente Americano.

O Brasil é um dos maiores centro de diversidade do gênero *Passiflora* (Bernacci et al., 2014), e o maior produtor mundial de maracujá (Meletti et al., 2011). As áreas colhidas em 2010 e 2011 foram, respectivamente, 62,0 e 61,6 mil hectares, com uma produção anual de 920,15 mil toneladas em 2011, e 923,03 mil em 2012 (IBGE, 2012; IBGE, 2013).

No Brasil, o maracujá foi considerado uma fruta de pomar doméstico durante um longo período, tendo o seu valor comercial descoberto apenas no final da década de 60, com a instalação dos pomares paulistas (Meletti, 2011).

Atualmente, o maracujazeiro é uma fruteira cultivada em quase todos os Estados brasileiros, sendo o Estado da Bahia o maior produtor (Meletti e Maia, 1999; Freitas, 2000; Borges e Souza, 2010).

Com a expansão dos cultivos comerciais do maracujazeiro ocorreu o favorecimento de problemas fitossanitários, os quais promovem queda na produção e significativa redução da vida útil dos plantios, podendo até inviabilizar o cultivo do pomar em determinadas áreas (Paula et al., 2010). Dentre as principais doenças que acometem o maracujazeiro estão a antracnose, a verrugose ou cladosporiose, a mancha-parda, a septoriose, o vírus do endurecimento do fruto (CABMV), a morte prematura, a podridão-do-pé e a fusariose (Junqueira et al., 2003; Leão et al., 2006; Fischer et al., 2007; Fischer et al., 2010). Mediante tais problemas fitossanitários, torna-se necessária a adoção de medidas alternativas de controle, como o desenvolvimento de cultivares resistentes.

Diversos trabalhos tratam da diversidade genética entre acessos de *P. edulis*, visando à obtenção de genótipos superiores em programas de melhoramento do maracujazeiro (Bellon et al., 2007; Rocha, 2008; Dâmaso, 2010; Reis et al., 2011; Lima et al., 2012). Entretanto, embora a seleção de plantas mais vigorosas e resistentes entre genótipos de *P. edulis* tenha se mostrado viável por alguns autores (Negreiros et al., 2004; Ganga et al., 2004; Bellon et al., 2007; Negreiros et al., 2008; Reis et al., 2011), a variabilidade genética para resistência, entre cultivares de *P. edulis*, é muito baixa, não apresentando graus de resistência que pudessem oferecer resultados satisfatórios no controle de doenças bacterianas, fúngicas ou virais (Junqueira et al., 2003, Nascimento, 2003; Sousa, 2005; Junqueira et al., 2005).

Esta baixa variabilidade genética pode estar relacionada ao estreitamento da base genética em decorrência dos processos sucessivos de aproveitamento de sementes a partir de plantios anteriores (Cunha, 2013).

Diante de tais fatos, muitos trabalhos têm sido desenvolvidos para verificar a resistência de espécies silvestres a determinadas doenças que acometem o maracujazeiro, visando à sua utilização em programas de melhoramento para a obtenção de híbridos interespecíficos (Crochemore, et al., 2003a; Viana et al., 2003; Roncatto et al., 2004; Fischer et al., 2005; Junqueira, 2006; Araujo et al., 2008; Cruz et al., 2008; Junqueira et al., 2008; Melo, 2008; Alves, 2008; Costa et

al., 2009; Junqueira et al., 2010; Fischer et al., 2010a; Paula et al., 2010; Amorim et al., 2011; Conceição et al., 2011).

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

Novos híbridos envolvendo espécies silvestres têm sido obtidos utilizando cruzamentos diretos e indiretos com as espécies comerciais, todavia, ainda existem poucas informações sobre as espécies silvestres, principalmente no que se refere à compatibilidade de cruzamento dessas espécies com *P. edulis*, à fertilidade desses híbridos, bem como à resistência de espécies silvestres e de progênies obtidas de polinizações interespecíficas às doenças que acometem o cultivo do maracujazeiro.

Desta forma, o presente trabalho teve como objetivo a obtenção de progênies segregantes por meio de cruzamentos interespecíficos entre *P. edulis* e *P. mucronata* visando à utilização da mesma em programas de melhoramento, para a obtenção de genótipos resistentes a fusariose.

3.1.2. REVISÃO

3.1.2.1. Família Passifloraceae

O maracujá cultivado (*P. edulis*) é uma fruta originária de regiões tropicais, com ênfase na América Latina, sendo o Brasil o centro de origem da espécie *P. edulis* e de muitas outras espécies da família Passifloraceae (Albuquerque et al., 2010; Pacheco et al., 2014).

Entretanto, um trabalho recente relata que os ancestrais de *Passiflora* são originários da África, e dispersaram-se para a Europa e Ásia, até chegarem ao continente Americano. Segundo os autores, a partir da América Central, esses

ancestrais diversificaram-se rapidamente por meio de eventos de dispersão de longa distância (Muschner et al., 2012).

O Brasil é o segundo centro de diversidade da família Passifloraceae, com quatro gêneros e 148 espécies, sendo 86 espécies endêmicas e 11 cultivares (Bernacci et al., 2013; Pacheco et al., 2014).

A família Passifloraceae possui cerca de 650 espécies e 20 gêneros (Nunes e Queiroz, 2006), e está dividida em duas tribos, Paropsieae e Passiflorieae (Cervi, 1997). A tribo Passiflorieae está representada no continente americano por quatro gêneros, *Mitostemma* Mast. (três espécies), *Dilkea* Mast. (seis espécies), *Ancisthrothysus* Harms (três espécie) e *Passiflora* L. (520 espécies), todos de ocorrência em território brasileiro (Cervi, 1997; Nunes e Queiroz, 2007; Souza et al., 2011).

O gênero *Passiflora* L. é composto por mais de 520 espécies classificadas taxonomicamente em quatro subgêneros (*Astrophea*, *Decaloba*, *Deidamioides* e *Passiflora*). Entretanto, resultados de análises filogenéticas sugerem a existência de um quinto subgênero, o que seria o *Thyphostemmatoides* (Zamberlan, 2007).

O gênero *Passiflora* caracteriza-se por apresentar espécies trepadeiras herbáceas ou lenhosas; folhas inteiras ou lobadas; estípulas setáceas, lineares ou foliáceas, algumas vezes caducas; pecíolo com ou sem glândulas; flores grandes e coloridas; sépalas às vezes dorsalmente corniculadas ou aristadas próximas ao ápice; pétalas membranáceas; filamentos da corona com duas ou várias séries, coloridas; opérculo presente; límen anular ou cupuliforme situado na base do androginóforo; androginóforo alongado, raramente curto; ovário 3-4 carpelar, estigmas 3-4; e frutos em baga ou cápsula deiscente (Ulmer e Macdougall, 2004; Nunes e Queiroz, 2006).

No Brasil, a espécie de *passiflora* mais cultivada é *Passiflora edulis* ou maracujá-azedo, seguida pela *Passiflora alata* ou maracujá-doce (Junqueira et al., 2005; Bernacci et al., 2008).

3.1.2.1.1. *Passiflora mucronata*

Conhecida como maracujá-de-restinga ou sururu (Lorenzi et al., 2006), a espécie *P. mucronata*, pertence à série *Simplicifoliae* Harms Killip (Cervi, 1997), possui número de cromossomos $2n=2x=18$ (Souza et al., 2003). As plantas são

totalmente glabras, com caule cilíndrico e flexuoso; pecíolos de 1 a 2 cm, com duas a quatro glândulas mais ou menos na metade do pecíolo; glândulas obscuras. As folhas são ovado-cordadas, de 4 a 12 x 2,5 - 6 cm, subpeltadas a cordiformes na base e arredondadas no ápice; três a cinco nervuras coriáceas na base.. Os pedúnculos são solitários de até 8 cm, articulados a 1 cm da base floral, robustos e cilíndricos. Flores alvas com 8 a 10 cm de diâmetro, sépalas e pétalas lineares, medindo respectivamente de 2,7 a 3, e 1,9 a 2,3 cm de comprimento; duas séries de filamento de coroa; frutos ovoides e sementes achatadas (Cervi, 1997).

A expansão dos elementos florais durante a antese de *P. mucronata* ocorre em 15 segundos, as flores abrem-se durante a noite, e a polinização é realizada por morcegos (Sazima e Sazima, 1978). *P. mucronata* é uma espécie autoincompatível (Silva et al., 2005; Meletti et al., 2011) e apresenta padrões de floração contínuos (Castro et al., 2012).

Estudos avaliando a viabilidade polínica de algumas espécies silvestres como *P. alata*, *P. suberosa*, *P. caerulea*, *P. mucronata*, *P. galbana*, *P. malacophylla*, *P. misera*, *P. rubra*, *P. laurifolia*, *P. pentagona*, *P. maliformis*, demonstraram que *P. mucronata* apresentou a melhor viabilidade polínica em relação às espécies analisadas (Pereira et al., 2005; Souza, 2011). Entretanto, os trabalhos relacionados a esta espécie são incipientes (Santos et. al., 2012).

As sementes de *P. mucronata* quando recém-colhidas possuem alto potencial germinativo (79,54%). Entretanto, à medida que se prolonga o tempo de armazenamento, a germinação diminui, obtendo-se a taxa de 0% aos 4 e 12 meses de armazenadas (Santos et al., 2012).

3.1.2.1.2. Aspectos econômicos do maracujazeiro

Antes da década de 60, o cultivo do maracujazeiro se restringia apenas aos quintais das residências; a produção industrial iniciou-se no final dos anos 60, em pequenas propriedades. Nos anos 80, a produção de maracujá no Brasil cresceu 2,62%, passando a assumir uma importância econômica, com a exploração dos frutos para fins industriais (Araújo, 1978; Collato, 2010).

Portanto, o cultivo industrial do maracujazeiro tem apenas 40 anos, sendo bastante significativo, ao se considerar que o país é o maior produtor mundial de

maracujá-azedo há mais de duas décadas (Meletti, 2011). A cultura do maracujá abrange todos os Estados brasileiros, sendo a Bahia o maior produtor, cuja produção foi 320.945 t em 2012, com um rendimento médio de 10.720 kg/ha de maracujá (Borges e Souza, 2010; IBGE, 2012).

Até o início do ano 2000, o comércio de sementes selecionadas e de boa qualidade não estava estabelecido, e ainda não existiam cultivares de maracujazeiro. Apenas ao final do referido ano, foi lançada no mercado cultivares e mudas selecionadas de maracujazeiro, o que permitiu um avanço na produção, visto que, nos pomares que utilizaram sementes melhoradas, associadas à tecnologia de produção recomendada para a cultura, ocorreu um aumento significativo da produtividade (Meletti, 2011).

3.1.2.2. Fusariose

As doenças cujos agentes causais habitam o solo são as mais difíceis de serem controladas, dentre estas, destacam-se, no maracujazeiro, a murcha de *Fusarium*, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* Schl. f. sp. *passiflorae* Purs; e a podridão do colo, causada pelo fungo *Fusarium solani* (Mart.) Sacc. (forma assexuada de *Nectria haematococca* Berk & Br.) (Braga et al., 2006; Leão, 2011).

A morte prematura, doença de causa desconhecida, tem sido atribuída ao *Fusarium oxysporum* f. *Passiflorae*, *Fusarium solani*, e a outros fungos de solo como a *Phytophthora* spp., afetando a produção do maracujazeiro em todo o País (Roncatto et al., 2004).

Segundo Fisher (2005), a podridão do colo do maracujazeiro, causada por *Fusarium solani* (*Nectria haematococca*) e *Phytophthora* spp. é um dos principais problemas da cultura no Brasil, sendo responsável pelo decréscimo da produtividade e constantes migrações da cultura.

A murcha de fusarium causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *Passiflorae* também é um dos fatores limitantes no cultivo do maracujazeiro, já que, uma vez que a planta foi infectada pelo patógeno, não existe forma de controle curativo (Silva et al., 2013).

A ocorrência de *Fusarium* spp. em associação com outros potógenos de solo, como os nematoides (*Meloidogyne* spp.) e *Phytophthora* spp., pode

ocasionar uma redução de até 80% na produtividade do maracujazeiro (Amata et al., 2009).

Em duas variedades de maracujá-azedo, Maguari e Afruvec, quando inoculadas com o complexo *Fusarium solani-Meloidogyne incognita* raça 3, foi possível observar que o fungo *F. solani*, por si só, foi capaz de infectar as duas variedades, entretanto, maior severidade da fusariose foi observada quando em inoculação conjunta com *M. incognita* na variedade 'Afruvec', evidenciando a interação sinérgica dos patógenos. A interação não foi verificada na variedade 'Maguari', porque esta é resistente ao *M. incognita* (Fischer et al. 2010).

O fitonematoide, além de facilitar a penetração do fungo devido aos ferimentos provocados nas raízes, predispõe o hospedeiro fisiologicamente à atuação do fungo (Cia e Salgado, 2005; Fischer et al., 2010).

A interação entre o fungo *Fusarium spp.* e fitonematoides foi verificada em várias culturas, tais como, feijão (France e Abawi, 1994; Carneiro et al., 2010), algodão (Starr et al., 1989), alfafa (Griffin e Thyr, 1988), tomate (Ansari et al., 2012) dentre outras.

O *F. solani* produz dois tipos de esporos assexuados, os micronídios e os macronídios, sendo os micronídios ovalados, uni ou bicelulados e formados nas extremidades dos microconidióforos, enquanto os macroconídios são fusiformes, multisseptados e são formados a partir dos conidióforos. O *F. solani* em sua forma teleomórfica é denominado *Nectria haematococca*, um ascomiceto que produz peritécios, no interior dos quais se formam os ascos. Os peritécios são superficiais em relação aos tecidos do hospedeiro, ligeiramente globosos, de cor laranja-claro a marrom-claro e ocorrem em profusão sob alta umidade nas regiões tropicais (Windels, 1991; Fischer et al., 2005; Silva, 2011). O *F. oxysporum* também apresentam micronídios e macronídios, entretanto, os micronídios são unicelulares e produzidos em fiálides curtas situadas diretamente nas hifas ou ramos finais dos conidióforos, e os macronídios são falcados quase retos, apresentando três a cinco ceptos (Ito, 2004; Pedrozo, 2009). Por apresentar mais de uma origem filogenética, o *F. oxysporum* é considerado uma espécie heteromórfica (Ito, 2004).

Ambos, o *F. solani* e o *F. oxysporum*, possuem estruturas de resistência denominada clamidósporos e, devido a esta estrutura, o patógeno permanece

viável no solo por um período de até 8 anos (Frias, 2014), o fungo também pode sobreviver em restos culturais (Balardin et al., 1990; Frias, 2014;).

O micélio dos fungos do gênero *Fusarium spp.* invade o tecido vascular e, junto com os conídios, bloqueiam o xilema, não permitindo a passagem da água, de forma que, quando uma quantidade suficiente de vasos é bloqueada, ocorre a murcha. A murcha também pode ser ocasionada por toxinas produzidas pelos fungos do gênero *Fusarium oxysporum*, as quais afetam a permeabilidade das membranas celulares, interrompendo o metabolismo celular (Monteiro, 2004).

Em suma, o sintoma provocado pela presença do patógeno na planta inicia-se com o amarelecimento e perda de turgescência dos brotos, seguida de murcha e seca da planta, resultado da podridão do colo e do sistema radicular (Fischer, 2005).

Observa-se, no colo da planta infectada, podridão seca e corticosa, os tecidos tornam-se intumescidos, com rachaduras e, internamente, a casca apresenta-se marrom avermelhada com tecidos firmes e aderidos ao câmbio. A doença ocorre em reboleiras, disseminando-se de uma planta para a outra. É importante ressaltar que o patógeno tem preferência por solos argilosos, encharcados e ricos em matéria orgânica (Aguiar et al., 2010).

A utilização de cultivares resistentes ao *Fusarium* é a medida de controle mais eficiente e menos onerosa para os agricultores (Pereira, 2007; Pereira et al., 2011). Portanto, os programas de melhoramento de maracujazeiro têm realizado prospecção de resistência dentro do gênero *Passiflora* (Fischer et al., 2010; Aguiar et al., 2010; Aramburo, 2012).

No caso dos fungos do gênero *Fusarium*, muitos trabalhos têm sido realizados visando ao estudo da herança da resistência em diversas culturas acometidas por esse fitopatógeno (Gridi-Papp et al., 1979; Pereira, 2007; Pereira et al., 2011).

Em algodão, a resistência ao *Fusarium oxysporum*, foi classificada como resistência horizontal, ou seja, a resistência ocorre devido à expressão de vários genes de efeito menor, os quais juntos conferem a resistência (Gridi-Papp et al., 1979).

Em *Passiflora*, muitos estudos já foram realizados com o objetivo de se obterem genótipos de *P. edulis* resistentes ao *Fusarium solani*, existindo evidências de diversidade genética na população do fungo. Por isso, em testes de

seleção visando à obtenção de genótipos de maracujazeiro resistentes ao *Fusarium solani*, recomenda-se que a avaliação desses genótipos seja realizada em diferentes localidades com histórico da doença ou que se faça inoculação com uma mistura de isolados do fungo, a fim de se conhecer a resistência ampla do genótipo ao patógeno (Bueno et al., 2010).

Trabalhos visando à resistência ao *Fusarium* em espécies silvestres também têm sido desenvolvidos, e espécies como a *P. nitida*, *P. laurifolia*, *P. alata*, *P. maliformis*, *P. suberosa*, e *P. mucronata* apresentaram resistência ao patógeno (Roncatto et al., 2004; Fischer et al., 2005; Fischer et al., 2010).

Não foram verificados, na literatura, relatos de estudos com híbridos oriundos de cruzamento entre espécies silvestres de passiflora resistentes ao *Fusarium*, e a espécie cultivada *P. edulis*.

3.1.2.3. Melhoramento de *Passiflora* no Brasil

Os problemas fitossanitários têm reduzido o tempo de exploração econômica da cultura do maracujazeiro e até mesmo inviabilizado o seu cultivo em determinadas regiões (Fischer et al., 2005; Fischer et al., 2010). A vida útil do pomar, que antes era de 5 a 6 anos, passou a ser de 1 a 2 anos (Ruggiero et al., 1996; Pinto et al., 2008).

Portanto, os problemas fitossanitários são uma das causas da queda na produtividade do maracujá-azedo (Fischer et al., 2010) e posterior redução da área plantada em importantes Estados produtores (Pinto et al., 2008). Mediante tais problemas, tem-se aumentado a preocupação dos programas de melhoramento, não somente em obter variedades com características agrônômicas desejáveis, mas também resistentes a doenças e pragas (Pinto et al., 2008).

Dentre as doenças que acometem o maracujazeiro, encontram-se a mancha-bacteriana (*Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*); a queima-da-teia-micélica (*Thanatephorus cucumeris*); a antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*); o vírus do endurecimento dos frutos (CABMV); a verrugose (*Cladosporium herbarum* e *Sphaceloma* sp.); a fusariose (*Fusarium solani* e

Fusarium oxysporum); a murcha-bacteriana (*Ralstonia solanacearum*); e seca dos ramos (*Phomopsis sp.*) (Trindade et al., 2000; Junqueira et al., 2003; Leão et al., 2006; Fischer et al., 2007; Pinto et al., 2008; Pinto et al., 2009; Ishida e Halfeld-Vieira, 2009; Oliveira et al., 2013).

A doença de maior importância econômica para a cultura é o endurecimento dos frutos, causada pelo vírus *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) (Pinto et al., 2008; Pinto et al., 2009). O endurecimento dos frutos foi detectado em pomares brasileiros a partir da década de 1970 e, desde então, afeta severamente a produtividade da cultura, o valor comercial dos frutos e o período economicamente produtivo (Pio-Ribeiro e Mariano, 1997; Pinto et al., 2008).

As condições de elevadas de umidades e temperaturas, em regiões produtoras de maracujá, favorecem a ocorrência e incidência de doenças bacterianas, tais como, as ocasionadas por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*, bactéria que promove lesões nas folhas do maracujazeiro, as quais podem se estender pelo sistema vascular até os pecíolos e ramos, provocando queda prematura das folhas, secagem dos ramos e morte da planta (Kososki et al., 2008). Outra doença importante é a podridão do colo do maracujazeiro, causada por *Fusarium solani*, promovendo a podridão do colo e do sistema radicular e, conseqüentemente, o amarelecimento e perda de turgescência dos brotos, seguida de murcha e seca da planta (Fischer et al., 2005).

O melhoramento genético do maracujazeiro no Brasil tem como principais objetivos a qualidade dos frutos e produtividade, a incorporação de resistência e/ou tolerância a pragas e doenças (Cunha, 2013). Os aspectos referentes à resistência às doenças têm sido levados em consideração, uma vez que podem afetar a produtividade dos frutos (Meletti et al., 2005).

O avanço de novas áreas cultivadas e o favorecimento de infestações de pragas e doenças faz com que os melhoristas de *passiflora* concentrem os seus esforços na introgressão de genes de resistência nas atuais cultivares (Meletti, 2011).

Entre os vários métodos de melhoramento aplicáveis ao maracujazeiro, a seleção massal tem sido o mais utilizado (Pimentel et al., 2008). Este método promove o aumento da frequência de genes favoráveis, que é mais efetiva para caracteres de ampla variabilidade, sendo este método mais eficiente para

caracteres de fácil mensuração e com considerável herdabilidade ou em populações com alta variabilidade (Bruckner et al., 2002; Bruckner et al., 2005).

Segundo Viana et al. (2007), o fato de a escolha dos melhores indivíduos na seleção massal se basear no fenótipo do genitor feminino não tem permitido a obtenção de resultados consistentes em relação ao aumento da frequência de alelos favoráveis para as características de interesse. Os referidos autores relatam que em maracujazeiro deve-se priorizar a escolha de ambos os genitores, com atenção maior a teste de progênies e, possivelmente, de irmãos completos, o que acarretará ganhos genéticos superiores em relação à seleção massal e suas derivações.

A seleção recorrente, como método de melhoramento intrapopulacional associado às ferramentas biométricas, tem promovido sucesso na seleção de genótipos superiores na cultura do maracujazeiro. Entretanto, a utilização deste método nos programas de melhoramento de maracujazeiro ainda é restrita (Reis et al., 2011).

Segundo Silva et al. (2009), no desenvolvimento de um programa de seleção recorrente em maracujazeiro, a seleção de progênies superiores pode ser realizada na fase de avaliação e na fase de geração das progênies, o que possibilita a maximização dos ganhos genéticos durante os ciclos de seleção recorrente.

No melhoramento do maracujazeiro, a transferência de genes de resistência de espécies silvestres para as comerciais tem sido realizada por meio de hibridações interespecíficas seguidas de um programa de retrocruzamentos auxiliados por marcadores moleculares (Fonseca et al., 2009).

A hibridação interespecífica pode não ser bem sucedida devido a problemas no sistema reprodutivo, decorrente de barreiras de pré-fertilização, tais como, a falta de germinação do grão de pólen e o retardamento ou inibição do crescimento do tubo polínico. E barreiras de pós-fertilização, como a morte do embrião devido à degeneração do endosperma, e a esterilidade total ou parcial das plantas híbridas (Pereira et al., 2010).

Portanto, o sucesso da hibridação interespecífica depende da relação filogenética entre as espécies envolvidas no cruzamento, tornando-se necessário que as espécies a serem combinadas apresentem homologia cromossômica, e ausências das demais barreiras de pré ou pós-fertilização, garantindo assim a

viabilidade do híbrido. Caso contrário, poderá haver problemas de incongruidade, ou seja, incompatibilidade entre as espécies (Britto, 2013).

Nos últimos anos, vários trabalhos com *Passiflora* têm sido desenvolvidos, com o objetivo de se conhecer as diversas espécies de *Passiflora*, tais como: avaliações de populações de *Passiflora* obtidas de polinização abertas (Martins et al., 2003); características físico-químicas e produtividade de acessos de *Passifloras* silvestres como a *P. nitida* (Junqueira et al., 2010); estudo da viabilidade polínica de espécies silvestres (Cruz et al., 2008; Costa et al., 2009); utilização de descritores morfológicos em estudos de divergência genética entre acessos de *Passiflora* (Araújo et al., 2008), entre progênies (Negreiros et al., 2008) e entre espécies (Crochemore et al., 2003b); e hibridação entre espécies silvestres de *passifloras* (Conceição et al., 2011).

3.1.2.3.1 Melhoramento de *Passiflora* visando resistência à doença

Com o objetivo de selecionar genótipos de *P. edulis* resistentes às doenças que acometem a cultura, as instituições de pesquisa que desenvolvem trabalho de melhoramento com *Passiflora* têm avaliado diferentes acessos de *P. edulis* (Pinto et al., 2008; Melo e Oliveira, 2008).

Os resultados de pesquisas têm demonstrado uma variação na resistência e/ou suscetibilidade em acessos quando inoculados com o vírus CABMV (Mello, 2009), *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae* (Kosowski et al., 2008), e *Fusarium solani* (Fischer et al., 2005), sendo este resultado explicado pela existência de alta variabilidade entre genótipos de *P. edulis* (Ganga et al., 2004; Fischer et al., 2005; Bellon et al., 2007).

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

O Brasil possui uma grande diversidade de espécies de *Passiflora* (Crochemore et al., 2003b; Peixoto, 2005; Kosowski et al. 2008), e vários trabalhos têm sido desenvolvidos com *Passifloras* silvestres, visando detectar resistência às

doenças (Roncatto et al., 2004; Fischer et al., 2005; Junqueira et al., 2006a, 2006b; Melo, 2008; Junqueira et al., 2008; Alves, 2008; Fischer et al., 2010).

A utilização de espécies silvestres no melhoramento genético tem sido bastante promissora, principalmente como fontes de genes de resistência aos fatores de estresse bióticos (Faleiro, 2006; Paula et al., 2010). Desta forma, a obtenção de híbridos interespecíficos de *Passiflora* proporciona ganhos agrônômicos à espécie cultivada, obtendo-se novos genótipos (Junqueira et al., 2008).

Contudo, torna-se necessário um prévio conhecimento das espécies a serem utilizadas em programas de melhoramento, principalmente no que se refere à existência de compatibilidade entre as espécies em que se pretenda realizar polinização interespecífica (Junqueira et al. 2008).

Muitos trabalhos têm confirmado a viabilidade de cruzamento interespecífico entre diversas espécies de *Passiflora*: *P. laurifolia* e *P. nitida*; *P. edulis* e *P. coccinea*; *P. caerulea* e *P. amethystina*; *P. glandulosa* e *P. galbana*; *P. coccinea* e *P. actinia*; *P. glandulosa* e *P. edulis*; *P. sidaefolia* e *P. actinia*; *P. galbana* e *P. actinia*; H₁ (*P. coccinea* e *P. setacea*) e *P. coccinea*; H₁ (*P. coccinea* e *P. setacea*) e *P. mucronata*; *P. eichleriana* e *P. gibbertii*; *P. galbana* e *P. edulis*; *P. glandulosa* e *P. edulis*; *P. glandulosa* e *P. sidaefolia*; *P. coccinea* e *P. setacea*; *P. capsularis* e *P. rubra*, *P. palmeri* e *P. foetida* (Junqueira et al., 2008; Amorim et al., 2011; Santos et al., 2011).

O índice de cruzabilidade entre diferentes espécies silvestres e destas com *P. edulis* foi relatado por Junqueira et al. (2005). Segundo estes autores, além da compatibilidade genética e obtenção do híbrido, existem problemas referentes à produção de sementes, número de sementes produzidas e viabilidade da semente híbrida.

Espécies como *P. setacea*, *P. coccinea*, *P. glandulosa*, *P. mucronata*, *P. galbana* e *P. caerulea* cruzam muito bem com *P. edulis*, produzindo frutos com muitas sementes viáveis. Entretanto, algumas espécies utilizadas como genitor feminino, nos cruzamentos com *P. edulis*, dificilmente geram frutos com alguma semente, e esse problema se repete na geração RC₁ (Junqueira et al., 2006a).

3.1.2.3.2 Respostas de espécies e híbridos de *Passiflora* a patógeno

Algumas espécies silvestres de *Passiflora* e híbridos interespecíficos destas com *P. edulis* apresentaram baixos valores para a área abaixo da curva de progresso das lesões provocadas por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*, apresentando-se como promissoras fontes de resistência à bacteriose em programas de melhoramento genético do maracujazeiro cultivado (Junqueira, 2008).

As espécies *P. alata*, *P. quadrangularis*, *P. morifolia*, *P. serrato-digitata*, *P. suberosa* e *P. foetida* apresentaram suscetibilidade ao *Passion flower little mosaic virus* (PLLMV), vírus que em 2001 causou danos severos apenas em plantios de *P. edulis* em dois municípios do Estado da Bahia, enquanto as espécies *P. caerulea*, *P. cincinnata*, *P. nitida*, *P. mucronata* e *P. giberti* foram resistentes ao vírus (Alves, 2008).

Trabalho realizado com *P. alata*, *P. amethystina*, *P. caerulea*, *P. cincinnata*, *P. foetida*, *P. gibertii*, *P. laurifolia*, *P. maliformes*, *P. morifolia*, *P. mucronata*, *P. nitida*, *P. quadrangulari*, *P. serrato-digitata*, *P. suberosa* e quatro diferentes acessos de *P. edulis*, visando testar a resistência a diferentes isolados do vírus CABMV, demonstrou que apenas *P. suberosa* foi resistente a todos os isolados (Marciel et al., 2009).

A resistência a isolados de *Nectria haematococca*, fungo que causa a podridão do colo em plantas de *Passiflora*, foi verificada nas espécies *P. alata*, *P. caerulea*, *P. cincinnata*, *P. coccinea*, *P. serrato-digitata*, *P. foetida*, *P. gibertii*, *P. laurifolia*, *P. maliformis*, *P. morifolia*, *P. nitida*, *P. pohlii*, *P. quadrangularis*, *P. setacea*, *P. sidaefolia*, *P. suberosa* e em genótipos de *P. edulis*, por Fischer et al. (2005). Os referidos autores observaram que as espécies *P. nitida*, *P. laurifolia* e *P. alata* apresentaram as menores médias de lesões provocadas pelo fungo.

Em áreas com histórico de morte prematura de plantas, foi verificado que acessos das espécies *P. gibertii* e *P. nitida* apresentaram resistência à doença, não sendo encontradas fontes promissoras de resistência nas espécies *P. edulis*, *P. cincinnata*, *P. laurifolia*, *P. morifolia*, *P. foetida* e *P. capsularis* (Roncatto et al., 2004).

A espécie *P. mucronata* tem apresentado resistência aos isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*, além disso, híbridos de *P. edulis* com as espécies silvestres *P. caerulea*, *P. vitifolia* e *P. mucronata* também

apresentaram elevada resistência à bacteriose (Junqueira, 2010; Fuhrmann, 2011). A *P. mucronata* também é citada como portadora de resistência à antracnose em folhas e frutos (Fuhrmann, 2010).

Segundo Junqueira et al. (2006a), híbridos do cruzamento entre *P. galbana*, *P. nitida* e *P. mucronata* com *P. alata* e *P. edulis* já foram obtidos. Mas até o momento não se tem acesso às publicações referentes a esses trabalhos.

Em 2003, os Municípios de Campos dos Goytacazes e São Francisco do Itabapoana, ambos no Estado do Rio de Janeiro, obtiveram grandes perdas na produtividade de *P. edulis*, ocasionado por *F. solani*, sendo a espécie *P. mucronata* identificada por produtores locais como resistente à podridão do colo. Quatorze plantas de *P. mucronata* foram inoculadas com o fungo, tendo como testemunha *P. edulis*. Nenhuma das plantas de *P. mucronata* desenvolveu cancos típicos da doença, apenas uma lesão cicatrizada decorrente da inoculação, enquanto as plantas-controle desenvolveram sintomas severos (Fischer et al., 2005). Entretanto, como porta-enxerto, a utilização de *P. mucronata* não foi muito eficiente no controle de *Fusarium* (Fischer et al., 2010).

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Obtenção da população

O material vegetal foi constituído de dois genótipos da espécie *P. mucronata* (acesso Bahia) e dois genótipos da espécie *P. edulis*, cultivados em casa de vegetação, no *campus* da UENF. Os genótipos de maracujazeiro-azedo utilizados foram obtidos do programa de seleção recorrente da UENF (Silva et al., 2009).

Foram realizadas hibridações interespecíficas entre os genótipos de *P. mucronata* e *P. edulis*, os cruzamentos foram recíprocos, para o estudo da compatibilidade genética entre as espécies e obtenção de híbridos. As flores das plantas foram protegidas com saco de papel 1 dia antes da antese.

As anteras das flores de *P. mucronata* foram coletadas entre 2h às 2h30min e armazenadas em placa de petri contendo sílica gel e papel filtro em geladeira a 20C° até as 12h, período da antese de *P. edulis*. As anteras de *P. edulis* foram coletadas às 12h e armazenadas da mesma forma que as anteras de *P. mucronata*, até as 2h30min, período em que todas as flores de *P. mucronata* encontravam-se abertas. Realizaram-se 44 hibridações utilizando *P. mucronata* como genitor feminino e 46 como genitor masculino.

A transferência de pólen para o estigma foi realizada com o auxílio de pinça, esfregando-se cuidadosamente a antera sobre o estigma de cada flor, protegida anteriormente com saco de papel (Figura 1). As flores foram etiquetadas e, 5 dias após a polinização, foi verificada a taxa de pegamento (número de frutos obtidos x 100 ÷ pelo número de polinizações realizadas), sendo considerada fertilizada a flor que tivesse iniciado o desenvolvimento do fruto.

Para a obtenção das percentagens de germinação, sementes de cada progênie obtida foram semeadas em bandejas de isopor, contendo substrato comercial. A germinação foi avaliada, a partir do 8º dia após a semeadura, pela porcentagem de plantas emergidas.

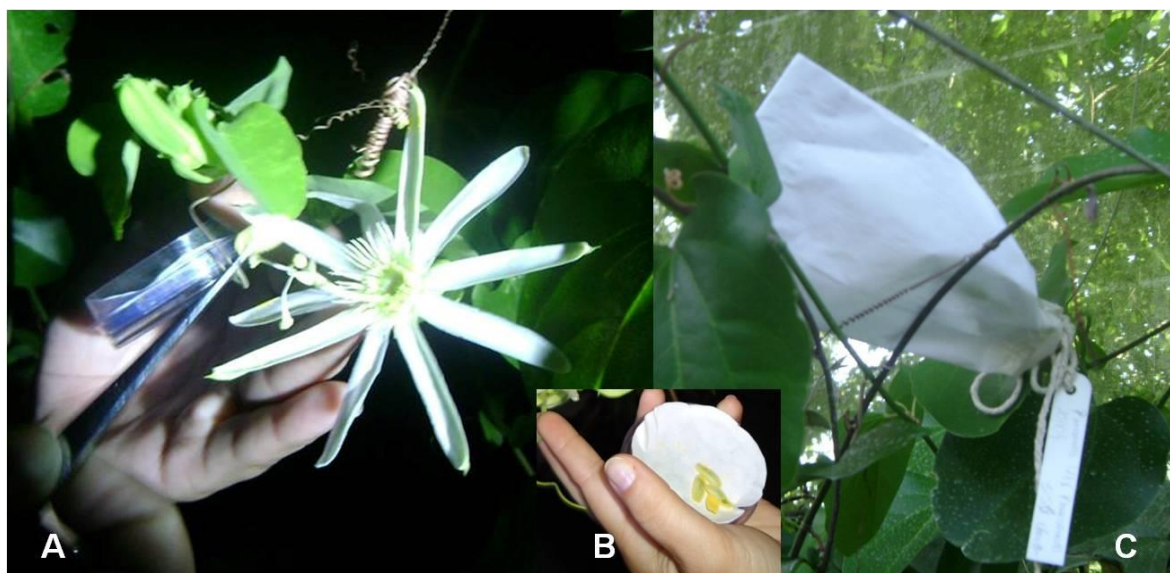


Figura 1. A) Polinização em flor de *P. mucronata*, B) Anteras da espécie *P. edulis*; C) Proteção e identificação do botão floral após polinização.

3.1.3.2. Caracterização morfológica da população

3.1.3.2.1. Material vegetal

No dia 15 de fevereiro de 2012, as 32 plântulas híbridas emergidas que sobreviveram foram transplantadas para sacos plásticos contendo substrato com capacidade para 2,5 L. Em 12 de abril de 2012, 12 mudas de genótipos híbridos foram transplantadas para vasos plásticos com capacidade para 14 L, contendo solo. Essas mudas foram conduzidas em casa de vegetação, para obtenção de biomassa fresca da parte aérea, para confecção de estacas de cada genótipo (Figura 2.). Entretanto, duas dessas mudas lançaram folhas novas, mas não se desenvolveram, apresentaram superbrotações e foram diferentes de todas as demais mudas, morrendo 210 dias após o transplante para o vaso plástico.

No mês de janeiro de 2013, foram obtidas estacas dos dez genótipos híbridos, dois genótipos de *P. edulis* e dois genótipos de *P. mucronata*. As estacas foram colocadas para enraizar em substrato comercial, sem a utilização de fitorreguladores.

No dia 29 de maio de 2013, nove mudas clonais de cada genótipo híbrido e de seus parentais (Tabela 1) foram levadas para campo, experimento em blocos ao acaso, em área situada na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, na região Norte do Estado do Rio de Janeiro, com latitude sul de 21° 45', longitude 41° 20' W e 11 m de altitude. O sistema de condução utilizado foi o de espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m de altura, espaçados a 4 m e com um fio de arame número 12 a 1,80 m do solo (Figura 2). A distância entre as linhas de plantio foi de 3,5 m. Os tratamentos culturais foram os recomendados para a cultura do maracujazeiro (Costa et al. 2008). As avaliações dos caracteres morfológicos vegetativos e florais foram realizadas durante o período de maio de 2013 a maio de 2014.



Figura 2. Genótipos híbridos, obtidos do cruzamento interespecíficos entre *P. mucronata* e *P. edulis*, e seus parentais, em vaso na casa de vegetação para estaqueamento e em campo para caracterização.

Tabela 1. Identificação dos genótipos parentais, progênes e híbridos avaliados.

Genitores		
Espécie	Identificação de campo	Genótipo
<i>P. edulis</i>	89 (11)	2
<i>P. edulis</i>	139 (21)	12
<i>P. mucronata</i>	127	4
<i>P. mucronata</i>	PS	5
Híbridos		
Progênes		Genótipo
127 x 139 (21)		13
127 x 139 (21)		6
127 x 139 (21)		10
127 x 139 (21)		8
127 x 139 (21)		9
127 x 139 (21)		7
127 x 139 (21)		3
127 x 139 (21)		11
89 (11) x 127		14
PS x 139 (21)		1

3.1.3.2.2. Descritores avaliados

Os genótipos foram caracterizados utilizando-se descritores qualitativos (tabela 2) e quantitativos (tabela 3), presentes na lista do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA), elaborada pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares para fins de registro e proteção de cultivares de maracujazeiro.

Tabela 2. Descritores morfológicos qualitativos observados em nove clones de cada um dos dez genótipos híbridos, dois genótipos de *P. mucronata* e dois genótipos de *P. edulis*. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014

Descritores	Classes observadas de acordo com os descritores para <i>Passiflora spp.</i> (MAPA)
Cor do ramo	3: verde-arroxeadada
Forma da folha	1: cordata; 2: fendida
Divisão do limbo foliar	1: simples; 3: trilobada
Sinu	1: presente; 2: ausente
Profundidade do sinu	1: rasa; 2: média; 3: profunda
Pilosidade	1: ausente
Nectário	1: adjacente ao limbo; 2: próximo ao meio

Tabela 3. Descritores morfológicos quantitativos observados em nove clones de cada um dos 10 genótipos híbridos, dois genótipos de *P. mucronata* e dois genótipos de *P. edulis*. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

Descritores de folha	
Diâmetro do caule em mm (DCA)	- na altura do primeiro nó do eixo principal
Comprimento da folha em mm (CFL)	- medida longitudinal da maior extremidade
Largura da folha em mm (LFL)	- medida transversal da maior dimensão
Comprimento do pecíolo em mm (CPC)	- da inserção no caule até a inserção na folha
Descritores de flor	
Diâmetro da flor em mm (DF)	- partir dos pontos extremos da flor
Diâmetro da corona em mm (DCO)	- partir dos pontos extremos dos filamentos da corona
Comprimento de pétala em mm (CP)	- desde a inserção na flor até o ápice
Comprimento de sépala em mm (CS)	- desde a inserção na flor até o ápice
Largura da pétala em mm (LP)	- da maior dimensão
Largura de sépala em mm (LS)	- da maior dimensão
Comprimento do pedúnculo floral em mm (CPD)	- a partir da inserção no receptáculo da flor até a inserção no caule
Comprimento do androginóforo em mm (AA)	- em toda a extensão que sustenta os órgãos sexuais
Comprimento do ovário em mm (CO)	
Comprimento da bráctea em mm (CB)	- desde a inserção no pedúnculo até o ápice

Cont. Tabela 3

Descritores de fruto	
Massa média de frutos em g (PFR)	- obtida com balança digital semianalítica, sendo todos os frutos maduros coletados no período avaliado
Diâmetro longitudinal do fruto em mm (DLF)	- determinado na região longitudinal dos frutos com o auxílio de um paquímetro digital
Diâmetro transversal do fruto em mm (DTF)	- determinado na região equatorial dos frutos com o uso de um paquímetro digital
Espessura da casca em mm (ECA)	- determinada por meio da média aritmética das medidas de quatro pontos da casca externa na porção mediana dos frutos (cortados transversalmente, no sentido de maior diâmetro), com utilização de paquímetro digital
Massa da polpa em g (PP)	- obtida por meio da pesagem da polpa (sementes com arilo), com o auxílio de balança semianalítica
Teor de sólidos solúveis totais (SST)	- obtido por refratometria, utilizando-se -- - - refratômetro digital portátil ATAGO N1, com leitura na faixa de 0 a 32° brix; e número de sementes (NS).

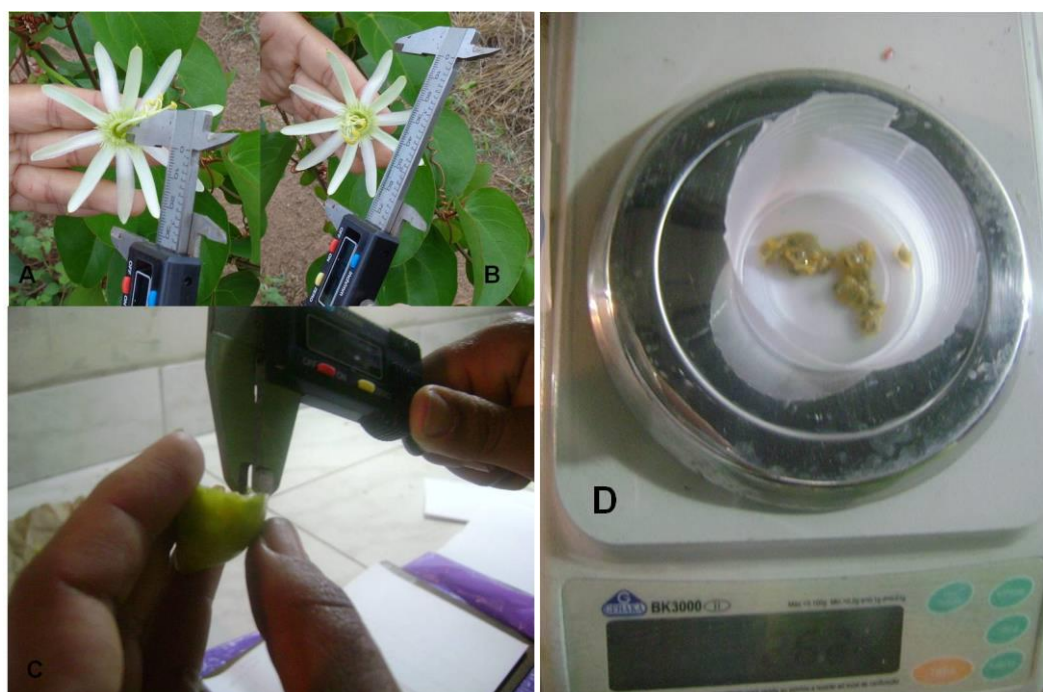


Figura 3. Dados morfológicos de flor e fruto. A) medição do comprimento da pétala; B) medição do diâmetro da flor; C) medição da espessura da casca do fruto e; D) massa de polpa de híbrido.

3.1.3.3. Teste de patogenicidade

Foi realizado estaqueamento dos nove híbridos e seus parentais e de um acesso de *P. mucronata* proveniente do Município de São Francisco de Itabapoana - RJ. As estacas foram transplantadas para sacos plásticos com capacidade para 0,5 L de substrato. No momento do transplante, realizou-se a poda da parte aérea, deixando uma haste de cerca de 30 cm de comprimento, bem como a das raízes, as quais foram cortadas nas extremidades.

O fungo *Fusarium solani* (CF/UENF 311), originário da região Norte Fluminense foi cedido pela Clínica Fitossanitária da UENF. O mesmo tem sido mantido sob armazenamento em água destilada esterilizada e cultivado por repicagens sucessivas em placas de petri contendo meio de cultura "BDA".

A inoculação do fungo foi realizada utilizando-se a raspagem do micélio e conídios de um disco de 0,8 cm de diâmetro da superfície da colônia do fungo cultivado, e a massa de inóculo foi então colocada em um ferimento realizado, com estilete, na região do colo da muda, com o auxílio de um palito de dente autoclavado (Figura 4.). O local da inoculação foi protegido com uma bucha de algodão umedecido e envolvido por parafilme, a fim de manter uma câmara úmida no local. Em seguida, para garantir a inoculação, foram vertidos cerca de 2 ml de suspensão de esporos no substrato ao redor do caule da muda.

Aos 76 dias após a inoculação, as plantas foram levadas para a Clínica Fitossanitária da UENF, onde foram avaliadas quanto à incidência de fusariose. A parte aérea, acima de 20 cm de altura, foi então cortada e descartada. Avaliaram-se os sintomas da evolução da doença no caule e raízes, sendo externos (calo cicatricial, necrose, cancro e presença de peritécios) e internos (descoloração vascular). Também foram retirados e avaliados fragmentos do local da inoculação. Parte do coleto e das raízes foram observados sob microscópio (estereoscópico e de luz) e semeados em meio de cultura para reisolamentos do patógeno. Dessa forma, foi possível atribuir notas descritivas de 1 a 5, para avaliar os sintomas em cada indivíduo, sendo: 1 = Planta sadia; 2 = Planta sem sintoma externo e com sintoma interno; 3 = Planta com sintoma externo e interno; 4 = Planta morta e seca; e 5 = Planta com presença de peritécio na haste seca.

O reisolado do patógeno, quando ocorreu, serviu para cumprir os "Postulados de Koch" na comprovação da patogenicidade de *Fusarium solani*.



Figura 4. Inoculação do fungo *Fusarium solani* em genótipos híbridos, seus genitores, *P. edulis* e *P. mucronata* – BA, e em *P. mucronata* - RJ. A e B) corte efetuado com lamina no coleto das plantas; C) micélio e conídios raspados de um disco de 0,8 cm da superfície do meio de cultura; D e E) inoculação do patógeno por meio de palito de madeira e; F) aplicação de 2 ml de suspensão de esporos em substrato ao redor do caule.

3.1.3.4. Análise de variância para as características quantitativas

Realizou-se a análise de variância com base no modelo de blocos ao acaso com três repetições. Os dados foram analisados pelo Programa Genes (Cruz, 2013). A análise seguiu o modelo estatístico $Y_{ij} = \mu + g_i + B_j + e_{ij}$, em que:

Y_{ij} : onde i é o i -ésimo genótipo da j -ésima repetição;

μ : média geral do ensaio;

g_i : efeito do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, g$), (NID, 0, σ_g^2);

b_j : efeito do bloco j ($j = 1, 2, \dots, r$), (NID, 0, σ_b^2);

e_{ij} : erro experimental ou resíduo, (NID, 0, σ^2).

As médias das características quantitativas entre os genótipos foram comparadas pelo agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Para o estudo da divergência das características quantitativas, foi calculada a distância de Mahalanobis, e os genótipos foram agrupados pelo método UPGMA, utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2013).

3.1.3.4.1. Estimativas de parâmetros genéticos

Tabela 3. Modelo genético-estatístico com as esperanças dos quadrados médios utilizados na análise de variância dos descritores, em genótipos de população segregante de *Passiflora* e seus genitores.

FV	GL	QM	E (QM)
Bloco	b - 1	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Genótipo	g - 1	QMG	$\sigma^2 + b\sigma_g^2$
Resíduo	(g - 1) (b - 1)		σ^2
Total	gb - 1		

A partir da análise de variância das variáveis, foram obtidas as estimativas de esperança do quadrado médio. Os parâmetros estimados foram:

a) Variância ambiental (σ_a^2):

$$\sigma_a^2 = \frac{QME}{r}$$

b) Variância fenotípica (σ_f^2):

$$\sigma_f^2 = \frac{\sigma^2}{r} + \sigma_g^2$$

c) Variância genotípica (σ_g^2):

$$\sigma_g^2 = \frac{QMG - QME}{r}$$

d) Coeficiente de variação genético (CV_g):

$$CV_g = \frac{100\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{x}}$$

e) Coeficiente de variação experimental (CV_e):

$$CV_e = \frac{100\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{x}}$$

f) Índice de variação (IV):

$$IV = \frac{CV_g}{CV_e}$$

g) Herdabilidade (h^2):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma^2/r}$$

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1.4.1. Obtenção da população

Para a realização dos cruzamentos interespecíficos, tornou-se necessário o conhecimento do horário de abertura das flores de *P. mucronata*. A literatura relata que, na região de Monte Alegre do Sul – SP, a antese desta espécie ocorre no período das 18h até o início da manhã seguinte (Meletti et al., 2011). Entretanto isso não foi observado para a região do Norte Fluminense - RJ. No Norte Fluminense, observou-se que as flores da espécie *P. mucronata* abrem-se das 2h às 2h30min, e fecham entre 5h30min às 6h. Em dias nublados, com temperaturas amenas, foi possível observar que, em alguns genótipos, as flores ficavam abertas até as 10h aproximadamente. Souza et al. (2008) também verificaram que o fechamento das flores de *P. mucronata* no verão ocorreu umas 3 horas mais cedo que no inverno. Esses autores classificam a espécie *P. mucronata* como espécie de antese noturna, com abertura das flores entre 20h às 23h, permanecendo abertas durante um período de 10 a 12 horas.

Sazima e Sazima (1978) relatam que a antese das flores de *P. mucronata* ocorre de madrugada durante o período de 1 a 2 horas, estendendo-se até as 7 ou 10 horas, a depender das condições climáticas.

Foram realizadas 44 polinizações utilizando-se dois genótipos de *P. mucronata* como genitor feminino, e 46 utilizando dois genótipos de *P. edulis* como genitor feminino, sendo observada uma taxa de pegamento de 11,3 e 2,17% respectivamente (Tabela 4.).

Tabela 4. Número de flores polinizadas (nº fl.), frutos obtidos (nº fr.), taxa de pegamento (peg.%) de cruzamentos interespecíficos recíprocos entre as espécies *P. mucronata* e *P. edulis*, número de sementes obtidas (nº sem.) e a taxa de germinação das sementes híbridas. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

Cruzamentos	nº fl.	nº fr.	peg. %	nº sem.	germinação semente (%)
<i>P. mucronata</i> x <i>P. edulis</i>	44	5	11,36	516	20
<i>P. edulis</i> x <i>P. mucronata</i>	46	1	2,17	9	55,5

Quando a *P. mucronata* foi utilizada como genitor feminino, foram obtidos cinco frutos e 516 sementes, entretanto, apenas 20% destas sementes germinaram (Tabela 4). Ou seja, de um total de 516 sementes, apenas 103 sementes foram viáveis. Das 103 plantas obtidas, apenas nove genótipos sobreviveram e se desenvolveram para posterior caracterização morfológica. No cruzamento recíproco, nove sementes foram obtidas e apenas um genótipo sobreviveu.

A taxa de germinação de semente foi maior, 55,5%, quando *P. edulis* foi o receptor de grão de pólen. Todavia, apenas um fruto contendo nove sementes foi obtido, cinco sementes germinaram e um genótipo sobreviveu.

A obtenção de maior número de frutos e sementes no cruzamento em que *P. mucronata* foi receptora de grão de pólen pode ser devido a causas heteromórficas, ou seja, diferença no tamanho e forma das estruturas do sistema reprodutivo, uma vez que em *P. edulis* os grãos de pólen são maiores e em grande quantidade, quando comparados aos da *P. mucronata*.

A baixa percentagem de sementes híbridas viáveis pode ser decorrente de incongruidade, devido a barreiras de pós-fertilização, tal como a morte do embrião proveniente da degeneração do endosperma.

Problemas referentes à produção de sementes, número de sementes produzidas e viabilidade das sementes têm sido observados em trabalhos que visam estudar o índice de cruzabilidade entre diferentes espécies silvestres e destas com *P. edulis* (Junqueira et al., 2005).

Embora algumas espécies tenham sido utilizadas como genitor feminino nos cruzamentos com *P. edulis*, dificilmente geram frutos com alguma semente (Junqueira et al., 2006a). Os frutos obtidos dos cruzamentos em que a espécie *P. mucronata* foi utilizada como genitor feminino apresentaram um número de

sementes que variou de 52 a 230 (Tabela 5.). Entretanto 80% dessas sementes não germinaram. Conceição et al. (2011) também observaram baixa percentagem de germinação, 3, 12 e 18%, em sementes obtidas de cruzamentos interespecíficos entre *P. gardineri* x *P. alata*; *P. gardineri* x *P. gibertti* e *P. gardineri* x *P. watsoniana*, respectivamente.

Tabela 5. Progênies obtidas dos cruzamentos entre *P. mucronata* x *P. edulis* e o número de sementes por fruto. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

Progênies obtidas de <i>P. mucronata</i> como genitor feminino	Nº de sementes por fruto
127 ¹ x 139(86) ²	113
127 x 89(11) ³	52
S ⁴ x 139(21)	230
127 x 139(21)	121

¹e⁴ identificação do acesso de *P. mucronata* Bahia; ²e³ identificação do acesso de *P. edulis* UENF.

3.1.4.2. Caracterização populacional via parâmetros genéticos

A existência da variabilidade entre os indivíduos avaliados foi constatada por significância ($p < 0,05$) pelo teste F, para todas as características relacionadas à anatomia floral e para os caracteres comprimento (CFL) e largura (LFL) de folha (Tabela 6 e 7).

Na análise de variância, não foram observadas diferenças significativas entre os genótipos avaliados para as variáveis, diâmetro do caule (DCA) e comprimento do pecíolo (CPC). Observou-se que apenas o efeito do ambiente exerceu influência sobre essas características, de modo que a variância genética, para essas variáveis, foi inexistente, com valor igual a zero.

A não significância devido à ausência de variância genética também foi verificada por Silva et. al. (2009) para a característica espessura da casca, em híbridos oriundos de cruzamento intraespecífico de *P. edulis*.

Santos et. al. (2012) observaram diferenças significativas para todas as variáveis referentes à morfologia floral e para comprimento e largura da folha em progênies obtidas de cruzamento interespecífico entre duas espécies silvestres de *Passiflora*.

As variáveis CFL e LFL registraram variância genética (σ_g) de 42,07 e 191,02 respectivamente, com variância fenotípica (σ_f) de 49,47 e 199,20, variância ambiental (σ_e) de 7,40 e 24,53, respectivamente. A herdabilidade (h^2) para essas características foi de 85,03 e 95%. O IV foi maior que a unidade, condizendo assim, com os altos valores obtidos para a h^2 .

Os valores dos coeficientes de variação experimental (CV_e), variando entre 3,54 e 6,07%, inferem uma boa precisão do experimento.

Tabela 6. Análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos das características diâmetro do colete (DCA), comprimento da folha (CFL), largura da folha (LFL) e comprimento do pecíolo (CPC) em híbridos interespecíficos entre *P. mucronata* e *P. edulis*, e seus parentais. UENF, Campos dos Goytacazes, 2014.

FV	GL	DCA	CFL	LFL	CPC
		QM	QM	QM	QM
Bloco	2	2,34	21,91	117,74	1,40
Genótipo	13	0,843077 ^{ns}	148,42 ^{**}	646,69 ^{**}	3,03 ^{ns}
Resíduo	26	0,856923	22,209769	73,61411	3,78
Total	41				
Estimativa dos parâmetros					
σ_f		0,2810	49,47	199,20	1,01
σ_e		0,2856	7,40	24,53	1,26
σ_g		0,000	42,07	191,02	0,00
h^2		0,000	85,03	95,00	0,00
Cv_g		0,000	8,45	16,34	0,00
Cv_e		6,07	3,54	5,84	4,88
IV		0,000	1,37	2,79	0,00

^{ns} não significativo; ^{**} significativo a 1%; ^{*} significativo a 5%.

Com exceção da variável comprimento de pétala (CP), que apresentou h^2 de 55,70% (tabela 7), todas as demais características da morfologia floral avaliadas, apresentaram h^2 maior que 74%. Melo (2014), caracterizando progênies híbridas de *Passiflora*, relatou que as características florais apresentaram, no geral, alta herdabilidade.

As características florais são os descritores que mais contribuem para a divergência entre indivíduos, portanto, a alta herdabilidade para essas

características permite que a seleção seja realizada com base nesses caracteres, uma vez que estes são facilmente herdáveis e pouco influenciados pelo ambiente.

Os valores para IV para os descritores de flor variaram de 1,12 a 6,58%, e o CV_g de 1,88 a 54,16%. Portanto, os valores observados para IV foram superiores à unidade, indicando uma situação favorável para a seleção destas características (Vencovsky e Barriga, 1992; Souza, 2006).

Os menores valores observados para CV_g foram 1,88, 3,02 e 3,16%, observados para comprimento da sépala (CS), comprimento pétala (CP) e diâmetro da flor (DF), respectivamente. Valores de CV_g inferiores a 11% também foram verificados por Belo (2010) para estas variáveis em população de híbridos oriundos de cruzamento interespecíficos entre *P. gardneri* e *P. gibertii*.

A variável altura do androginóforo (AA) foi pouco influenciada pelo ambiente, com uma σ^2_f de 14,7 e σ^2_e de 0,99, enquanto a σ^2_g observada foi de 13,77. Portanto, grande parte da σ^2_f para este caráter se deve a fatores genéticos (Tabela 7).

Os CV_e para as variáveis morfológicas relacionadas à flor variaram de 1,10 a 14,48%, indicando acurácia e precisão na obtenção dos dados. Segundo Santos et. al. (2012), valores de CV_e , variando de 2,12 a 11,78%, em progênies híbridas oriundas de cruzamentos interespecíficos entre *P. subblanceolata* e *P. foetida*, são considerados de baixa a média magnitude.

Belo (2010) também encontrou CV_e de baixa a média magnitude, ao avaliar caracteres morfológicos em híbridos provenientes de cruzamentos entre *P. gardneri* e *P. gibertii*, com CV_e entre 5,87 a 31,88%.

A determinação dos parâmetros genéticos relacionados à morfologia de folha e flor foi de grande valia, uma vez que não existe nenhum documento publicado relatando e descrevendo progênies ou indivíduos oriundos de cruzamento envolvendo as espécies *P. edulis* e *P. mucronata*.

Tabela 7. Análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos das características de diâmetro da flor (DF); comprimento do pedúnculo (CPD); comprimento da pétala (CP); largura da pétala (LP); comprimento da sépala (CS); largura da sépala (LS); comprimento da bráctea (CB); largura da bráctea (LB); diâmetro da coroa (DC); altura do androginóforo (AA) e comprimento do ovário (CO) em híbridos interespecíficos entre *P. mucronata* e *P. edulis*, e seus parentais.

FV	GL	DF	CPD	CP	LP	CS	LS	CB	LB	DC	AA	CO
		QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM
Bloco	2	6,07	330,42	1,44	0,06	1,61	2,52	0,02	1,13	67,60	3,12	0,07
Genótipo	12	23,91**	2149,91**	6,63*	3,26**	2,04**	30,38**	48,00**	45,90**	1207,47**	44,30**	3,06**
Resíduo	24	3,55	192,20	2,93	0,21	0,52	1,97	1,10	1,87	80,47	2,99	0,36
Total	38											
Estimativa dos parâmetros												
σ_f^2		7,97	716,63	2,21	1,08	0,68	10,12	16,00	15,30	402,49	14,7	1,02
σ_e^2		1,18	64,06	0,97	0,07	0,17	0,65	0,36	0,62	26,82	0,99	0,12
σ_g^2		6,78	652,56	1,23	1,01	0,50	9,46	15,63	14,67	375,66	13,77	0,90
h^2		85,14	91,05	55,70	93,40	74,35	93,50	97,69	95,91	93,33	93,24	88,04
CV_g		3,16	28,24	3,02	12,38	1,88	36,40	20,82	38,76	54,16	11,93	12,30
CV_e		1,32	8,85	2,68	3,47	1,12	9,54	3,16	7,96	14,48	3,20	4,49
IV		2,39	3,19	1,12	3,56	1,67	3,81	6,58	4,86	3,74	3,72	2,73

** significativo a 1%; * significativo a 5% pelo teste F.

O genótipo 14, o único híbrido oriundo do cruzamento em que se utilizou *P. edulis* como genitor feminino, apresentou um bom crescimento vegetativo, entretanto, não floresceu (Figura 5). Por outro lado, todos os genótipos provenientes dos cruzamentos em que a espécie *P. mucronata* foi utilizada como genitor feminino floresceram (Figura 6).



Figura 5. Genótipo híbrido 14, oriundo do cruzamento *P. edulis* x *P. mucronata*.



Figura 6. Flor dos híbridos oriundos dos cruzamentos *P. mucronata* x *P. edulis*.

Observou-se que todos os genótipos híbridos que floresceram apresentaram coloração da flor similar às das flores da espécie *P. mucronata* (Figura 7).

King et al. (2007), cruzando *P. mucronata* e *P. racemosa*, também observaram que as progênes exibiram folhas e coloração de flor semelhantes à espécie *P. mucronata*, além de demonstrarem uma boa taxa de florescimento.

As flores dos híbridos apresentaram fechamento entre 6h às 7h, com antese noturna. Essas flores não são de coloração atraente e não apresentam características de flores polinizadas por insetos, entretanto, foi possível verificar algumas mamangavas visitando as flores durante a tomada de dados da anatomia floral.

Em relação aos caracteres morfológicos de flor, observou-se que os genótipos 2 e 12 foram alocados no mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott, diferenciando-se de todos os demais para as variáveis LP, LS, CB, LB, DCO, AA e CO. É importante salientar que os genótipos 2 e 12 correspondem aos acessos de *P. edulis* utilizados como genitores nos cruzamentos interespecíficos. Os genótipos híbridos foram significativamente semelhantes aos dos genitores correspondentes à espécie *P. mucronata* (genótipos 4 e 5) para essas variáveis.

Os menores valores médios para CPD foram 46,54 mm e 63,58 mm, verificados nos genótipos 2 e 12, respectivamente. Entretanto, estes genótipos apresentaram os maiores valores para LP (9,26 e 9,42 mm), LS (11,96 e 12,34 mm) e DCO (56,6 e 57,55 mm) (Tabela 8).

Os menores valores de AA também foram observados para os genótipos 2 e 12, sendo 18,17 e 17,40 mm, respectivamente.

Os genótipos 3, 5, 6, 9 e 13 tiveram os menores DF, e se classificaram no mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott. Os valores para DF encontrados para estes genótipos foram 77,5; 79,9; 80,6; 77,2 e 78,9 mm, respectivamente. Os genótipos 3, 5, 6, 9, 12 e 13 foram alocados no mesmo grupo para a variável CS, já que tiveram os menores valores para esta variável.

Os genótipos 3, 6, 9 e 13 são oriundos de uma mesma progênie e o genótipo 12 (*P. edulis*) é o genitor masculino utilizado no cruzamento interespecífico para a obtenção desta progênie, enquanto o genótipo 5 refere-se à espécie *P. mucronata*, utilizada como genitor feminino nos cruzamentos interespecíficos.

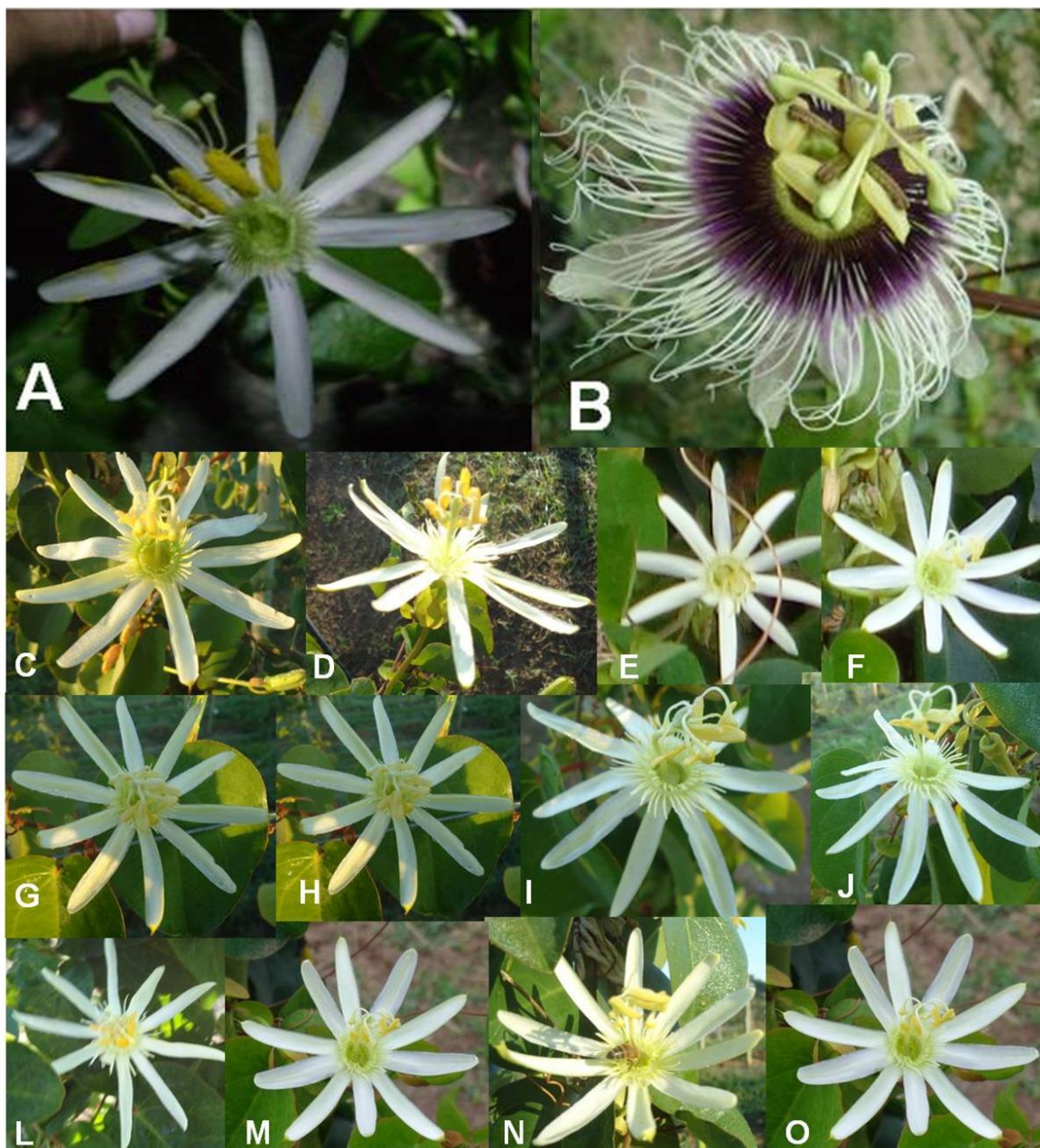


Figura 7. Flor da espécie *P. mucronata* (A); flor da espécie *P. edulis* (B); e flores dos híbridos oriundos dos cruzamentos interespecíficos entre *P. mucronata* e *P. edulis* (C, D, E, F, G, H, I, J, L, M, N, e O).

O valor médio encontrado para CS, no genótipo híbrido 7, foi significativamente superior ($p < 0,05$) aos verificados para os genótipos das espécies utilizadas como seus genitores (4, 5, 2 e 12).

Para as variáveis comprimento e largura de brácteas, os genótipos 2 e 12 apresentaram os maiores valores.

O genótipo híbrido 8 apresentou um valor médio intermediário entre os genitores, para a característica LP, obtendo o valor de 8,3 mm, diferindo ($P<0,05$) de todos os demais genótipos.

Para a variável CFL, o genótipo híbrido 14 foi o que apresentou o maior valor (93,820 mm), e os menores valores (68,76 e 68,98 mm) foram obtidos para os genótipos híbrido 1 e 3, respectivamente. Valores significativamente similares para a variável CFL foram observados entre os genótipos: 1 e 3; 4, 5, 9 e 10; 6, 7 e 13; 8 e 12 (Tabela 9).

Portanto, para a característica CFL, houve uma grande variabilidade entre os genótipos, com valores médios variando entre 93,82 a 68,76 mm.

É importante salientar que o genótipo híbrido 14 apresentou um valor médio para CFL superior aos obtidos por seus genitores, os genótipos 2 (*P. edulis*) e 4 (*P. mucronata*).

Para a característica LFL, não foi observada diferença significativa ($P<0,05$) entre os genótipos híbridos e os genótipos de *P. mucronata*, ambos formaram um único grupo. Os genótipos de *P. edulis* apresentaram os maiores valores médios para essa característica (128,68 e 103,90), diferindo-se entre si e entre os demais genótipos.

Tabela 8. Médias e desvio-padrão das variáveis morfológicas de flor em dois genótipos de *P. edulis* (2 e 12), dois genótipos de *P. mucronata* (4 e 5), e nove híbridos oriundos dos cruzamentos entre os genótipos de *P. mucronata* e os genótipos de *P. edulis*. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014

Trat	Variável										
	DF	CPD	CP	LP	CS	LS	CB	LB	DC	AA	CO
1	83,8 ± 3,8 a	124,3 ± 31,5 a	39,4 ± 15,3 a	7,6 ± 0,5 c	38,2 ± 2,1 b	6,9 ± 0,93 b	15,4 ± 2,0 b	6,4 ± 0,8 b	25,5 ± 2,5 b	27,5 ± 2,7 a	7,2 ± 1,1 b
2	83,0 ± 5,1 a	46,5 ± 22,2 c	36,0 ± 2,5 a	9,3 ± 1,1 a	38,2 ± 2,1 b	12,0 ± 3,74 a	23 ± 2,9 a	13,9 ± 3,6 a	56,6 ± 27,4 a	18,2 ± 4,5 b	9,1 ± 1,5 a
3	77,5 ± 3,2 b	99,7 ± 23,7 b	37,7 ± 16,3 a	7,6 ± 0,5 c	36,5 ± 1,7 c	6,3 ± 0,51 b	15,8 ± 1,8 b	7,7 ± 0,8 b	24,9 ± 2,4 b	23,1 ± 2,0 a	7,2 ± 1,0 b
4	82,5 ± 7,2 a	120,2 ± 27,1 a	36,7 ± 2,3 a	7,7 ± 0,6 c	38,8 ± 2,2 b	6,8 ± 0,55 b	15,1 ± 2,4 b	7,3 ± 0,8 b	24,4 ± 7,3 b	27,3 ± 3,0 a	7,1 ± 1,0 b
5	79,9 ± 3,4 b	94,6 ± 18,6 b	35,2 ± 2,1 a	7,8 ± 0,4 c	37,1 ± 2,1 c	6,4 ± 0,40 b	18,3 ± 2,2 b	8,3 ± 5,3 b	23,1 ± 2,2 b	25,3 ± 1,7 a	7,0 ± 0,7 b
6	80,6 ± 3,8 b	83,4 ± 19,1 b	34,7 ± 3,4 a	7,1 ± 0,7 c	37,4 ± 3,0 c	6,5 ± 0,55 b	16,1 ± 1,4 b	7,6 ± 0,8 b	24,6 ± 2,6 b	25,5 ± 2,5 a	7,0 ± 1,1 b
7	86,7 ± 5,4 a	98,6 ± 25,1 b	38,2 ± 3,8 a	6,2 ± 0,4 c	41,2 ± 1,8 a	6,3 ± 0,55 b	15,9 ± 1,6 b	7,3 ± 0,9 b	29,0 ± 2,8 b	25,6 ± 1,8 a	7,2 ± 0,9 b
8	84,2 ± 4,3 a	90,5 ± 25,2 b	37,5 ± 2,2 a	8,3 ± 0,4 b	38,8 ± 1,8 b	7,4 ± 0,52 b	17 ± 1,7 b	8,0 ± 1,1 b	26,5 ± 2,8 b	26,6 ± 3,0 a	7,4 ± 0,7 b
9	77,2 ± 5,1 b	118,9 ± 23,0 a	34,2 ± 2,4 a	7,7 ± 0,6 c	36,1 ± 2,4 c	6,9 ± 0,64 b	18,7 ± 2,4 b	8,4 ± 1,1 b	25,6 ± 3,0 b	25,5 ± 2,2 a	6,9 ± 1,2 b
10	82,1 ± 2,9 a	110,5 ± 33,2 a	36,2 ± 2,6 a	7,5 ± 0,5 c	38,2 ± 1,6 b	6,8 ± 0,42 b	17,1 ± 2,4 b	7,84 ± 1,0 b	24,1 ± 2,5 b	26,5 ± 2,9 a	7,4 ± 0,8 b
11	82,2 ± 4,9 a	102,2 ± 24,2 b	36,6 ± 2,7 a	7,3 ± 0,7 c	38,2 ± 2,6 b	6,5 ± 0,56 b	18,2 ± 2,4 b	8,5 ± 1,1 b	26,3 ± 2,8 b	26,4 ± 2,4 a	7,4 ± 1,0 b
12	83,1 ± 3,7 a	63,58 ± 10,5 c	36,6 ± 2,7 a	9,4 ± 1,3 a	37,1 ± 2,3 c	12,3 ± 1,36 a	23,0 ± 3,0 a	14,9 ± 2,4 a	57,5 ± 10,2 a	17,4 ± 2,4 b	8,8 ± 1,0 a
13	78,87 ± 4,5 b	88,25 ± 25,1 b	34,41 ± 2,2 a	7,1 ± 0,5 c	36,7 ± 1,7 c	6,39 ± 0,63 b	17,0 ± 1,8 b	7,46 ± 0,9 b	26,2 ± 2,1 b	24,1 ± 2,3 a	6,9 ± 0,9 b

Valores médios seguidos da mesma letra nas colunas não diferem estatisticamente pelo agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade. (DF) Diâmetro da Flor; (CPD) Comprimento do Pedúnculo; (CP) Comprimento da Pétala; (LP) Largura da Pétala; (CS) Comprimento da Sépala; (LS) Largura da Sépala; (CB) Comprimento da Bráctea; (LB) Largura da Bráctea; (DC) Diâmetro da Corona; (AA) Altura do Androginóforo e (CO) Comprimento do Ovário em flores. Trat. 1 e 2 (*P. edulis*), trat. 5 e 6 (*P. mucronata*) e trat. 1, 3, 4, 6, 7, 8, 9, 10, 11 e 13 (Genótipos híbridos)

Tabela 9. Médias e desvio-padrão das variáveis de folha, em dois genótipos de *P. edulis* (2 e 12), dois genótipos de *P. mucronata* (4 e 5), e dez híbridos oriundos dos cruzamentos entre os genótipos de *P. mucronata* e os genótipos de *P. edulis*. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014

Tratamento	Variável					
	CFL			LFL		
1	68,98 ±	7,4 g	74,69	± 10,7		c
2	86,9 ±	13,7 b	126,68	± 23,14		a
3	68,76 ±	8,6 g	73,74	± 11,52		c
4	76,15 ±	8,1 d	81,87	± 11,26		c
5	77,49 ±	9,1 d	86,57	± 11,61		c
6	71,47 ±	7,7 f	75,77	± 10,28		c
7	71,91 ±	10,8 f	74,07	± 11,46		c
8	75,15 ±	9,5 e	77,79	± 12,59		c
9	76,81 ±	9,0 d	81,73	± 12,58		c
10	75,83 ±	11,4 d	90,07	± 18,00		c
11	83,49 ±	9,6 c	76,53	± 9,76		c
12	73,62 ±	13,0 e	103,90	± 19,07		b
13	73,02 ±	8,3 f	74,96	± 10,95		c
14	93,82 ±	16,3 a	85,21	± 14,33		c

Valores médios seguidos da mesma letra nas colunas não diferem estatisticamente pelo agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade. (CFL) comprimento e (LFL) largura.

3.1.4.2.1. Frutificação

Com exceção do genótipo 14 (*P. edulis* x *P. mucronata*), o qual não apresentou flor e, conseqüentemente, fruto, todos os genótipos avaliados produziram frutos, entretanto, nem todos os frutos apresentam sementes e/ou, quando apresentaram, nem sempre as sementes eram viáveis. Os genótipos híbridos 10, 11, e 13 obtiveram frutos, no entanto, não foram observadas sementes, e os frutos eramocos (Figura 8).

Nos genótipos híbridos 8 e 9, foram verificadas sementes abortadas. A infertilidade destes dois genótipos pode estar relacionada a fatores genéticos, mas também pode ser associado a problemas com polinizadores, uma vez que o genitor feminino *P. mucronata* (5) apresentou problema semelhante.

É importante ressaltar que, no caso dos híbridos, todos os frutos produzidos por estes genótipos, durante o período de observação, apresentaram

sementes abortadas, enquanto apenas alguns frutos do genitor *P. mucronata* tiveram esse tipo de semente.

A ocorrência de frutos sem sementes ou raramente com uma ou duas sementes viáveis também foi verificada em híbridos interespecíficos obtidos dos cruzamentos entre *P. edulis* e *P. caerulea* (Junqueira et al., 2005), *P. mansoi* e *P. coccínea*, *P. mansoi* e *P. edulis* e *P. cerradense* e *P. edulis* (Souza et al. 2008).

Segundo Souza et al. (2008), os frutos sem semente são desenvolvidos por partenocarpia.

A ausência de sementes e/ou a ocorrência de sementes abortadas nos frutos das plantas híbridas pode ser justificada pela ocorrência de barreiras de pós-fertilização, as quais ocasionam a esterilidade total ou parcial das plantas híbridas.

Segundo Salazar (2013), os híbridos interespecíficos estéreis podem ser utilizados como porta-enxertos, desde que esses possam ser propagados vegetativamente. Esse autor verificou que a espécie *P. mucronata* apresenta um ótimo desempenho como porta-enxerto.

Frutos normais, com semente e polpa, foram verificados nos genótipos híbridos 1, 3, 6 e 7. Híbridos apresentando sementes viáveis também foram observados por King et. al. (2007) em progênie oriundas de cruzamento interespecíficas entre as espécies *P. mucronata* e *P. racemosa*.

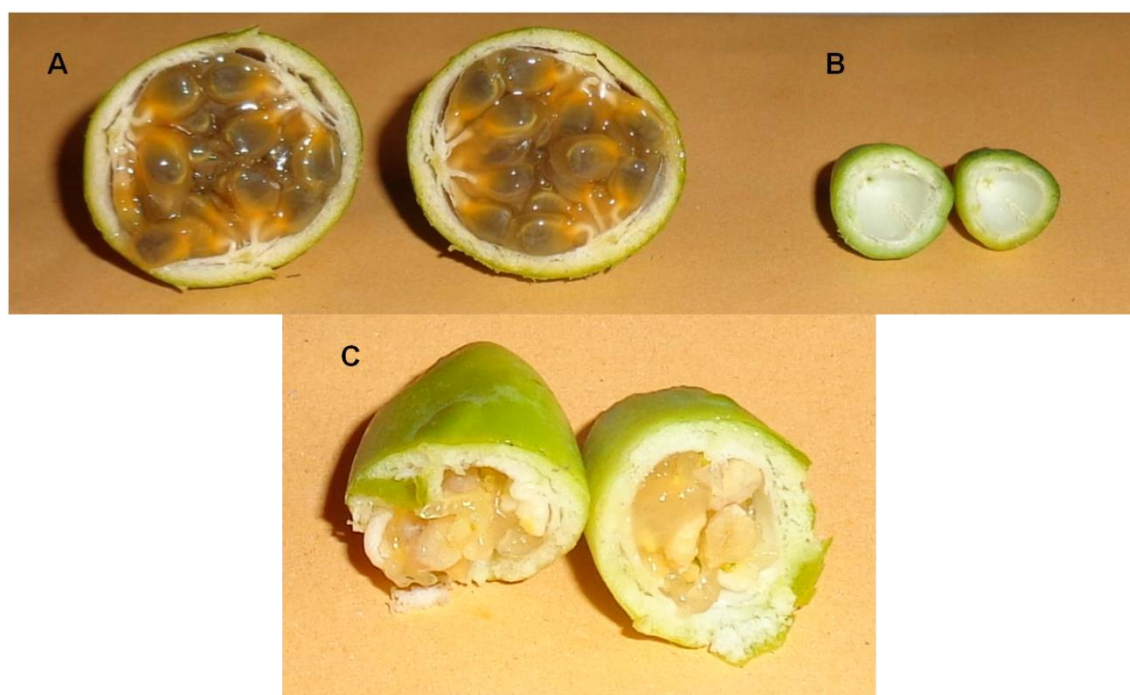


Figura 8. Frutos dos genótipos híbridos: A) Fruto normal, B) Fruto oco e C) frutos com sementes abortadas.

No geral, os frutos de todos os híbridos apresentaram características morfológicas semelhantes às da espécie *P. mucronata* (Figura 8). A análise de variância das características de frutos dos quatro genótipos férteis e de seus genitores demonstrou diferença significativa para todas as variáveis de frutos avaliadas (Tabela 10).

Para todos os descritores relacionados ao fruto, observou-se uma maior contribuição da σ_g na σ_f , e h^2 variando de 89,23 a 99,71%. Os CV_e apresentaram valores em torno de 2,94 a 17,20, à exceção de PP, o qual apresentou CV_e de 39,87. Portanto, essas variáveis são pouco influenciadas pelo ambiente e são facilmente herdáveis.

Tabela 10. Análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos das características de fruto em híbridos interespecíficos entre *P. mucronata* e *P. edulis*, e seus parentais. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

c	G L	CFR	LFR	EFR	PFR	PP	NS	SST
		QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM
Bloco	2	12,70	0,70	0,38	28,46	129,79	89,81	3,31
Genótipo	6	848,02*	1330,31*	38,45*	6793,11*	1636,13*	12825,74*	10,37*
Resíduo	12	5,91	3,82	0,82	57,64	154,23	858,36	1,11
Total	20							
Estimativa dos parâmetros								
σ_f		282,67	443,43	12,81	2264,36	545,37	4275,25	3,45
σ_e		1,97	1,27	0,27	19,21	51,41	286,12	0,38
σ_g		280,70	442,16	12,54	2245,15	493,97	3989,12	3,08
h^2		99,30	99,71	97,86	99,15	90,57	93,30	89,23
CV_g		35,16	68,45	116,93	139,85	123,67	61,98	11,71
CV_e		2,94	3,67	17,20	12,93	39,87	16,59	4,11
CV_g/CV_e		6,89	10,76	3,91	6,25	1,79	2,16	1,66

** significativo a 1% pelo teste F. (CFR) Comprimento do Fruto; (LFR) Largura do Fruto; (EFR) espessura do fruto; (PFR) peso do fruto; (PP) massa de polpa; (NS) número de sementes e (SST) teor de sólidos solúveis totais.

O agrupamento de Scott-Knott demonstrou que não houve diferença entre os híbridos para as variáveis EFR, PFR, PP, NS e TSS (Tabela 11). Para estas características, os frutos dos híbridos foram similares aos frutos da espécie utilizada como genitor feminino, a *P. mucronata*. Entretanto, observou-se que os

genótipos híbridos e os dois genótipos de *P. edulis* utilizados como genitores masculinos formaram grupos distintos (Tabela 11).

Para a variável CFR, foi observado, no genótipo híbrido 3, valor médio inferior (33,06 mm) aos obtidos por seus parentais. Enquanto os demais genótipos híbridos apresentaram valores semelhantes aos da espécie *P. mucronata* (genótipo 4).

Os genótipos híbridos 3 e 7 obtiveram os menores valores para LFR, 17,4 e 15,1 mm, respectivamente, diferindo significativamente de todos os demais genótipos. Entretanto, os híbridos 1 e 6 apresentaram valores médios para LFR similares aos da *P. mucronata* (genótipo 4). Enquanto os maiores valores para LFR (58,9 e 63,7) foram observados na espécie cultivada (genótipos 2 e 12).

Tabela 11. Médias e desvio-padrão das variáveis de frutos em dois genótipos de *P. edulis* (2 e 12), um genótipo de *P. mucronata* (4) e quatro híbridos oriundos dos cruzamentos entre os genótipos de *P. mucronata* e os genótipos de *P. edulis*. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

Variáveis																					
Trat.	CFR			LFR			EFR			PFR			PP			TSS			NS		
2	68,9	± 7,1	b	58,9	± 6,4	b	8,3	± 1,1	a	87,8	± 29,6	b	54,2	± 41,9	a	11,3	± 2,4	c	154,0	± 70,7	b
12	74,8	± 9,3	a	63,7	± 8,3	a	8,3	± 9,9	a	117,0	± 43,1	a	49,9	± 24,3	a	13,9	± 1,4	b	220,2	± 117,9	a
1	39,2	± 5,5	c	20,5	± 2,2	c	0,9	± 0,4	b	7,87	± 2,6	c	5,4	± 1,8	b	15,4	± 2,9	a	93,8	± 26,4	c
3	33,1	± 3,9	d	17,4	± 2,3	d	0,77	± 0,4	b	5,00	± 1,6	c	3,3	± 1,1	b	15,6	± 2,5	a	56,3	± 15,7	c
6	40,7	± 6,7	c	18,6	± 2,7	c	0,93	± 0,4	b	6,67	± 2,7	c	4,2	± 1,8	b	16,3	± 2,6	a	57,2	± 24,0	c
7	33,4	± 11,8	c	15,1	± 2,4	d	0,90	± 0,3	b	4,17	± 1,7	c	2,6	± 1,2	b	16,8	± 1,9	a	32,7	± 14,6	c
4	38,4	± 6,3	c	20,8	± 3,5	c	1,1	± 0,4	b	8,7	± 3,7	c	6,0	± 2,5	b	15,6	± 1,8	a	99,0	± 43,8	c

Valores médios seguidos da mesma letra nas colunas não diferem estatisticamente pelo agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade. (CFR) comprimento do fruto; (LFR) largura do fruto; (EFR) espessura da casca do fruto; (PFR) massa do fruto; (PP) massa da polpa (PP), teor de sólidos solúveis totais (SST) e número de sementes (NS).

3.1.4.3. Quantificação de diversidade genética dos híbridos e genitores

A menor distância ($D^2 = 17,16$) foi observada entre os genótipos 5 e 10, sendo que 5 é o genitor feminino do genótipo híbrido 10, o que explica a alta similaridade entre esses dois genótipos. Os genótipos 2 e 7 foram os mais distantes ($D^2 = 340,6$).

A característica que mais contribuiu para a divergência genética entre os genótipos foi LP (25,10%), seguida de LAF, CS, DF, CFL, LB e DCO, e as que menos contribuíram foram CPC e AA (Tabela 12).

Segundo Tangarife et al. (2009), espécies de *Passiflora* podem ser agrupadas de acordo com a similaridade correspondente à variável tamanho de flor. Esses autores relatam que a morfologia floral foi importante para a discriminação infragenérica de *Passiflora*. No presente trabalho, as variáveis LP, LAF, CS, DF, CFL, LB e DCO contribuem com 83,64% da variância total. Ou seja, os descritores referentes à flor (LP, CS, DF, LB e DCO) já seriam suficientes para diferenciar os genótipos.

Belo (2010), caracterizando híbridos interespecíficos de *Passiflora*, também observou que as variáveis de flor (diâmetro da flor, comprimento do primeiro e segundo filamento, comprimento da pétala, largura da pétala, comprimento da sépala e largura da sépala) contribuíram significativamente para a formação de grupos.

Na análise de agrupamento, o genótipo 14 não foi incluso, uma vez que a inclusão deste na análise promoveu uma distorção dos resultados, devido ao fato de este genótipo não florescer, não dispondo, desta forma, das medições dos caracteres morfológicos de flor.

Os genótipos foram agrupados em seis grupos. (Figura 9).

O grupo I foi formado pelo genótipo híbrido 7; o grupo II, genótipos híbridos 3, 9 e 11, e o genótipo 2 (*P. edulis*); o grupo III, genótipos híbridos 3, 9, 11, 6 e 13; o grupo IV, genótipos híbridos 11, 6 e 13, genótipos 4, 5 (*P. mucronata*) e 12 (*P. edulis*); o grupo V, genótipos híbridos 10 e 1, genótipos 4, 5 (*P. mucronata*) e 12 (*P. edulis*); o grupo VI, genótipos híbridos 1 e 8 (Figura 9).

Tabela 12. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência entre os genótipos. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

Variável	%	% acumulada
LP	25,1033	25,10
LAF	13,6411	38,74
CS	10,1847	48,92
DF	9,6468	58,57
CFL	9,1763	67,75
LB	8,8057	76,56
DCO	7,0747	83,64
CPD	5,5992	89,24
CB	2,863	92,10
CP	2,0089	94,11
OV	1,8727	95,97
DCA	1,5211	97,49
LS	1,4054	98,90
AA	0,6515	99,55
CPC	0,45	100

(AA) altura do androginóforo; (CO) comprimento do ovário; (DF) diâmetro da flor; (LB) largura da bráctea; (DCO) diâmetro da coroa; (CP) comprimento da pétala; (LS) largura da sépala; (LP) largura da pétala; (CS) comprimento da sépala; (CPD) comprimento do pedúnculo; (CFL) comprimento da folha; (CB) comprimento da bráctea; (LFL) largura da folha; (DCA) diâmetro do coleto e (CPC) comprimento do pecíolo.

Verificou-se a formação de quatro subgrupos, sendo os subgrupos 1 e 2 formados dentro do grupo III, compostos pelos genótipos 9 e 11, e 6 e 13, respectivamente. E os subgrupos 3 e 4 foram formados dentro do grupo V. O subgrupo 3 foi constituído pelos genótipos 4 e 12, e o subgrupo 4, pelos genótipos 5 e 10.

O agrupamento dos híbridos interespecíficos em vários grupos e subgrupos se deve à heterozigosidade implícita do maracujazeiro, o que permite que diferentes híbridos interespecíficos obtidos do cruzamento entre *P. mucronata* e *P. edulis* tenham morfologia intermediária às duas espécies, porém com tendência a serem mais semelhantes à espécie *P. mucronata*.

Santos et al. (2011) também verificaram que híbridos oriundos de cruzamento interespecífico entre as espécies *P. subanceolata* e *P. foetida* obtiveram valores médios intermediários para as características morfológicas em comparação aos dos parentais ou valores próximos a um dos seus genitores.

Melo (2014) observou, em progênies híbridas de *Passiflora*, que a maioria dos descritores quantitativos apresentou valores médios intermediários para

ambos os genitores. Entretanto, as progênies apresentaram valores médios semelhantes entre si.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) foi significativo a 5% de probabilidade, com valor estimado de 83%, revelando assim um bom ajuste entre a representação gráfica e a matriz de distância genética original, o que assegura as inferências do dendrograma.

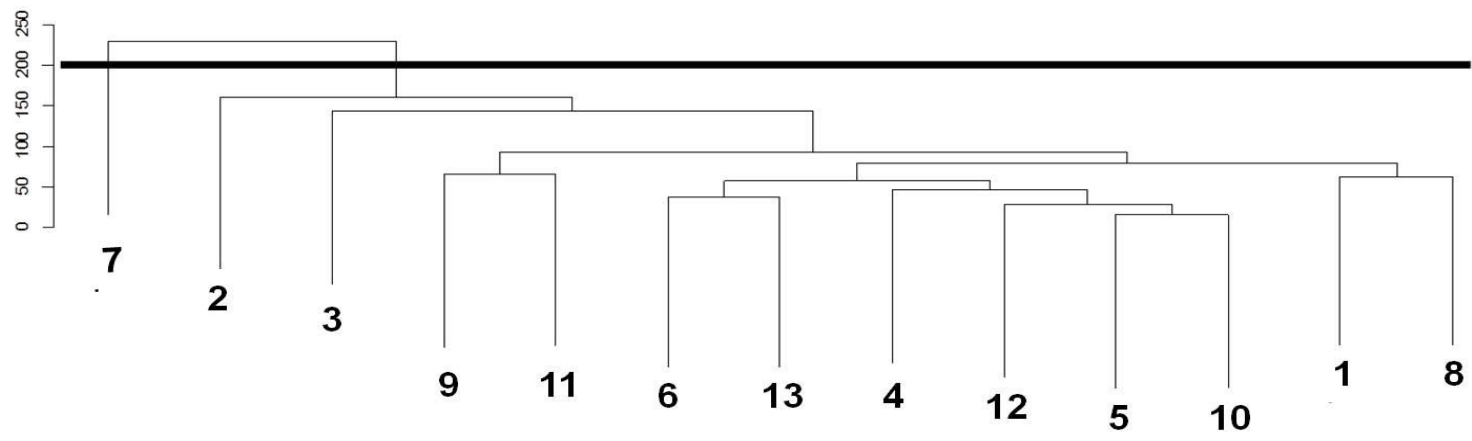


Figura 9. Dendrograma da diversidade genética entre os híbridos interespecíficos (1, 3, 4, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13 e 14) e seus parentais (4 e 5 (*P. mucronata*); 2 e 12 (*P. edulis*)) obtidos pelo método hierárquico UPGMA, com base em valores médios para caracteres, utilizando-se como medida de dissimilaridade a distância de Mahalanobis.

No estudo das características qualitativas, observou-se que toda a população estudada tinha caule de coloração verde arroxeada, e folhas sem pilosidade. Todos os genótipos híbridos apresentaram folhas com formato cordato semelhante ao dos genitores da espécie *P. mucronata* (Figura 10.), enquanto apenas o genótipo híbrido 14 apresentou nectário posicionado adjacente ao limbo foliar, exatamente igual ao da espécie *P. edulis*. No geral, as características qualitativas dos híbridos obtidos se assemelham às da espécie *P. mucronata* (Tabela 13).

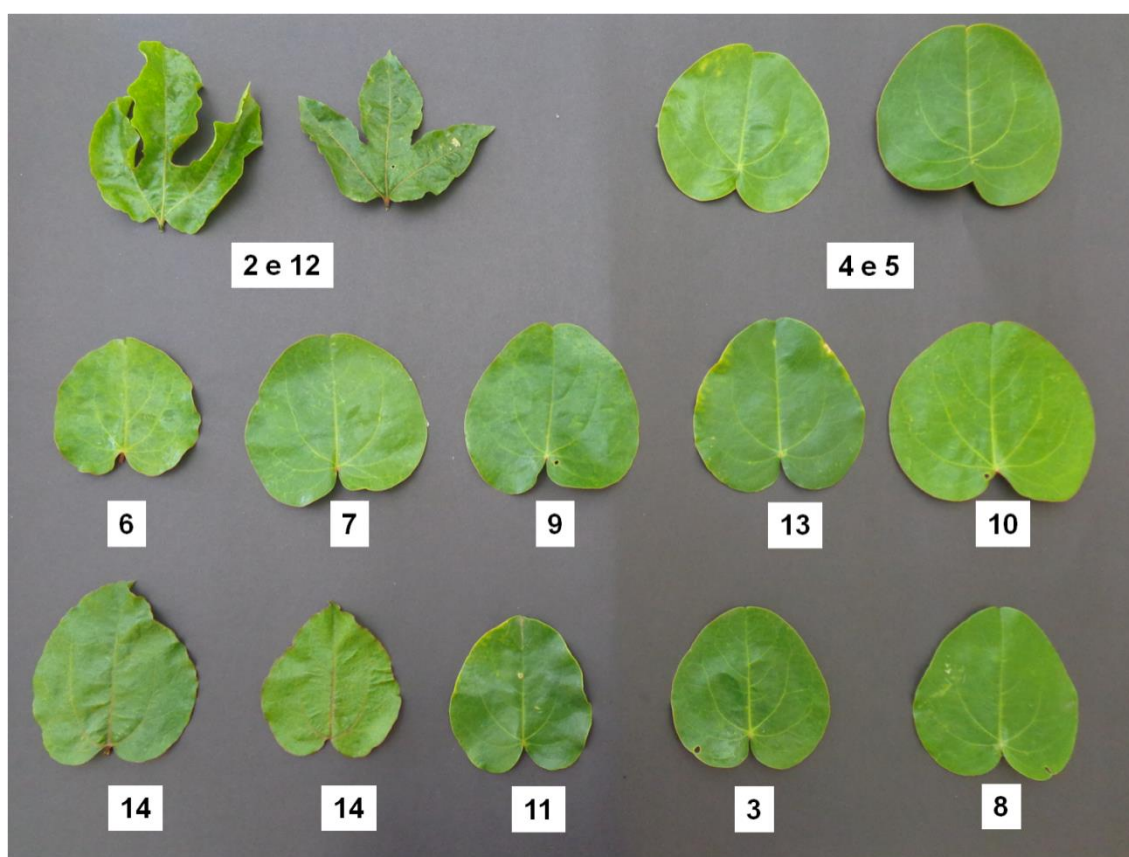


Figura 10. Folhas dos genótipos da espécie *P. edulis* (2 e 12) e *P. mucronata* (4 e 5), e dos genótipos híbridos (6, 7, 9, 13, 10, 14, 11, 3 e 8) oriundos do cruzamento interespecífico entre *P. edulis* e *P. mucronata*.

Tabela 13. Análise descritiva das características qualitativas dos genótipos avaliados de acordo com os descritores qualitativos do MAPA. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

Descritores	Genótipos
Cor do ramo verde - clara verde - escura verde - arroxeadada	(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14)
Forma da folha cordata fendida	(1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13, 14) (2, 12)
Divisão do limbo foliar simples bilobada trilobada pentalobada heptalobada	(1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13, 14) (2, 12)
Sinu presente ausente	(2, 12) (1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13, 14)
Profundidade do sinus rasa média profunda	(2) (12)
Pilosidade ausente presente	(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14)
Nectário adjacente ao limbo próximo ao meio adjacente à inserção da folha ao longo do pecíolo	(2, 12, 14) (1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13)

3.1.4.4. Teste de Patogenicidade

O genótipo híbrido 13 teve 100% das plantas vivas e saudáveis, não havendo a presença do fungo após reisolamento. Pode-se então afirmar que esse genótipo é resistente ao *Fusarium solani*, uma vez que não houve infecção e reisolamento do fitopatógeno em nenhuma das plantas inoculadas. A ausência de infecção também foi observada nos dois genótipos de *P. mucronata* (4 e 5), utilizados como genitores resistentes nos cruzamentos interespecíficos para a obtenção dos híbridos estudados.

O genótipo híbrido 11 apresentou 100% das plantas com sintomas externos e internos.

O genótipo híbrido 14 apresentou 66,66% das plantas vivas sem sintomas da doença, não havendo a presença do fungo após reisolamento. As plantas que morreram deste genótipo foi devido à presença da broca da haste, também conhecida como broca do maracujazeiro (*Philonis* ssp.).

Verificou-se, nos genótipos híbridos 8 e 6, a maior porcentagem de plantas mortas por causa do *F. solani*, com 83,33% e 66,66%, respectivamente. O genótipo 12, suscetível ao fungo e utilizado como genitor masculino nos cruzamentos interespecíficos para obtenção desses dois híbridos, apresentou 83,33% de plantas mortas com o sintoma da doença causada por *F. solani*. Desta forma, pode-se afirmar que os genótipos híbridos 8 e 6 foram os mais suscetíveis ao patógeno.

O genótipo híbrido 10 apresentou 16,67% de plantas mortas devido ao *Fusarium*, e 83,33% de plantas vivas com sintomas internos e externos. Já o genótipo híbrido 9 teve 33,34% de plantas mortas pelo fungo e 66,66% de plantas com sintomas internos e externos. Enquanto o genótipo 2 (*P. edulis*) apresentou 100% das plantas vivas e com sintomas internos e externos.

Entretanto, o genótipo híbrido 7 também apresentou 16,67% de plantas mortas devido ao *Fusarium solani*, porém observou-se que 83,33% das plantas vivas apresentaram apenas sintomas internos.

O genótipo 3 apresentou 66,66 de plantas mortas por causa do fungo e 33,33 de plantas vivas sem sintomas.

Tabela 14. Porcentagem de plantas de maracujá mortas (PLM), mortas por causa do fungo (PLMF), vivas com sintomas externos (PLVSE), vivas com sintomas internos (PLVSI), vivas com sintomas externos e internos (PLVSEI), e vivas assintomáticas (PLVA); e resultado do reisolamento, após inoculação com o *Fusarium solani*. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

Genótipo	Plantas inoculadas	PLM (%)	PLMF (%)	PLVSE (%)	PLVSI (%)	PLVSEI (%)	PLVA (%)	Reisolamento
11	6					100		+
14	6	33,34					66,66	-
8	6		83,33		16,67			+
10	6		16,67			83,33		+
13	6						100	-
6	6		66,66			33,33		+
9	6		33,34			66,66		+
3	6		66,66				33,33	+
7	6		16,67		83,33			+
4	6						100	-
5	6						100	-
*MSF	6					33,33		+
12	6		83,33	16,67				+
2	6				100			+

+ presença do fungo após reisolamento, – ausência do fungo após reisolamento *MSF. Genótipo de *P. mucronata* oriundo de São Francisco do Itabapoana – RJ, incluso no teste de resistência

O fato de os genótipos resistentes (*P. mucronata*) e suscetíveis (*P. edulis*) serem utilizados nos cruzamentos, como doador ou receptor de grãos de pólen, não interferiu na expressão da resistência. Uma vez que, no genótipo híbrido 13, avaliado como resistente, a *P. mucronata* (genótipo 2) foi utilizada como genitor feminino, entretanto, no genótipo híbrido 14, também resistente, a *P. mucronata* (genótipo 2) foi o genitor masculino. Portanto, os resultados permitem concluir que a herança para a resistência ao *F. solani* nesta população, provavelmente, não é de origem citoplasmática.

3.1.5. CONCLUSÕES

O grande problema para a obtenção de híbridos, oriundos dos cruzamentos entre *P. mucronata* e *P. edulis*, encontra-se relacionado à viabilidade da semente, quando *P. mucronata* é utilizada como genitor feminino, e ao número de frutos e sementes produzidos, quando esta espécie silvestre é usada como genitor masculino.

Embora algumas variáveis relacionadas à flor e folhas tenham apresentado valores intermediários entre as duas espécies genitoras, e algumas características até apresentem médias superiores, no geral, os genótipos híbridos apresentaram maior semelhança com a espécie *P. mucronata*.

Os genótipos híbridos classificados como resistentes não são férteis. Porém, o genótipo híbrido 13, resistente, pode ser retrocruzado com a espécie *P. edulis*, para verificar se é possível a obtenção de frutos com sementes, e posterior obtenção de genótipos com características agronômicas desejáveis e resistentes ao *F. solani*.

O gene de resistência ao *Fusarium solani*, provavelmente, não está presente em todos os acessos da espécie *P. mucronata*, uma vez que os acessos provenientes da Bahia apresentaram-se resistentes enquanto o acesso oriundo de São Francisco do Itabapoana - RJ foi suscetível.

Os dois genótipos resistentes poderão ser utilizados como potenciais porta-enxertos.

3.2. Obtenção de população por retrocruzamento em programa de melhoramento de passiflora, visando resistência ao vírus CABMV

3.2.1. INTRODUÇÃO

A família Passifloraceae possui cerca de 650 espécies e 20 gêneros (Nunes & Queiroz, 2006). O gênero *Passiflora* apresenta 525 espécies de distribuição pantropical, a maioria situada nas Américas, sendo o Brasil e a Colômbia os países com maior número de espécies (Cervi, 1997; Nunes e Queiroz, 2007; Bernacci et al., 2008; Bernacci et al., 2013). No Brasil, a espécie de passiflora mais cultivada é *P. edulis* e tem como nome comum maracujá-azedo, seguida pela *P. alata* conhecida por maracujá-doce (Junqueira et al., 2005; Bernacci et al. 2008).

O cultivo comercial do maracujazeiro iniciou-se no Brasil na década de 70, tendo um declínio na produtividade a partir de 1990 devido a problemas fitossanitários entre os quais se destaca o vírus do endurecimento do fruto (*Cowpea Aphid borne mosaic virus* - CABMV), considerada a virose economicamente mais importante para a cultura do maracujazeiro (Leão et al., 2006).

O endurecimento do fruto pode ser causado por dois *potyvirus*, o *Passion fruit woodness virus*-PWV e *Cowpea aphid-borne mosaic virus* - CABMV, doença caracterizada por mosaico nas folhas e endurecimento dos frutos (Nascimento et al., 2006), afetando severamente a produtividade da cultura, o valor comercial dos

frutos e o período economicamente produtivo (Pio-Ribeiro e Mariano, 1997; Pinto et al., 2008; Aguiar et al., 2010; Monteiro-Hara, 2010).

Mediante os problemas fitossanitários constatados para a cultura do maracujazeiro, torna-se necessária adoção de medidas alternativas de controle, como o desenvolvimento de cultivares resistentes.

Diversos trabalhos têm sido desenvolvidos acerca da diversidade genética entre os acessos de *P. edulis*, visando à obtenção de genótipos superiores em programas de melhoramento do maracujazeiro (Reis et al., 2011).

Entretanto, a utilização de espécies silvestres de *Passiflora*, em programas de melhoramento genético, tem sido bastante promissora, principalmente como fontes de genes de resistência a doenças (Faleiro et al., 2006; Paula et al., 2010).

A transferência de genes de resistência de espécies silvestres para as cultivares de maracujazeiro tem sido feita por meio de hibridações interespecíficas seguidas de um programa de retrocruzamentos (Fonseca et al., 2009). O presente trabalho teve como objetivo a obtenção de população segregante por retrocruzamento entre um híbrido H₁, oriundo de cruzamentos interespecíficos entre *P. setacea* e *P. edulis*, e o genitor recorrente (*P. edulis*); avaliação de resistência ao CABMV e estudo da herança da resistência ao CABMV.

3.2.2. REVISÃO

3.2.2.1. Aspectos relacionados ao CABMV e à doença do endurecimento dos frutos em *Passiflora*

O *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) é transmitido por afídeos (Damiri et al., 2013), das espécies do gênero *Aphis* (Narita, 2007). Tal vírus infecta muitas espécies de plantas de interesse econômico, sendo responsável por uma redução de até 100% na produtividade de diversas espécies dos gêneros *Vignata* (Damiri et al., 2013), *Passiflora* (Anjos et al., 2001) e *Phaseolus* (Gusmão, 2010).

O vírus CABMV encontra-se disseminado em países da Ásia, África, Europa, América do Norte e América do Sul (Damiri et al., 2013). No Brasil, o

primeiro relato do vírus do endurecimento do fruto foi feito em 1970, no Estado da Bahia, na espécie *P. alata* (Cerqueira & Silva, 2008), disseminando-se depois por todo o território brasileiro (Anjos et al., 2001; Nascimento et al., 2006; Marciel et al., 2009).

Na década de 90, acreditava-se que o agente causador do endurecimento do fruto no Brasil era o *Passion fruit woodiness potyvirus* (PWV) (Anjos et al., 2001; Junqueira et al., 2003). Só alguns anos mais tarde, por meio da caracterização molecular, foi verificado que a doença era causada por uma estirpe do *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) (Nascimento et al., 2004; Nascimento et al., 2006; Cerqueira–Silva et al., 2008), sendo este vírus uma espécie do gênero *Potyvirus*, família Potyviridae (Maciel et al., 2009).

Embora os pulgões sejam os vetores de transmissão do vírus, o controle químico destes, geralmente, é ineficiente, uma vez que os pulgões não colonizam o maracujazeiro, e o vírus é transmitido de forma não persistente, não circulativa (Fischer et al., 2007; Maciel et al., 2009). Ou seja, o período de aquisição e transmissão do vírus é de 15 a 30 segundos, não havendo período de latência (Fischer et al., 2007). A aquisição e transmissão ocorrem durante as picadas de prova, de forma muito rápida (Yuki et al., 2006; Sampaio et al., 2008).

Os sintomas oriundos da infecção pelo vírus consistem em folhas apresentando mosaico com intensidade variada, manchas amareladas em forma de anel, mosqueamento, rugosidade, embolhamento ou distorção. Os internódios tornam-se curtos, por isso há redução no porte das plantas infectadas. Os frutos são frequentemente deformados, de tamanho reduzido, e o pericarpo torna-se endurecido e espesso (Anjos et al., 2001).

Em maracujazeiro, o vírus também pode ser transmitido por enxertia, não existindo relatos de transmissão via seminal (Anjos et al., 2001; Narita, 2007). Entretanto, em *Vigna unguiculata*, observou-se uma transmissão via semente (Damiri et al., 2013).

Outra forma de transmissão do vírus é por meio de instrumentos de corte, tais como, tesoura de poda, facão, dentre outros, durante as operações de poda e desbrota (Sampaio et al., 2008).

A convivência com o vírus nos plantios de maracujá é um desafio muito grande, algumas recomendações de manejo foram adotadas com o objetivo de

prolongar a exploração econômica da cultura e minimizar os prejuízos decorrentes da doença (Fischer et al., 2007; Sampaio et al., 2008).

Entretanto, tais medidas não têm sido suficientes para reduzir as perdas na produtividade, tendo-se a obtenção e utilização de cultivares resistentes como uma alternativa (Anjos et al., 2001; Junqueira et al., 2003; Junqueira et al., 2005; Silva et al., 2012).

A pré-imunização com estirpes fracas do vírus CABMV também foi outra estratégia sem sucesso. Todas as plantas pré-imunizadas apresentaram sintomas severos da virose 4 meses após o procedimento. A quebra de proteção pode estar relacionada com a baixa concentração e/ou com a distribuição irregular das estirpes fracas nas folhas do maracujazeiro, que propiciam a existência de sítios de infecção para a estirpe severa posteriormente inoculada (Novaes, 2002).

Mediante o desafio de se obterem cultivares resistentes ao CABMV, pesquisadores lançaram mão da engenharia genética, visando à obtenção de plantas transgênicas de maracujazeiro (*P. edulis*), por meio de construções gênicas contendo a região codificadora do gene da proteína capsidial do CABMV. Algumas plantas transgênicas, contendo a construção gênica pCABMV - CP variedade IAC-277, apresentaram resistência a três isolados do CABMV, enquanto as demais plantas transgênicas obtidas apresentaram sintomas menos severos ou mais tardios quando comparados com os das plantas-controle, e sob condições controladas (Monteiro-Hara, 2010; Monteiro-Hara et al., 2011).

As plantas transgênicas expressando porções do genoma viral têm a resistência obtida por meio do mecanismo de silenciamento gênico pós-transcricional (*posttranscriptional gene silencing*, PTGS) (Zerbini et al., 2005).

Dezesseis plantas transgênicas de maracujá-azedo (*P. edulis*) foram obtidas expressando um RNA não traduzível correspondente à região 3' do gene *Nlb* e 5' do gene *CP* de um isolado brasileiro de CABMV. Após serem propagados vegetativamente, todos os clones de cada uma das dezesseis plantas foram inoculados mecanicamente com dois isolados do vírus (CABMV- MG1 e CABMV- PE1). Entretanto, apenas uma planta apresentou resistência a um dos isolados (CABMV- MG1), enquanto as demais foram suscetíveis. A análise da transcrição do transgene possibilitou inferir que a ausência de replicação viral na planta resistente se deve ao fato de esta não acumular o mRNA transgênico, mesmo antes da inoculação com o vírus (Alfenas et al., 2005).

Embora a transgenia aliada ao melhoramento convencional tenha sido uma alternativa promissora para a obtenção de cultivares resistente a vírus (Zerbini et al., 2005; Prins et al., 2008), segundo a lei nº 11.105, de 24 de março de 2005, antes de serem liberados para a produção comercial, os organismos geneticamente modificados (OGM) devem ser submetidos a um procedimento de avaliação de risco específico, o qual é analisado pela Comissão Técnica Nacional de Biossegurança (CTNbio), numa abordagem sempre caso a caso (MAPA, 2010). Desta forma, a obtenção de uma cultivar transgênica demanda tempo e a concessão para o seu lançamento nem sempre é garantida.

Além disso, o Brasil é o centro de diversidade do gênero *Passiflora* com inúmeras espécies silvestres (Nunes & Queiroz, 2006). Este fato torna relevante a segurança biológica da conservação *in situ*, que corresponde ao manejo dos riscos bióticos e abióticos associados (Moura et al., 2010).

Uma alternativa para os melhoristas é a detecção de genótipos resistentes dentro da espécie cultivada. O grau de resistência ao CABMV entre cultivares de *P. edulis* tem sido avaliado em campo com inoculação artificial, e as plantas são selecionadas com base na severidade dos sintomas da virose em folhas e na produtividade das plantas (Leão et al., 2006; Cerqueira-Silva et al., 2008; Pinto et al., 2008).

A presença de considerável variabilidade genética, para a resistência ao endurecimento do fruto entre as espécies comerciais, e a correlação negativa e significativa entre a severidade da doença e a produção de frutos foram relatadas por Cerqueira-Silva et al. (2008), além de uma correlação positiva entre a concentração do vírus e a severidade dos sintomas (Leão et al., 2006).

Entretanto, estudos de diversidade genética entre genótipos de maracujazeiro comercial relatam a ausência de uma expressiva diversidade genética entre esses genótipos (Viana et al., 2003), havendo pouca variabilidade entre as cultivares para resistência às doenças (Junqueira et al., 2003).

Segundo Leão et al. (2006), grandes variações nas concentrações de estirpes do vírus, por meio do teste realizado com DAS-ELISA no gênero *Passiflora*, podem estar associadas à heterogeneidade genética do gênero, visto que se tratam de plantas de polinização cruzada.

Muitas espécies silvestres de *Passiflora* têm sido estudadas e avaliadas com o objetivo de identificar genes de resistência às principais doenças que

acometem a cultura do maracujazeiro (Junqueira et. al., 2005; Maciel et. al., 2009; Oliveira et. al., 2013).

Os trabalhos relatam uma ampla variabilidade genética entre essas espécies, o que as tornam promissoras para serem utilizadas em programas de melhoramento, principalmente em hibridações visando resistência às doenças da cultura (Viana et al., 2003).

Em relação à doença do endurecimento do fruto, a espécie *P. setacea* demonstrou ser resistente ao vírus CABMV (Oliveira et. al., 2013; Santos, 2013, Sacoman, 2013), tornando-se bastante promissora para ser utilizada em programa de melhoramento visando à obtenção de progênies com características agrônomicas desejáveis e resistência ao vírus (Santos, 2013).

As espécies *P. alata*, *P. amethystina*, *P. caerulea*, *P. cincinnata*, *P. foetida*, *P. giberti*, *P. laurifolia*, *P. maliformes*, *P. morifolia*, *P. mucronata*, *P. nítida*, *P. quadrangularis*, *P. serrato-digitata*, *P. setacea* e *P. suberosa* foram inoculadas mecanicamente com quatro isolados provenientes dos Estados do Rio de Janeiro, Pará, Ceará e São Paulo. Apenas *P. suberosa* apresentou-se imune ao vírus. Entretanto, a espécie *P. setacea*, embora não tenha sido imune aos isolados, foi a espécie que apresentou um grau de resistência maior que todas as demais espécies, excetuando a *P. suberosa*. De cinco genótipos de *P. setacea* inoculados com o CABMV-SP, apenas um genótipo apresentou sintomas da doença; enquanto os cinco genótipos inoculados com o CABMV-RJ mostraram-se imunes a este isolado; e, em três dos cinco genótipos inoculados com CABMV-CE, foram observados sintomas da doença (Maciel et. al., 2009).

A espécie *P. suberosa* apresenta incongruidade ou incompatibilidade se utilizada em cruzamento interespecífico com *P. edulis*, uma vez que ambas pertencem a grupos gênicos distintos, a *P. suberosa* $2n = 4x = 24$ e subgênero *Plectostemma* enquanto a *P. edulis* $2n = 2x = 18$ e subgênero *Passiflora* (Vanderplank, 1991).

Entretanto, as espécies cultivadas pertencem ao mesmo subgênero da espécie *P. setacea*, e ambas têm $2n = 2x = 18$ (Vanderplank, 1991).

Em estudo visando à verificação do índice de compatibilidade genética entre espécies de *Passiflora*, observou-se que as espécies *P. setacea*, *P. coccinea* e *P. glandulosa*, produziram frutos com muitas sementes viáveis,

quando foram utilizadas como genitor feminino e/ou masculino em cruzamentos interespecíficos com *P. edulis* (Junqueira et al., 2005).

Na região Norte Fluminense, híbridos interespecíficos entre as espécies *P. edulis* e *P. setacea* foram obtidos, com o objetivo de testar a resistência das progênes ao vírus do endurecimento. Observou-se um pegamento de 100% nos cruzamentos em que a espécie *P. edulis* foi utilizada como genitor feminino, e 50% quando utilizada como genitor masculino, além de verificar resistência em algumas progênes, comprovando, desta forma, a existência de compatibilidade genética entre estas espécies, sendo possível a sua utilização em programas de melhoramento, visando à obtenção de genótipos resistentes ao CABMV (Santos, 2013).

No Distrito Federal, observou-se que os híbridos obtidos dos cruzamentos interespecíficos entre *P. edulis* e *P. setacea* apresentavam antese em torno das 17h, com as flores permanecendo abertas até as 22h, o que torna a polinização natural inexistente, uma vez que o agente polinizador é a abelha mamangava (Junqueira et al., 2005).

Entretanto, na região Norte Fluminense, os híbridos obtidos de tal cruzamento interespecífico atingiram a antese em torno das 13h30min, de forma que às 15h todas as flores encontravam-se abertas. Portanto, a polinização natural ocorreu normalmente (Santos, 2013).

As progênes obtidas de cruzamentos interespecíficos entre *P. edulis* e *P. setacea*, embora apresentem resistência ao CABMV, são fenotipicamente semelhantes à espécie *P. setacea*, apresentando uma menor distância entre os híbridos e esse genitor. Entretanto, algumas progênes apresentaram plantas que produziram frutos com características físico-químicas agronomicamente desejáveis (Santos, 2013; Junqueira et al., 2005).

Em Brasília, o grupo de pesquisa da EMBRAPA Cerrado avançou cinco gerações de retrocruzamento entre híbridos obtidos dos cruzamentos *P. edulis* x *P. setacea*, utilizando a espécie *P. edulis* como genitor recorrente. Em documento publicado, relatou-se que, nas gerações RC₃ e RC₄, os genótipos encontravam-se com características agronômicas e suscetibilidade ao CABMV, similares às do genitor recorrente. Os autores não relataram o número de genótipos obtidos e avaliados em cada geração de retrocruzamento (Junqueira et al., 2005).

Com o objetivo de estudar a transferência da resistência ao longo das gerações de retrocruzamento, também no Distrito Federal, Fonseca (2008) avaliou as gerações RC₄ e RC₅, obtidas de retrocruzamento entre híbridos (*P. edulis* e *P. setacea*), utilizando a espécie *P. edulis* como genitor recorrente. Foram inoculadas e avaliadas, em condições controladas, 60 plantas da geração RC₅, e verificou-se que todas as plantas do RC₅ se apresentaram suscetíveis ao CABMV.

Em condições de campo, foram realizadas duas avaliações. Na primeira, as plantas encontravam-se com 8 meses de idade, e avaliaram-se 47 plantas do RC₄ e 40 plantas do RC₅. E a segunda avaliação foi realizada quando as plantas encontravam-se com 18 meses de idade, avaliando-se 45 genótipos do RC₄ e 39 do RC₅. Os autores observaram que o grau de suscetibilidade à virose das gerações de retrocruzamento era muito próximo ou semelhante ao encontrado para o genitor recorrente (Fonseca et al., 2008).

O retrocruzamento é um método que pode ser aplicado tanto para espécies autógamias quanto para espécies alógamas. Este método foi desenvolvido para o melhoramento de caracteres morfológicos, característica de cor e caracteres quantitativos de herança relativamente simples, tais como, precocidade, altura da planta, tamanho e forma da semente, podendo este método ser utilizado para melhorar caracteres que sejam moderados ou altamente herdáveis (Allard, 1971).

O retrocruzamento tem como objetivo recuperar o genótipo do genitor recorrente, exceto para uma ou poucas características consideradas insatisfatórias, que o melhorista procura transferir a partir do genitor doador. Características com alta herdabilidade, controlada por um ou poucos genes, são mais facilmente transferidas. Entretanto, quando se trata de características quantitativas e quando o número de genes envolvido no programa de retrocruzamento é elevado, tornam-se necessárias a avaliação e a manipulação de grandes populações (Allard, 1971; Borém e Miranda, 2009).

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Obtenção da população segregante

Os cruzamentos interespecíficos, recíprocos, entre *P. setacea* (genitor doador) x *P. edulis* (genitor recorrente), foram realizados no *campus* da Universidade Estadual de Santa Cruz, no município de Ilhéus-BA, no período de julho a agosto de 2010, para a obtenção das progênes híbridas (H₁) (Santos, 2013).

As progênes foram conduzidas à Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes – RJ, onde foram caracterizadas e avaliadas em campo quanto à resistência ao CABMV (Santos, 2013).

Os retrocruzamentos foram realizados neste mesmo local, no período de outubro a dezembro de 2012. Realizaram-se retrocruzamentos entre a H₁ (Híbrido H5-14) e o genitor recorrente. O *P. edulis* foi utilizado como doador e receptor de grão de pólen, em 13 e 74 cruzamentos, respectivamente.

O genótipo híbrido H5-14 foi escolhido para ser o genitor doador de grão de pólen, por ter apresentado boas características agrônômicas e resistência ao vírus em condições de campo.

A transferência de pólen para o estigma foi realizada com o auxílio de pinça, esfregando-se cuidadosamente a antera sobre o estigma de cada flor protegida em pré-antese com saco de papel. As flores foram etiquetadas e, 5 dias após a polinização, foi verificada a taxa de pegamento, (número de frutos obtidos x 100 ÷ pelo número de polinizações realizadas), sendo considerada fertilizada a flor que tinha iniciado o desenvolvimento do fruto.

Para a obtenção das percentagens de emergência, sementes de cada progênie obtidas foram semeadas em bandejas de isopor, contendo substrato comercial. A emergência foi avaliada, a partir do 8º dia após a semeadura, pela porcentagem de plantas emergidas.

3.2.3.2. Avaliação da doença

3.2.3.2.1. Avaliação da resistência à doença

Para a avaliação da resistência à doença, foram utilizadas plantas de duas progênes, obtidas do retrocruzamento entre um genótipo híbrido (*P.*

setacea x *P. edulis*) e dois genótipos de *P. edulis*, provenientes do programa de seleção recorrente da UENF.

As progênies avaliadas foram denominadas de progênies T1 e T2, sendo que a progênie T1 foi composta por 289 genótipos e a progênie T2 por 54 genótipos.

As plântulas emergidas das progênies T1 e T2 foram transplantadas para saco plástico com capacidade para 0,5 L de substrato, e conduzidas em casa de vegetação. Oitenta e um dias após o trasplante, as plantas foram inoculadas mecanicamente com o vírus do CABMV. A inoculação foi realizada utilizando-se extrato foliar de plantas de *P. edulis* infectadas pelo vírus CABMV. O extrato foi preparado em almofariz, macerando-se a proporção de 1 g de tecido (folha infectada) para 10 ml de solução-tampão fosfato de sódio 0,1M, pH 7,0, utilizando-se carborundum (600 mesh) como abrasivo.

O isolado de CABMV utilizado foi coletado em folhas de *P. edulis* com sintomas de mosaico, bolhas e deformações foliares, cultivadas na área experimental da Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes – RJ. Esse isolado foi caracterizado por meio de RT-PCR (*Reverse Transcription – Polymerase Chain Reaction*), com iniciadores desenhados para o anelamento na porção genômica de *Potyvirus* correspondente à proteína de inclusão citoplasmática cilíndrica (CI) (Ha et al., 2008) e *Plate Trapped Antigen – Enzyme Linked Immunosorbent Assay* (PTA-Elisa) (Santos, 2013). E mantido em plantas de maracujazeiro suscetíveis cultivadas em câmara de crescimento para uma constante produção de inóculo (Sacoman, 2013).

Quarenta e oito horas após a primeira inoculação, as plantas foram reinoculadas para evitar a incidência de escapes. Em cada inoculação, foram infectadas as folhas mais jovens completamente expandidas. Como controle, foram tratados apenas com solução-tampão, 11 genótipos de *P. edulis* e do híbrido H5-14 e cinco genótipos de *P. setacea*.

As observações, para avaliar o sintoma da virose nas plantas, foram iniciadas um dia após a segunda inoculação, tendo a duração de 30 dias corridos. A severidade dos sintomas foliares foi avaliada visualmente por meio de uma escala de notas de acordo com os sintomas observados, referentes à classificação proposta por Novaes e Rezende (1999): 1 = sem sintomas; 2 =

mosaico leve sem deformações foliares; 3 = mosaico severo sem deformação foliar; e 4 = mosaico severo, bolhas e deformações foliares (Figura 1).

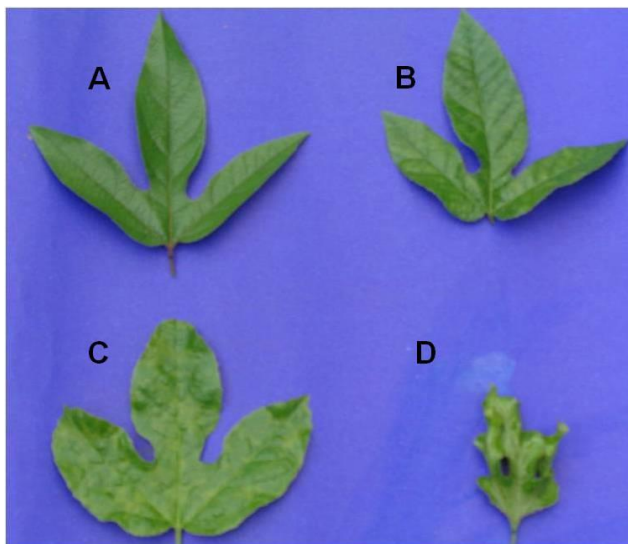


Figura 1. Folhas dos híbridos avaliados e atribuição na escala de notas: A- nota 1; B- Nota 2; C - Nota 3 e D - Nota 4.

Ao final das avaliações, os dados obtidos por meio da escala de notas foram utilizados para calcular a Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) (Campbell & Madden, 1990) para cada genótipo avaliado, conforme a expressão:

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

Em que:

Y_i = proporção da doença na i -ésima observação;

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

n = número de observações.

Os valores obtidos com o cálculo da Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) foram submetidos à análise de variância, utilizando o programa Genes (Cruz, 2013), seguindo o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + e_{ij}$$

μ = constante geral;

G_i = efeito do genótipo (NID, 0, σ^2_G); e

e_{ij} = erro aleatório (NID, 0, σ^2).

Tabela 1. Modelo genético-estatístico com as esperanças dos quadrados médios utilizados na análise de variância dos valores do cálculo da área abaixo da curva de progressão da doença, em genótipos de população segregante de Passiflora e seus genitores e progenitores.

FV	GL	QM	E (QM)
Genótipo	r - 1	QMG	$\sigma^2 + r \sigma^2_G$
Erro	g - 1	QME	σ^2
Total	G(r-1)		

A partir da análise de variância da AACPD, foram obtidas as estimativas de esperança do quadrado médio. Os parâmetros estimados foram:

a) Variância ambiental (σ_a^2):

$$\sigma_a^2 = \frac{QME}{r}$$

b) Variância fenotípica (σ_f^2):

$$\sigma_f^2 = \frac{\sigma^2}{r} + \sigma_g^2$$

c) Variância genotípica (σ_g^2):

$$\sigma_g^2 = \frac{QMG - QME}{r}$$

d) Coeficiente de variação fenotípica (CV_g):

$$CV_g = \frac{100\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{x}}$$

e) Coeficiente de variação experimental (CV_e)

$$CV_e = \frac{100\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{X}}$$

f) Índice de variação (IV):

$$IV = \frac{CV_g}{CV_e}$$

g) Herdabilidade

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2 + \sigma_g^2}$$

3.2.3.2.2. Estudo da herança da resistência

O estudo de herança foi baseado na avaliação dos sintomas e no teste Elisa que resultou em duas classes: resistentes e suscetíveis. Utilizou-se o teste qui-quadrado (χ^2), a 5% de probabilidade, para adequar as proporções observadas, na geração RC₁, àquelas esperadas com base na hipótese da herança monogênica (1:1) para o controle do caráter resistência ao CABMV. O qui-quadrado calculado (χ_c^2) foi estimado utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2013), por meio da estatística:

$$\chi_c^2 = \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i}$$

Em que o_i é o número observado de indivíduos na i-ésima classe fenotípica; E_i é o número esperado de indivíduos na i-ésima classe fenotípica; K é o número de classes fenotípicas.

3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.2.4.1. Obtenção da população segregante

Setenta e quatro cruzamentos foram realizados utilizando-se o genitor recorrente como receptor de grão de pólen, entretanto, apenas um fruto foi obtido (Tabela 1). Neste fruto, verificaram-se 44 sementes e uma porcentagem de germinação de 80%, 22 dias após a semeadura (Tabela 2).

A maior porcentagem de pegamento, 77%, foi obtida quando se utilizou o genitor recorrente (*P. edulis*) como doador de grão de pólen (Tabela 1). Destes retrocruzamentos, obtiveram-se dez frutos, sendo oito da progênie T5-14 x T10-10, a qual foi denominada de progênie T1, e dois da progênie T5-14 x T10-3, a qual foi denominada de progênie T2 (Tabela 2).

Tabela 1. Número de flores polinizadas, frutos obtidos e taxa de pegamento de retrocruzamentos recíprocos entre a espécie *P. edulis*, e híbrido H5-14 (obtido de cruzamento interespecífico entre *P. setacea* x *P. edulis*). UENF, Campos dos Goytacazes, 2014;

Parentais	Nº de Cruzamentos	Nº de frutos	Pegamento (%)
<i>P. edulis</i> x H14	74	1	1,35
H14 x <i>P. edulis</i>	13	10	77

Na progênie T1, as maiores porcentagens de emergência, aos 22 dias da semeadura, foram 46,66; 40,81 e 34,84%, encontradas nos frutos 3, 5 e 4 respectivamente. Já na progênie T2, a maior porcentagem foi 40% encontrada no fruto 2 (Tabela 2). O maior número de semente na progênie T1 foi 61, encontrado nos frutos 1 e 8, e o menor 45, verificado no fruto 3. Os resultados observados sugerem que, no presente trabalho, o maior número de sementes não necessariamente garantiu a obtenção de um maior número de plântulas.

A inviabilidade de algumas sementes pode estar relacionada a macho esterilidade dos descendentes híbridos, a qual foi mencionada por Oliveira & Ruggiero (1998) e Faleiro et al. (2005). Problemas com a viabilidade da semente também foram observados em hibridações interespecíficas envolvendo espécies silvestres e *P. edulis* (Junqueira et al., 2006a; Freitas et al., 2012).

Tabela 2. Progênes obtidas a partir dos retrocruzamentos utilizando híbrido H5-14 (obtido de cruzamento interespecífico entre *P. setacea* x *P. edulis*) como genitor feminino, nº de sementes por fruto, porcentagem (%) de sementes emergidas aos 22 dias após semeadura. UENF, Campos dos Goytacazes, 2014.

Progênes	Nº de sementes por fruto	% de Emergência ¹
T1-1	61	26,23
T1-2	53	24,53
T1-3	45	46,66
T1-4	58	34,48
T1-5	49	40,81
T1-6	53	26,41
T1-7	56	23,21
T1-8	61	27,87
T2-1	73	35,61
T2-2	30	40,00
T3	44	80,00

¹Valores de emergência das sementes obtidos até o 22º dia de semeadura. T1 significa a progênie, e os números de 1 a 8, os frutos. T2 significa a progênie, e os números, 1 e 2, os frutos.

3.2.4.2. Avaliação da doença

Houve diferença significativa ($p < 0,05$) entre os genótipos pelo teste F para o caráter resistência (AACPD) na população estudada, indicando, assim, a existência de variabilidade genética.

A herança do caráter resistência ao vírus do CAMBV apresentou uma herdabilidade de 0,94. A variância ambiental encontrada foi 0,39, sendo este caráter pouco influenciado pelo ambiente. A variância genotípica observada foi de 6,61, sendo esta a variância que mais contribuiu para a variância fenotípica, que foi 6,99 (Tabela 3).

Valores de herdabilidade (h^2) iguais ou próximos a 1, é um indicativo que as variâncias fenotípicas entre os indivíduos são causados predominantemente por diferenças genéticas entre os mesmos (Allard, 1971). Portanto, o alto valor obtido para h^2 (0,94) sugere que a variação fenotípica observada tem mais origem genética aditiva.

Entretanto, Fuzatto (2003) relata altos valores de herdabilidade no sentido amplo, em casos em que o efeito ambiental é baixo. Segundo este autor, em

algodão observou-se que a herdabilidade para a doença ramulose foi alta, entre 0,89 e 0,87, e foram obtidos baixos valores para a variância ambiental. Todavia, o quadro que poderia sugerir situação muito favorável, para o melhoramento, mudou, quando se calculou a probabilidade da ocorrência de plantas resistentes.

Tabela 3. Análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos do caráter resistência ao vírus do CABMV, em progênies obtidas de retrocruzamento entre o híbrido (H5-14) e o pai recorrente *P. edulis*. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

FV	QM	EQM
Genótipos	1973,20**	$\sigma^2 + r \sigma^2g$
Erros	109,15	σ^2
Total		
Estimativa dos parâmetros		
σ^2 fenotípica	6,99	
σ^2 ambiental	0,39	
σ^2 genotípica	6,61	
h^2	0,94	
CVG	6,87	
CVe	27,9	
IV	0,26	

**significativo a 1%; *significativo a 5%.

ANOVA da área abaixo da curva de progressão da doença (AACPD) permite inferir se houve diferença entre os genótipos para esta variável. A estimativa dos parâmetros genéticos demonstra se essa diferença se deve a fatores genéticos ou ambientais. Sabe-se que a variância é o somatório das diferenças ao quadrado obtido dos valores de cada medida (x_i) menos a média de cada medida (X) e dividido pelo número de medidas originais menos 1. Portanto, o cálculo das variâncias englobou a média das plantas suscetíveis e resistentes, o que provavelmente explica o alto valor observado para a herdabilidade do caráter AACPD.

O índice de variação (IV) representa o quociente entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação experimental, não influenciado,

portanto pela média do caráter (Gonçalves et al., 1990). Ou seja, neste cálculo, não foi incluída a média da AACPD, a qual engloba todos os genótipos, resistentes e suscetíveis.

Esse índice fornece a real grandeza do incremento de um caráter dentro de um conjunto de indivíduos em estudo (Vencovsky, 1978). Quando o IV atinge valores iguais ou superiores a 1,0, a situação é muito favorável para a seleção (Vencovsky e Barriga, 1992; Souza, 2006).

O valor de h^2 no presente trabalho não condiz com o valor encontrado para o IV, o qual foi 0,26, sendo este valor muito baixo, uma vez que se tem uma alta herdabilidade.

O menor valor de IV encontrado se deve ao fato de se obter um menor coeficiente de variação genética (6,87) e um maior coeficiente de variação experimental (27,9). Esses valores indicam, que o caráter não é tão facilmente herdável como sugere a h^2 . Ou seja, o IV de 0,26 indica que a situação não é muito favorável para a seleção.

Portanto, a característica resistência (AACPD) expressou uma estimativa de IV inferior à unidade, revelando uma menor influência da variação genética na expressão genotípica, ao mesmo tempo em que indica que métodos simples de melhoramento não seriam suficientes para a obtenção de ganhos satisfatórios. Desta forma, métodos de seleção mais complexos são requeridos para proporcionar ganhos genéticos aceitáveis.

O CV_e é um parâmetro muito utilizado para avaliar a precisão do experimento, é expresso pela relação entre o desvio-padrão e a média entre os caracteres (Souza, 2006). Segundo Pereira et al. (2012), o CV_e apresentando valores entre 6,43 e 25,99% indica boa precisão experimental.

Entretanto, Borges et al. (2014) afirmam que o CV_e varia conforme o tipo de característica, delineamento experimental e espécie avaliada.

Em maracujá, Silva et al. (2012), avaliando 11 características relacionadas à produção, encontraram CV_e que variaram de 4,13 a 28,39%. Segundo esses autores, a elevada magnitude dos valores de CV_e encontrada para as variáveis número total de frutos ($CV_e = 28,36$) e produção total em $t\ ha^{-1}$ ($CV_e = 28,39$) não indicam que houve imprecisão na condução do experimento ou na aferição dos dados, mas sim que as características em questão são controladas por vários genes e, por isso, estão sob elevada influência ambiental.

Portanto, o alto valor de CV_e igual a 27,9%, encontrado no presente trabalho, deve-se ao fato de o caráter resistência ao CABMV ser de herança poligênica.

Em mamão, 11 descritores avaliados apresentaram o IV menor do que a unidade, e estimativa de herdabilidade no sentido amplo, de média a alta magnitude, com variação de 60,48 a 88,22%. O que significa, segundo os autores, que, embora o processo seletivo não favoreça em magnitude tais características, em longo prazo, é possível obter ganhos tão ou mais expressivos que as demais características avaliadas, em razão do CV_g . Isso porque o CV_g é um importante indicador da grandeza relativa das mudanças possíveis que podem ser obtidas em cada descritor por meio de seleção (Dias et al., 2011).

Moreira (2011), avaliando a produtividade de 32 progênies de maracujazeiro-azedo, verificou que o IV foi inferior à unidade para a maioria das variáveis resposta. O autor relatou que o emprego de métodos simples de melhoramento não proporcionará ganhos expressivos durante o processo de seleção. E recomendam os métodos de melhoramento baseados no desempenho de famílias, como sendo os mais adequados do que os que utilizam a seleção com base no desempenho de plantas individuais.

Desta forma, os resultados permitem inferir que, quanto maior o número de progênies obtidas e conduzidas por retrocruzamento, maior será o sucesso do programa de melhoramento para a obtenção de genótipos resistentes.

As plantas das progênies T1 e T2 foram inoculadas com o vírus CABMV e avaliadas quanto à resistência. Observou-se que, na progênie T1, de um total de 289 genótipos inoculados com o vírus, 54 genótipos não apresentaram sintomas da doença, recebendo nota 1. Enquanto 18 genótipos, embora tenham apresentado sintomas da doença, as notas variaram de 1 a 2 durante o período de observação. Ou seja, estes genótipos apresentaram mosaicos leves e sem deformação foliar.

Na progênie T2, 13 genótipos não apresentaram os sintomas da doença, e quatro apresentaram apenas mosaicos leves e sem deformação foliar. Segundo Leão et al. (2006), plantas com nota 2 podem ser classificadas como portadoras de resistência mediana.

Em relação ao vírus do endurecimento nas plantas avaliadas como suscetíveis, observou-se uma redução ou desaparecimento dos sintomas foliares, os quais retornavam posteriormente no novo lançamento de folhas, corroborando

os resultados obtidos por Rezende, 2006. Tal fato depende da estirpe do vírus e das condições ambientais (Rezende, 2006; Sampaio et al., 2008).

No presente trabalho, observou-se que alguns clones (cópia) do híbrido avaliado como resistente por Santos (2013), e utilizado como doador de grãos de pólen nos cruzamentos, apresentaram folhas com nota 2, enquanto outros clones não apresentaram sintomas da doença.

Mediante tal fato, sete clones do híbrido avaliados como resistentes, após serem inoculados mecanicamente com o vírus e avaliados por escala de nota, foram submetidos à análise do ELISA. Três plantas não apresentaram sintomas da doença, sendo considerados imunes pelo teste ELISA, enquanto quatro plantas apresentaram sintomas da doença e apresentaram-se soro positivo pelo ELISA. É importante salientar que as avaliações foram realizadas em três folhas novas, completamente expandidas a partir do ramo principal, ou seja, a planta não foi avaliada como um todo.

Segundo Oliveira et al. (2013), a presença de certa severidade da virose, embora presente em poucas folhas em comparação ao volume de copa apresentado pelos acessos, pode constituir-se em um mecanismo de resistência à doença.

Acessos de *P. setacea*, nos quais não se observaram sintomas da virose nos frutos e baixa distribuição na planta, embora tenham apresentado folhas com mosaico leve e algumas deformações, foram consideradas como resistentes ao CABMV (Oliveira et al., 2013).

O fato de um genótipo ser resistente não quer necessariamente dizer que ele não irá apresentar os sintomas da doença, entretanto, ele irá desenvolver mecanismos para impedir o desenvolvimento e reprodução do fitopatógeno.

Portanto, o híbrido H5-14 é um genótipo resistente, o que pode ser confirmado pelo fato de esse genótipo, quando retrocruzado com a espécie suscetível à virose, ter originado indivíduos resistentes ao CABMV. Corroborando assim os resultados obtidos por Santos (2013).

Das cinquenta e quatro plantas assintomáticas da progênie T1, 43 genótipos apresentaram-se imunes, sem estarem infectadas pelo vírus CABMV, segundo o teste ELISA. Já na progênie T2, do total de 13 plantas assintomáticas, 12 apresentaram-se imunes pelo ELISA (Tabela 4 e 5).

Tabela 4. Avaliação de plantas da progênie T1, que obtiveram nota 1 na escala de notas, quando submetidas ao Elisa. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014

Genótipo	Absorvância	Resultado
9	0,99	-
13	0,150	-
19	0,163	-
28	0,274	-
29	0,176	-
30	0,074	-
32	0,087	-
33	0,182	-
34	0,078	-
36	0,106	-
39	0,103	-
40	0,140	-
41	0,117	-
43	0,105	-
47	0,085	-
48	0,701	+
52	0,232	-
62	0,107	-
70	0,321	+
72	0,755	+
73	0,418	+
84	0,166	-
87	0,174	-
97	0,107	-
102	0,083	-
107	0,229	-
109	0,117	-
110	0,163	-
113	0,092	-
124	0,243	-
132	0,327	+
141	0,110	-
142	0,924	+
164	0,701	+
168	0,083	-
169	0,161	-
183	0,380	+
186	0,380	-
193	0,115	-
196	0,924	+
216	0,121	-
240	0,087	-
241	0,164	-
254	0,322	+
265	0,260	-
266	0,087	-
270	0,348	-
275	0,098	-
279	0,273	-
281	0,086	-
286	0,097	-

+ significa a presença do vírus; - significa ausência do vírus.

Tabela 5 Reação de plantas da progênie T2 que obtiveram nota 1 na avaliação de escala de notas, quando submetidas ao ELISA. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014

Genótipos	Absorvância	Resultado
297	0,074	-
299	0,155	-
304	0,125	-
306	0,133	-
307	0,325	+
311	0,109	-
314	0,139	-
316	0,097	-
318	0,129	-
319	0,194	-
332	0,303	-
341	0,114	-
343	0,123	-

+ significa a presença do vírus; - significa ausência do vírus.

Portanto, observou-se que 14,87% dos genótipos da progênie T1 foram resistentes ao vírus CABMV, enquanto a progênie T2 apresentou 22,64% de genótipos resistentes. Observaram-se 85,13 e 77,36% de plantas suscetíveis ao vírus CABMV nas progênies T1 e T2, respectivamente. A taxa de mortalidade devido à infecção do vírus foi de 1,62% para o tratamento T1 e 2,43% para a progênie T2 (Tabela 6).

Tabela 6. Valores em porcentagem de indivíduos resistentes e suscetíveis ao vírus do CABMV, e a taxa de mortalidade, em progênies obtida de retrocruzamento entre híbrido resistente e o genitor recorrente suscetíveis ao vírus. UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014

Progênie	% resistente	% suscetível	% mortalidade
T1	14,87	85,13	1,62
T2	22,64	77,36	2,43

A hipótese de herança monogênica para a resistência ao vírus CABMV não foi confirmada mediante a análise das proporções de segregação dos retrocruzamentos do híbrido H5-14 com o parental suscetível. Os números de indivíduos resistentes e suscetíveis obtidos nos retrocruzamentos foram

significativamente diferentes dos números de indivíduos resistentes e suscetíveis esperados ($\chi^2 > 3,84$; g.l. 1; $P > 0,05$) (Tabela 7).

Tabela 7. Qui-quadrado entre o número de indivíduos resistentes e suscetíveis esperados e observados dos retrocruzamentos híbrido (H5-14) X *P. edulis* (genitor recorrente), para o modelo monogênico (gl=1). UENF, Campos dos Goytacazes, 2014.

Progênie	Classe fenotípica	FE	FO	χ^2
T1	R	144,5	43	142,5916
	S	144,5	246	
T2	R	26,5	12	15,8679
	S	26,5	41	

Trabalhos publicados têm relatado sobre a variabilidade genética entre genótipos de *P. edulis* em relação à resistência ao vírus CBMV em campo, e o grau de resistência e suscetibilidade em plantas de *P. edulis* submetidas a condições controladas em casa de vegetação e inoculados artificialmente com o vírus CABMV (Leão et al., 2006; Pinto et al., 2008; Oliveira et al., 2013).

Os grupos de pesquisas também têm avaliado espécies silvestres de *Passiflora* quanto à resistência ao CABMV, bem como realizado cruzamentos interespecíficos visando à obtenção de genótipos resistentes ao vírus e com características agrônomicas desejáveis (Cerqueira–Silva et al., 2008). Entretanto, não há relatos sobre a herança para resistência ao vírus em maracujazeiro.

No trabalho desenvolvido em Brasília, no qual 60 plantas de RC₅ oriundas do cruzamento-base entre *P. edulis* e *P. setacea* foram inoculadas mecanicamente com o Vírus CABMV, verificou-se que tanto os genótipos do genitor recorrente (*P. edulis*) quanto os genótipos da população de RC₅ apresentaram-se suscetíveis ao vírus (Fonseca, 2008). Segundo Faleiro et al. (2005), a resistência ao CABMV é perdida à medida que se avançam as gerações de retrocruzamento, esses autores ainda utilizam o termo “Resistência diluída”.

Entretanto, os resultados obtidos no presente trabalho, permitem concluir que tal resistência não é perdida com o avanço das gerações. Por se tratar de um caráter que não segue a proporção 1:1, torna-se necessário que se avalie um

número muito grande de indivíduos à medida que se avançam as gerações de retrocruzamento.

3.2.5. CONCLUSÕES

Os indivíduos da população segregante obtidos por RC₁ apresentaram vários níveis de resistência. Identificaram-se genótipos imunes, com moderada resistência e suscetíveis.

Os dados permitem concluir que a herança para resistência não é monogênica e que há ganho com a seleção, desde que se trabalhe com grandes populações e se utilizem métodos de melhoramento mais complexos como a seleção recorrente.

3.3. Metodologia REML/ BLUP na seleção de híbridos interespecíficos de *Passiflora*

3.3.1. INTRODUÇÃO

No melhoramento visando resistência à doença em maracujazeiro, geralmente utilizam-se espécies silvestres de *Passiflora* como fonte de resistência, entretanto, essas espécies na maioria das vezes não possuem características agronômicas desejáveis, principalmente em relação aos caracteres ligados à produção, tornando-se necessário que a população obtida seja submetida a processo de seleção (Fonseca et al., 2009; Bugallo et al., 2011; Faleiro et al., 2011; Cerqueira-Silva et al., 2014).

A taxa de mortalidade dos híbridos interespecíficos é grande e, conseqüentemente, nem sempre se tem o mesmo número de indivíduos por tratamento, principalmente quando se tem um número elevado de plantas, o que promove a condução, caracterização e avaliação das progênies em experimentos desbalanceados (Oliveira et al., 2013).

Nestes casos, o método de modelos mistos REML/BLUP é um instrumento flexível para a estimativa de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos, visto que pode ser aplicado a dados desbalanceados e provenientes de diferentes gerações (Klil-Filho et al., 2000).

A inferência de genótipos, em qualquer fase de um programa de melhoramento, deve ser baseada em médias genéticas e não nas fenotípicas, já

que as médias genóticas são as médias futuras quando as cultivares forem plantadas em cultivos comerciais (Borges et al., 2010).

O método BLUP é um método vantajoso no melhoramento de características quantitativas, como é o caso dos caracteres relacionados à produtividade, uma vez que prediz os valores genéticos, livres dos efeitos ambientais (Resende, 2002; Resende et al., 2014).

Com a estimação dos valores genóticos, é possível realizar a seleção genética, e estimar a acurácia seletiva, o progresso genético e o estudo de estabilidade e adaptabilidade associadas à produtividade numa única medida e na mesma escala de caráter avaliado (Santos, 2009).

Portanto, o presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e obter o valor genético para as características avaliadas, utilizando a metodologia dos modelos mistos REML/BLUP; e realizar a seleção em nível de planta dentro de progênie, buscando identificar genótipos superiores obtidos de cruzamento interespecífico entre *P. edulis* e *P. setacea*, para o avanço de geração no programa de melhoramento genético do maracujazeiro-azedo em desenvolvimento da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

3.3.2. REVISÃO

3.3.2.1. Método REML/BLUP na seleção de genótipos superiores

A adoção de estratégias eficientes para a obtenção de populações segregantes, as quais deverão apresentar variabilidade genética associando média alta para as principais características de importância agrícola na cultura, aliada à capacidade de o melhorista selecionar os genótipos que superem com facilidade os melhores já existentes até aquele dado momento e ao correto direcionamento dos cruzamentos entre os genótipos selecionados, de forma a não exaurir a variabilidade, são pontos que irão determinar o sucesso de um programa de melhoramento (Ematné, 2011).

Além disso, no melhoramento de populações, deve-se ter bastante critério na escolha dos métodos de seleção adotados, nas avaliações dos genótipos, na

correta interpretação dos efeitos do ambiente, nas interações genótipos x locais e genótipos x anos, na identificação de efeitos pleiotrópicos e nas correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres (Paterniani & Miranda Filho, 1987; Paiva et al., 2002).

O emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e por valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) tem sido uma alternativa utilizada atualmente para a realização de inferências sobre materiais em fase de lançamento de cultivares, baseando-se em médias genotípicas e não fenotípicas. Ou seja, o REML/BLUP baseia-se na estimação dos componentes de variância e na predição dos valores genéticos dos candidatos à seleção (Resende, 2001; Rodrigues et al., 2013; Freitas et al., 2013).

O estimador BLUP foi desenvolvido em 1949, entretanto, a teoria genérica do BLUP como procedimento ótimo foi difundida completamente a partir da década de 1970, pelos cientistas Charles Henderson nos Estados Unidos e Robin Thompson na Inglaterra. Na década de 80, o procedimento REML/BLUP passou a ser utilizado rotineiramente no melhoramento animal, chegando ao Brasil em 1994 (Resende, 2007).

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

A disponibilidade dos *softwares* permitiu que o procedimento REML/BLUP individual fosse aplicado ao melhoramento florestal, o que ocorreu em 1995. Entretanto, não havia uma derivação do BLUP que considerasse as características dos delineamentos experimentais. Os *softwares* desenvolvidos para o melhoramento animal adequavam-se ao melhoramento vegetal nos casos em que apenas os efeitos aditivos eram de interesse, havendo limitações com clonagem e com a diversidade do sistema reprodutivo em plantas. Por esta razão, o programa Selegen - REML/BLUP foi desenvolvido para atender à rotina dos programas de melhoramento genético vegetal, de modo a atender às categorias

de plantas autógamas, alógamas, de sistema reprodutivo misto e de propagação vegetativa, além de levar em consideração vários delineamentos experimentais, vários delineamentos de cruzamento, interações genótipo x ambiente, experimentos repetidos em vários locais, medidas repetidas, progênies pertencentes a várias populações dentre outros fatores (Resende, 2007).

No melhoramento genético de plantas, a consideração de efeitos de tratamentos como aleatórios é essencial, pois só assim se pode fazer seleção genética, caso contrário, a seleção será fenotípica (Borges et al., 2010).

Em casos de experimentos, cuja estrutura de tratamento envolve alguns fatores fixos (quando a um determinado fator é atribuído um conjunto finito de tratamentos ou níveis) e alguns fatores aleatórios (quando as inferências são feitas sobre as populações nas quais os tratamentos foram amostrados), ou seja, modelos lineares que contêm efeitos fixos e aleatórios utilizam-se, para a descrição dos dados, modelos denominados de Modelos mistos (Faria, 2008).

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

No caso de plantas perenes, em uma seleção combinada, que leve em consideração a resposta do indivíduo e sua família e o efeito de parcela, é possível selecionar indivíduos com características favoráveis dentro de famílias de desempenho intermediário, ou ainda indivíduos de desempenho intermediário em famílias superiores (Paiva et al., 2002).

O método que considera simultaneamente a resposta do indivíduo e sua família, bem como o efeito da parcela em que o indivíduo foi plantado, é denominado de índice Multiefeito, e este equivale ao melhor preditor linear não viciado (BLUP) para o caso de dados balanceados. Entretanto, para a aplicação do BLUP são necessárias estimativas fidedignas de componentes de variância, sendo o REML o método ótimo de estimação de componentes de variância em casos de dados balanceados e/ou desbalanceados (Paiva et al., 2002; Resende, 2007).

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

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

A metodologia REML/BLUP utiliza, como vetor de soluções, os efeitos de genótipos preditos e os ganhos de seleção para cada indivíduo, o que pode ocasionar a seleção de grupos diferentes para características distintas, principalmente, no caso de estas características apresentarem correlações negativas, a exemplo da produtividade e capacidade de expansão em milho de pipoca (Freitas et al., 2013).

Na comparação dos ganhos genéticos obtidos entre os métodos de seleção individual entre e dentro de progênie e os índices multiefeitos, levando-se em consideração a restrição do tamanho efetivo da população (N_e), observou-se que, para o melhoramento a curto prazo, o Blup é um procedimento ótimo, porém, para o melhoramento a longo prazo, a seleção individual é mais indicada, visto que mantém maior tamanho efetivo populacional (Costa et al., 1999).

Na comparação de quatro índices de seleção (Pesek & Baker, Smith & Hazel, Mulamba & Mock, Williams) e o método REML/Blup na avaliação de ganhos genéticos preditos das características de interesse ao programa de melhoramento do milho-pipoca UENF 14, observara-se que método REML/Blup mostrou-se muito eficiente, tendo selecionado progênies com desempenhos relativos elevados e com ganhos genéticos preditos melhores que os dos índices de seleção testados (Freitas et al., 2013).

Nos últimos anos, o REML/BLUP tem sido utilizado na estimativa e predição de parâmetros genéticos e valores genéticos, bem como na seleção de

genótipos em diversas culturas perenes, anuais, e florestais, tais como, milho de pipoca (Ématné, 2011; Freitas et al., 2013); batata-doce (Borges et al., 2010); eucalipto (Garcia & Nogueira, 2005; Mora, 2006; Costa, 2014); café (Rodrigues et al., 2013; Carias et al., 2014); seringueira (Filho et al., 2002; Costa et al., 2002); maracujá (Ferreira, 2013; Assunção, 2014); arroz (Morais Júnior, 2013); pupunha (Neto et al., 2001); açaizeiro (Neto et al., 2012); mamona (Oliveira et al., 2013); acerola (Paiva et al., 2002); goiabeira (Quintal, 2013); algodão (Resende et al., 2014).

3.3.3. MATERIAL E METÓDOS

3.3.3.1. Material Genético e condições de cultivo

Foram avaliados, em duas safras, 77 híbridos interespecíficos, de nove progênes oriundas do cruzamento entre as espécies *P. edulis* e *P. setacea*, utilizando-se a espécie cultivada *P. edulis* como doador e receptor de grão de pólen (Tabela 1).

Os dois genótipos de *P. setacea* utilizados para a obtenção das progênes híbridas são provenientes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC). Enquanto os genótipos de *P. edulis* são oriundos do programa de melhoramento do maracujazeiro da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF).

Os híbridos interespecíficos foram plantados em campo, na área experimental da Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, com latitude sul de 21° 45', longitude 41° 20' W e 11 m de altitude. As plantas foram conduzidas em espaldeira vertical, com mourões de 2,5 m de altura, espaçados a 4 m e com um fio de arame número 12 a 1,80 m do solo. A distância entre linhas de plantio foi de 3,5 m. Utilizando-se, como delineamento experimental, blocos ao acaso desbalanceados para plantas dentro de progênes com duas repetições.

Tabela 1. As nove progênies e seus respectivos genótipos.

Progênies	Genótipos
H1	1, 3, 7, 9, 11, 16, 22
H2	3, 4, 7, 11, 12, 14, 17, 18, 20
H3	7, 9, 10
H4	2, 5
H5	1, 3, 4, 5, 7, 9, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23
H6	6
H7	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 11, 12, 13, 14
H8	3, 16, 28, 45, 47, 48, 55, 62, 68, 74
H9	1, 9, 11, 12, 21, 29, 36, 40, 47, 52, 54, 55, 56, 57

Realizou-se poda de limpeza e frutificação no período entre a primeira safra em 2012 e a segunda safra em 2013.

Do total de 271 híbridos interespecíficos, apenas 77 foram avaliados em duas safras, uma vez que apenas estes genótipos produziram frutos na safra de 2012 e 2013.

As características morfoagrômicas avaliadas em frutos foram: Número de Frutos (NF), contagem do número de frutos produzidos por planta durante todo o período de observação; Massa de Frutos (PFR), dez frutos de cada genótipo foi pesado individualmente, por meio de balança digital semianalítica e expressa em g; Massa da Polpa (PP), obtida por meio da pesagem da polpa (sementes com arilo), com o auxílio de balança semianalítica e expressa em g; Teor de Sólidos Solúveis Totais (SST), obtido por refratometria, utilizando-se refratômetro digital portátil ATAGO N1, com leitura na faixa de 0 a 32° brix. As leituras foram feitas em alíquotas de suco da polpa; Produtividade (PRO), massa média dos frutos multiplicada pelo número de frutos obtidos.

3.3.3.2. Estimação de parâmetros genéticos via REML e BLUP para valores genéticos

Os dados foram avaliados por meio do *software* Selegen-REML/BLUP (Resende, 2009). A análise seguiu o modelo estatístico $y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais

(assumidos como aleatórios), \mathbf{p} é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), \mathbf{i} é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatórios) e \mathbf{e} é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram estimados os seguintes componentes de variância (REML Individual):

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre progênes de irmãos germanos, equivalendo a (1/2) da variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia.

$\hat{\sigma}_{parcial}^2$: variância ambiental entre parcelas.

$\hat{\sigma}_{inter}^2$: variância da interação genótipos x ambientes.

$\hat{\sigma}_{dentro}^2$: variância residual dentro de parcela.

$\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual.

$\hat{h}_{aditiva}^2$: herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$\hat{c}_{parcela}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas.

$\hat{c}_{g \times a}^2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes.

$\hat{h}_{aditiva/parcela}^2$: herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

r_{gloc} : correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos vários ambientes.

\hat{X} : média geral do experimento.

Uma vez que o material genético utilizado neste estudo é derivado de cruzamento interespecífico, com as observações em duas safras, as análises foram realizadas utilizando-se o modelo estatístico 148 do programa Selegen, sendo este o que mais se aproximou da real estrutura genética das progênes analisadas.

3.3.4. RESULTADO E DISCUSSÃO

3.3.4.1. Estimativa dos parâmetros genéticos

A herdabilidade individual no sentido restrito, para todos os caracteres, foi considerada de baixa magnitude, variando de 0,12 a 0,32, observando-se o menor valor de herdabilidade (0,12), para a característica massa de fruto (PFR), e os maiores valores, 0,32 e 0,30, verificados, respectivamente, para as variáveis número de frutos (NFR) e massa de polpa (PP) (Tabela 1).

Santos (2013), avaliando 118 híbridos interespecíficos em nove progênes de irmão completo, verificou que as estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito variaram de 0,62 a 0,0089. Segundo este autor, os maiores valores de herdabilidade foram estimados para SST (0,62) e PP (0,61). Portanto, a h^2 restrita encontrada para PP, no presente trabalho, corresponde à metade do valor obtido por Santos (2013) para esta mesma característica. Enquanto a h^2 restrita, obtida para SST, equivale a um quarto do valor encontrado pelo referido autor.

Paiva et al. (2002) também observaram h^2 de baixa magnitude para características relacionadas à produtividade em acerola, com valores variando de 0,11 a 0,28.

Valores baixos de herdabilidade também foram estimados por REML/BLUP em progênes de goiabeira (Quintal, 2013).

Ferreira (2013), avaliando progênies de meio-irmão de maracujazeiro-azedo, utilizando o procedimento REML/BLUP, verificou estimativas de h^2 de 0,3952 para a variável número de frutos, e 0,4397 para produção total, sendo estas estimativas consideradas de baixa magnitude pelo referido autor.

A h^2 aditiva dentro de parcela foi de maior magnitude em relação a h^2 aditiva individual, apenas para as variáveis PFR e PP. Indicando que, para essas duas características, o ganho genético dentro de família foi maior que o ganho genético entre indivíduos.

Os baixos valores de herdabilidade para as características avaliadas no presente trabalho inferiram a adoção de métodos de seleção mais elaborados. Entretanto, sabe-se que a herdabilidade não é imutável, não sendo condicionada apenas à característica, mas também à população e às condições ambientais a que a população foi submetida (Ferreira, 2013).

Os valores estimados para a variância genotípica variaram de 0,12 a 113397,02, sendo 72,52 e 113397,02 os maiores valores observados, respectivamente, para NF e PRO, indicando uma alta variabilidade genética para estas características na população avaliada.

A variância da interação genótipo x ambiente (σ^2_{inter}) foi de alta magnitude para as variáveis PFR e produtividade (PRO), apresentando os valores de 247,84, e 269808,04. Entretanto, a variável teor de sólidos solúveis totais (SST) apresentou uma baixa variância para essa interação (0,05). Os valores de variância da interação genótipo x ambiente, para as características número de frutos (NF) e peso de polpa (PP), foram respectivamente, 26,55 e 32,75.

O coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambiente, para PFR e PRO, foi 0,63 e 0,20, respectivamente. Enquanto os valores de coeficientes de interação obtidos, para NF, PP e SST, foram 0,06, 0,048 e 0,03, respectivamente.

A variância ambiental entre parcelas ($\sigma^2_{parcial}$) variou de 0,69 a 206587,03. As variáveis NF e PRO apresentaram os maiores valores, sendo 72,52 e 206.587,03 respectivamente. Este resultado mostra que grande parte da variabilidade entre as progênies, em relação ao número de frutos obtidos, nas diferentes safras, é devido a fatores ambientais, o que, conseqüentemente, influenciou a produção total.

As características correlacionadas indiretamente ou diretamente à produtividade, geralmente, são de herança poligênica, podendo sofrer forte influência do ambiente na expressão do fenótipo. O fato de a herança ser poligênica para esses caracteres, possivelmente explica os baixos valores observados para a h^2 no sentido restrito.

A variância fenotípica (σ_f^2) variou de 1,63 a 1413805,67. Os maiores valores, para a variância fenotípica, foram verificados para as características NF, PFR e PRO, sendo 443,97; 114,38 e 1413805,67, respectivamente. Santos (2013) também observou um maior valor σ_f^2 para as características NF e PFR em 118 híbridos interespecíficos de passiflora (*P. setacea* e *P. edulis*) de nove progênes de irmãos-completos.

A correlação genotípica (r_{gloc}) entre o desempenho dos híbridos nos diferentes anos de observações variou de 0,08 a 0,75. Os maiores valores de correlação foram verificados para NF (0,73) e SST (0,75), enquanto o menor valor foi estimado para PFR (0,08).

Observando os resultados, foi possível visualizar que a grande variação para NF e SST, nos genótipos ao longo dos anos, é atribuída principalmente à variância do ambiente, e de menor magnitude à contribuição relativa tanto da interação genótipo x ambiente quanto do genótipo. Entretanto, para as características PFR, PP e PRO, a contribuição da interação genótipo x ambiente foi de maior magnitude em relação à contribuição da variação do ambiente e do genótipo.

Ferreira (2013) também observou que, em progênie de meio-irmão de maracujazeiro-azedo, a variável NF foi à característica mais influenciada pelo ambiente.

Tabela 1. Estimativa dos componentes de variância genotípica entre progênes de irmão completos (σ_g^2), variância ambiental entre parcela ($\sigma_{parcial}^2$), variância de interação genótipo x ano (σ_{inter}^2), variância residual dentro de parcela (σ_{dentro}^2), variância fenotípica individual (σ_f^2), herdabilidade individual no sentido restrito ($h_{aditiva}^2$), Coeficiente de determinação do efeito de parcela ($C_{parcela}^2$), Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ano (C_{inter}^2), herdabilidade aditiva dentro de parcela ($h_{aditiva/parcela}^2$), correlação genotípica entre o desempenho das progênes nos diferentes anos (r_{gloc}) e média geral do experimento (\bar{x}). UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

	NF	PFR	PP	SST	PRO
σ_g^2	72,52	22,28	10,22	0,12	113397,02
$\sigma_{parcial}^2$	94,45	6,61	2,14	0,69	206587,03
σ_{inter}^2	26,55	247,84	32,75	0,05	269808,04
σ_{dentro}^2	250,47	114,38	21,87	0,76	824013,57
σ_f^2	443,97	391,12	67	1,63	1413805,67
$h_{aditiva}^2$	0,32 ± 0,18	0,12 ± 0,11	0,30 ± 0,17	0,15 ± 0,13	0,16 ± 0,12
$C_{parcela}^2$	0,22	0,02	0,031	0,42	0,14
$C_{g \times ano}^2$	0,06	0,63	0,048	0,03	0,20
$h_{aditiva/parcela}^2$	0,28	0,19	0,46	0,015	0,13
r_{gloc}	0,73	0,08	0,23	0,75	0,30
\bar{x}	16,47	50,58	18,61	13,25	880,63

3.3.4.2. Seleção dos genótipos e estimativas dos ganhos

De um total de 77 indivíduos avaliados, selecionaram-se os 30 melhores para cada uma das variáveis analisadas, correspondendo a 38,9% dos genótipos. Os ganhos genéticos foram preditos e as novas médias estimadas foram superiores à média geral em todas as variáveis analisadas.

Os ganhos genéticos obtidos, para as características NF, PP, PFR, SST e PRO, variaram em 21,04 a 4,17%; 5,55 a 1,96%; 7,48 a 2,39%; 0,44 a 0,15% e 611,31 a 136,21%, respectivamente. Os ganhos obtidos, para as variáveis NF e PRO, foram de grande magnitude, o que demonstra sucesso com a seleção.

Avaliando-se as variáveis NF e PRO, durante duas safras, observou-se que o genótipo híbrido 1 pertencente à progênie 5, foi o primeiro do *ranking* a ser selecionado para essas duas características. O ganho predito com a seleção deste indivíduo foi 21,04 e 611,31%, para NF e PRO, respectivamente (Tabela 2.), permitindo um acréscimo na média de 41,53 e 611,31, respectivamente para NF e PRO.

Na trigésima colocação para a variável PF, encontra-se o genótipo 36, pertencente à progênie 9, enquanto que, para a variável PRO, foi observado o genótipo 5 da progênie 7. O genótipo 36 apresentou um ganho de 4,34% e um acréscimo na média de 13,89 para a variável PF. Enquanto o genótipo 5 apresentou ganho de 136,21% e acréscimo da média de 136,22 para PRO.

Santos (2013) também verificou que o genótipo 1 da progênie 5 foi o melhor indivíduo selecionado para NF, durante a avaliação da produção na safra de 2012, entretanto, este autor verificou um ganho de seleção de 319,15% e acréscimo na média de 50,65 para a característica. Porém, no presente trabalho, analisando duas safras, 2012 e 2013, foi verificado um valor menor tanto para ganho de seleção quanto para o acréscimo na média.

Com exceção dos genótipos 7 progênie 8, 9 progênie 55, 1 progênie 1 e 9 progênie 36, todos os demais genótipos, selecionados para a característica NF, foram os mesmos selecionados para PRO, entretanto, houve uma alteração na ordem do ranqueamento entre a seleção para essas duas características, embora o primeiro e segundo genótipos ranqueados para ambas as características tenham sido os mesmos.

Apenas os genótipos 3 da progênie 10; 5 da progênie 22; e 5 da progênie 23 não foram selecionados para NF, mas ocuparam o lugar de 26º, 28º e 29º, respectivamente, para a característica PRO.

Os genótipos 20 da progênie 2 e 55 da progênie 8 foram os primeiros e segundos ranqueados, respectivamente, para as características PFR e PP. O genótipo 2 apresentou um ganho de 7,48% para PFR e 5,55% para PP, verificando-se um acréscimo na média de 7,48 para PFR e 5,55 para PP.

Dos 30 genótipos selecionados para PFR, 20 são os mesmos que foram selecionados para PP. Com exceção dos dois primeiros ranqueados para ambas as características, houve alteração apenas na ordem de ranqueamento dos

demais genótipos. Este resultado demonstra que o peso do fruto foi diretamente relacionado com o peso da polpa.

No geral, observou-se que o genótipo 20 da progênie 2, selecionado em primeiro lugar para as características PFR e PP, encontrou-se na 10^o colocação para NF, e na 9^o para PRO. Enquanto o genótipo 55 da progênie 8 não foi selecionado em relação ao NF e PRO. Portanto, pode-se deduzir que a característica NF está diretamente relacionada com a produtividade total.

A associação entre as características número de frutos e peso de fruto não foram verificadas em uma população segregante obtida de cruzamento entre variedades da espécie *P. edulis* por Moraes et al. (2005). Entretanto, esses autores verificaram uma correlação genética alta e positiva, entre as características número de frutos e produção de frutos, tornando possível a utilização da variável NF, na seleção indireta para produtividade.

Segundo Silva et al. (2009), as características número de frutos e produção parcial podem ser utilizadas como indicadores do potencial produtivo das progênies, uma vez que a produção total é de difícil mensuração, e tendo em vista que o período de colheita é longo, são necessárias várias avaliações para se obterem estimativas mais precisas.

Tabela 2. Ganho genético e novas médias previstas, estimados via REML/BLUP em duas safras, em 77 híbridos interespecíficos obtidos de cruzamentos entre *P. edulis* x *P. setacea*, para as características número de frutos (NF), massa do fruto (PFR), massa da polpa (PP), teor de sólidos solúveis totais (SST) e produtividade total (PRO). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

	NF		PFR		PP		SST		PRO	
Ord.	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
1	21,04	37,53 (5/1)	7,48	58,06 (2/20)	5,55	24,16 (2/20)	0,44	13,69 (2/12)	611,31	1491,94 (5/1)
2	19,43	35,90 (9/57)	6,21	56,79 (8/55)	5,21	23,82 (8/55)	0,36	13,61 (5/15)	579,43	1460,07 (9/57)
3	16,27	32,75 (1/16)	5,77	56,34 (8/47)	4,79	23,39 (7/8)	0,33	13,58 (8/55)	489,03	1369,67 (9/56)
4	14,53	31,01 (9/29)	5,48	56,07 (4/2)	4,55	23,15 (8/47)	0,31	13,56 (1/16)	435,51	1316,14 (9/11)
5	13,24	29,72 (9/56)	5,07	55,65 (9/21)	4,26	22,86 (4/2)	0,30	13,55 (2/11)	399,19	1279,83 (9/29)
6	12,29	28,77 (9/11)	4,75	55,33 (8/45)	4,03	22,63 (7/5)	0,30	13,54 (7/13)	372,15	1252,79 (1/16)
7	11,44	27,92 (5/15)	4,50	55,08 (9/12)	3,86	22,47 (9/11)	0,29	13,53 (9/1)	344,05	1224,68 (8/47)
8	10,81	27,29 (5/14)	4,30	54,89 (2/11)	3,73	22,34 (2/11)	0,28	13,52 (7/7)	322,87	1203,51 (2/11)
9	10,28	26,76 (5/12)	4,15	54,73 (7/8)	3,63	22,23 (8/45)	0,27	13,52 (3/9)	306,05	1186,69 (2/20)

Ord.= ordenamento; Entre parênteses: indivíduos dentro de cada progênie ordenados e selecionados (progênie/indivíduo).

Cont. Tabela 2.

	F		PFR		PP		SST		PRO	
Ord.	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
10	9,63	26,11 (2/20)	4,00	54,59 (2/18)	3,54	22,14 (9/12)	0,26	13,51 (2/14)	292,58	1173,22 (5/12)
11	9,09	25,57 (7/4)	3,89	54,46 (3/10)	3,41	22,02 (9/29)	0,25	13,50 (5/16)	276,61	1157,24 (5/4)
12	8,63	25,11 (5/4)	3,76	54,35 (5/3)	3,30	21,89 (5/3)	0,24	13,49 (7/8)	262,08	1142,73 (9/21)
13	8,23	24,71 (5/13)	3,66	54,25 (1/3)	3,18	21,78 (1/1)	0,24	13,48 (9/9)	249,48	1130,11 (7/3)
14	7,89	24,37 (2/11)	3,58	54,17 (8/28)	3,07	21,67 (9/56)	0,23	13,47 (5/9)	237,93	1118,57 (5/14)
15	7,58	24,06 (8/47)	3,48	54,06 (7/3)	2,98	21,58 (9/57)	0,22	13,47 (5/7)	227,91	1108,55 (5/13)
16	7,26	23,74 (5/20)	3,39	53,98 (3/7)	2,90	21,50 (1/3)	0,21	13,46 (1/3)	218,95	1099,58 (5/16)
17	6,96	23,44 (5/16)	3,31	53,90 (7/5)	2,82	21,42 (7/3)	0,21	13,46 (2/17)	210,96	1091,60 (7/4)
18	6,70	23,18 (5/18)	3,23	53,81 (7/12)	2,75	21,35 (5/21)	0,21	13,46 (7/1)	203,55	1084,20 (5/18)
19	6,45	22,93 (7/12)	3,14	53,73 (9/11)	2,67	21,27 (5/23)	0,21	13,45 (7/3)	196,87	1077,51 (7/12)

Ord.= ordenamento; Entre parênteses: indivíduos dentro de cada progênie ordenados e selecionados (progênie/indivíduo).

Cont. Tabela 2.

Ord.	NF		PFR		PP		SST		PRO	
	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média	Ganho (%)	Nova média
20	6,22	22,70 (7/3)	3,06	53,64 (7/14)	2,59	21,20 (9/40)	0,19	13,45 (5/5)	190,66	1071,29 (5/20)
21	5,98	22,46 (2/7)	2,98	53,57 (8/16)	2,52	21,12 (8/28)	0,19	13,44 (8/16)	184,54	1065,16 (5/15)
22	5,75	22,23 (1/3)	2,91	53,49 (1/11)	2,44	21,05 (1/11)	0,19	13,43 (9/12)	178,78	1059,41 (1/3)
23	5,53	22,00 (9/21)	2,84	53,42 (9/40)	2,34	20,97 (1/7)	0,18	13,43 (8/62)	173,22	1053,86 (5/19)
24	5,30	21,77 (5/19)	2,77	53,36 (1/9)	2,30	20,91 (5/4)	0,18	13,42 (9/56)	167,12	1047,74 (2/7)
25	5,08	21,56 (5/21)	2,71	53,29 (7/2)	2,24	20,85 (3/10)	0,17	13,43 (5/3)	161,35	1041,99 (7/8)
26	4,88	21,37 (7/8)	2,64	53,22 (5/5)	2,18	20,78 (9/21)	0,17	13,42 (1/9)	156,00	1036,64 (3/10)
27	4,69	21,17 (9/55)	2,58	53,16 (5/23)	2,12	20,73 (5/13)	0,17	13,41 (9/52)	151,03	1031,66 (5/21)
28	4,51	20,99 (7/5)	2,52	53,11 (5/22)	2,06	20,66 (9/52)	0,16	13,41 (5/17)	145,85	1026,48 (5/22)
29	4,34	20,82 (1/1)	2,45	53,04 (5/21)	2,01	20,61 (2/18)	0,15	13,41 (9/21)	140,87	1021,50 (5/23)
30	4,17	20,65 (9/36)	2,39	52,98 (2/7)	1,96	20,56 (9/47)	0,15	13,40 (9/54)	136,21	1016,85 (7/5)

Ord.= ordenamento; Entre parênteses: indivíduos dentro de cada progênie ordenados e selecionados (progênie/indivíduo).

O acréscimo na média para a característica teor de sólidos solúveis variou muito pouco entre o primeiro genótipo ranqueado (13,69) e o último (13,40), ou seja, a diferença foi de 0,29. Desta forma, pode-se inferir que esta característica é pouco relevante para a seleção de genótipos nesta população, tendo em vista que a variabilidade genética para SST foi muito pequena, apresentando uma variância genética de 0,12, sendo este descritor muito influenciado pelo ambiente, apresentando uma variância fenotípica de 1,63.

Pouca variação para SST também foi verificada entre progênies de maracujazeiro-azedo (*P. edulis*), por Nascimento et al., 2003.

A população avaliada, no presente trabalho, foi constituída por genótipos híbridos interespecíficos, obtidos em programa de melhoramento genético visando à obtenção de uma cultivar de *Passiflora* com características agrônomicas desejáveis e resistentes ao CABMV, portanto, é importante salientar que os genótipos 1 da progênie 5, e 57 da progênie 9, se encontram nas duas primeiras colocações no ranqueamento para NF e PRO, e foram classificados como resistentes ao vírus do CABMV, tendo a resistência confirmada por Santos (2013) mediante o teste ELISA.

A progênie 5 foi a que teve um maior número de genótipos selecionados para as características NF e PRO, sendo 11 e 13 genótipos, respectivamente. Seguida da progênie 9, da qual foram selecionados 7 genótipos para NF e 5 para PRO. Entretanto, não houve seleção de genótipos pertencentes às progênies 4 e 6, para ambas as características.

Apenas um genótipo foi selecionado na progênie 3 para a característica PRO, entretanto, não foi observada seleção de indivíduos desta progênie para NF.

Os indivíduos 1/1, 2/20, 5/1, 5/12, 5/14, 5/21, 7/12, 8/47, 9/57, 9/56 e 9/11, selecionados para as características NF e PRO, além do indivíduo 3/10 selecionado apenas para PRO, foram classificados como resistentes ao CABMV, por Santos (2013).

3.3.5. CONCLUSÕES

As progênies 5 e 9 são promissoras podendo ser utilizadas para dar continuidade ao programa de melhoramento do maracujazeiro-azedo da UENF, uma vez que foi verificado nestas uma grande quantidade de genótipos selecionados por apresentarem bom ganho com a seleção para as características relacionadas à produção, principalmente quanto ao número de frutos e produtividade total.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguiar, A. V. M.; Silva, R. M.; Cardoso, E. A.; Maracajá, P. B.; Pires, H. G. (2010) Utilização de espécies de *Passiflora* spp. como porta-enxertos no controle de doenças do maracujazeiro. *Agropecuária Científica no Semi-Árido*, 6 (4): 17 – 22.
- Allard, R. W. (1971) *Princípios do melhoramento genético das plantas*. Rio de Janeiro: Edgard Blucher, 381p.
- Albuquerque, R. P. F.; Pereira, W. E. ; Marques, L. F.; Araújo, R. C.; Lopes, E. B. (2010) Crescimento e composição mineral de mudas de maracujazeiro amarelo fertilizados com boro e potássio. *Engenharia Ambiental*, 7(2):084-096.
- Alfenas, P. F.; Braz, A. S. K.; Torres, L. B.; Santana, E. N.; Nascimento, A. V. S.; Carvalho, M. G.; Otoni, W. C.; Zerbini, F. M. (2005) Transgenic Passionfruit Expressing RNA Derived from *Cowpea aphid-borne mosaic virus* is Resistant to Passionfruit Woodiness Disease. *Fitopatologia Brasileira*. 30(1): 1–6.
- Alves, A. C. C. N. (2008) Passion flower littleleaf mosaic begomovirus: Reação de espécies de *Passiflora*, gama parcial de hospedeiros, seleção de estirpe fraca

e transmissão por *Bemisia tabaci* biótipo B. Dissertação (Mestrado) Escola Superior Agrícola Luiz de Queiroz, Piracicaba –SP, 48p.

Amata, R. L.; Otipa, M. J.; Waiganjo, M.; Wabule, M.; Thurair, E. G.; Erbaugh, M.; Miller, S. (2009) Incidence, prevalence and severity of passion fruit fungal diseases in major production regions of Kenya. *Journal of Applied Biosciences* 20: 1146–1152.

Amorim, J. S.; Souza, M. M.; Viana, A. J. C.; Freitas, J. C. O. (2011) Self-cross and interspecific pollinations in *Passiflora capsularis* and *P. rubra*. *Revista Brasileira de Botânica*, 34 (4): 525-532.

Anjos, J. R. N.; Junqueira, N. T. V.; Charchar, M. J. D' (2001). *Incidência e distribuição do vírus do endurecimento dos frutos do maracujazeiro no Cerrado do Brasil Central*. EMBRAPA- Cerrado (ISSN – 1517- 5111) 30: 15p.

Ansari, S.; Shahab, S.; Mazid, S.; Ahmed, D. (2012) Comparative study of *Fusarium oxysporum* f sp. *lycopersici* and *Meloidogyne incognita* race-2 on plant growth parameters of tomato. *Agricultural Sciences* 3: 844-847.

Aramburo, J. L. (2012) *Evaluación de la resistencia Genética de especies de Passiflora spp A Fusarium spp, agente causal de la "SECADERA"*. Dissertação (Mestrado), Palmira – Colombia, Universidad nacional de Colombia, Facultad de ciencias agropecuarias coordinacion general de postgrados, 119p.

Araújo, F. P.; Silva, N.; Queiroz, M. A. (2008) Divergência genética entre acessos de *Passiflora cincinnata* mast com base em descritores morfoagronômicos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30 (3): 723-730.

Assunção, M. P. (2014) *Estimativas de parâmetros genéticos e estratégias de seleção no maracujazeiro azedo*. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas), Tangará da Serra – MT, Universidade do Estado do Mato Grosso, 46p.

- Bellon, G.; Faleiro, F. G.; Junqueira, K. P.; Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F. (2007) Guimarães, C. T. Variabilidade genética de acessos silvestres e comerciais de *passiflora edulis* sims. com base em marcadores RAPD. *Revista Brasileira de Fruticultura* 29 (1): 124-127.
- Bellon, G.; Faleiro, F. G.; Peixoto, J. R.; Junqueira, K. P.; Junqueira, N. V.; Fonseca, K. G.; Braga, M. F. (2009) Variabilidade genética de acessos obtidos de populações cultivadas e silvestres de maracujazeiro-doce com base em marcadores RAPD. *Revista Brasileira de Fruticultura* 31 (1): 197-202.
- Belo, G. O. (2010) Análises morfológicas e genéticas em progênie híbrida F₁ do cruzamento *Passiflora gardneri* MAST x *Passiflora gibertii* N.E. BROW. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal), Ilhéus – BA, Universidade Estadual de Santa Cruz, 128p.
- Bernacci, L. C.; Soares_Scott, M. D.; Junqueira, N. T. V.; Passos, I. R. S.; Meletti, L. M. M. (2008) *Passiflora edulis* SIMS: the correct taxonomic way to cite the yellow passion fruit (and of others colors). *Revista Brasileira de Fruticultura* 30 (2): 566 - 576.
- Bernacci, L. C.; Cervi, A. C.; Milward-de-Azevedo, M. A.; Nunes, T. S.; Imig, D. C.; Mezzonato, A. C. (2014) *Passifloraceae* in **Lista de Espécies da Flora do Brasil**. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB182>>. Acesso em: 09 Jul. 2014.
- Borém, A.; Miranda, G. V. (2009) *Melhoramento de Plantas*. 5 ed. Viçosa – MG: Editora UFV, p.529.
- Borges, A. L.; Souza, L. D. (2010) Recomendação de calagem e adubação para maracujazeiro. *Comunicado Técnico 141*, INSS 1809-502X, EMBRAPA, Cruz das Almas-BA.

- Borges, C. V.; Ferreira, F. M.; Rocha, R. B.; Santos, A. R.; Santos, A. R.; Laviola, B. G. (2014) Capacidade produtiva e progresso genético de pinhão-manso, *Ciência Rural*, 44, (1): 64-70.
- Borges, V.; Ferreira, P. V.; Soares, L.; Santos, G. M.; Santos, A. M. M. (2010). Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. *Maringá*, 32(4): 643-649.
- Braga, M. F.; Santos, E. C.; Junqueira, N. T. V.; Souza, A. A. T. C.; Faleiro, F. G.; Rezende, L. N.; Junqueira, K. P. (2006) Enraizamento de estacas de três espécies silvestres de *passiflora*. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 28 (2): 284-288.
- Britto, F. F.(2013) Progênes híbridas de maracujazeiros do cruzamento *Passiflora cincinnata* Mast. x *Passiflora quadrangularis* Linn. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Vitória da Conquista – BA, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 152p.
- Bruckner, C. H.; Albuquerque, A. S. (2005) Melhoramento de fruteiras. *In: Borém, A. Melhoramento de espécies cultivadas*. Ed.Viçosa: UFV,. p. 813- 863.
- Bruckner, C. H.; Meletti, L. M. M.; Otoni, W. C.; Zerbini Júnior, F. M. (2002) Maracujazeiro. *In: Bruckner, C.H. (Ed.). Melhoramento de fruteiras tropicais*. Viçosa: UFV, p. 373-410.
- Bueno, C. J. ; Fischer, I. H.; Parisi, M. C. M.; Furtado, E. L.(2010). Comportamento do maracujazeiro amarelo, variedade afruvec, ante uma população de *Fusarium solani*, agente causal da podridão do colo. *Arq. Inst. Biol.*, 77 (3): 533-537.
- Campbell, C. D. e Madden, L. V. (1990) *Introduction to plant disease epidemiology*. New York: John Willey, 532p.

- Carias, C. M. O. M.; Tomaz, M. A.; Ferrão, M. A. G.; Fonseca, A. F. A.; Ferrão, R. G.; Gonçalves, L. S. A. (2014) Produtividade de grãos de cafeeiro conilon de diferentes grupos de maturação pelo procedimento REML/BLUP. *Semina*, 35 (2): 707-718.
- Carneiro, F. F.; Ramalho, M. A. P.; Pereira, M. J. Z. (2010) Fusarium oxysporum f. sp. f. sp. phaseoli phaseoli and and Meloidogyne Meloidogyne incognita incognita interaction in common bean. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 10:271-274.
- Castro, M.; Bernacci, L. C.; Meletti, L. M. M.; Filho, J. A. (2012) Análise da fenologia de passifloraceae em Monte Alegre do Sul – SP (BRASIL), In: 6º Congresso interinstitucional de Iniciação científica. Jaguariúna – SP, 1 - 10p.
- Cerqueira-Silva, C. B. M.; Jesus, O. N.; Santos, E. S. L; Corrêa, R. X. ; Souza, A. P. (2014) Genetic breeding and diversity of the genus *Passiflora*: progress and perspectives in molecular and genetic studies. *Internacional Journal of Molecular Sciences* 15: 14122-14152.
- Cerqueira-Silva, C. B. M.; Moreira, C. N.; Figueira, A. R. ; Corrêa, R. X.; Oliveira, A. C. (2008) Detection of a resistance gradient to *Passion fruitwoodiness virus* and selection of yellow passion fruit plants under field conditions. *Genetics and Molecular Research*, 7 (4): 1209-1216.
- Cervi, A. C. (1997) *Passifloraceae do Brasil: estudo do gênero Passiflora L. subgênero Passiflora*. *Fontqueria*, Madrid, 45: 1-92.
- Cia, E.; Salgado, C. L. (2005) Doenças do algodoeiro (*Gossypium* spp.). In: Kimati, H.; Amorim, L.; Rezende, J. A. M.; Bergamin Filho, A.; Camargo, L. E. A. (Ed.). *Manual de fitopatologia*. 4. ed. São Paulo Agronômica Ceres, p. 41-52.
- Colatto, U. L. D. (2010) *Reação de progênies de maracujazeiro azedo à antracnose (Colletotrichum gloeosporioides), à Verrugose (Cladosporium*

- herbarum*) e à bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*). (2010). Dissertação (Mestrado em Agronomia), Brasília – DF, Universidade de Brasília., 97p.
- Conceição, L. D. H. C. S.; Souza, M. M.; Belo, G. O.; Santos, S. F.; Freitas, J. C. O. (2011) Hybridization among wild passionflower species. *Revista Brasileira de Botânica*, 34 (2): 237-240.
- Costa, A. F. S.; Costa, A. N.; Ventura, J. A.; Fanton, C. J.; Lima, I. M.; Caetano, L. C. S.; Santana, E. N. (2008) *Recomendação técnica para o cultivo do maracujazeiro*. Vitória-ES, Incaper (Documento 162) 56p.
- Costa, R. B.; Resende, M. D. V.; Gançaves, P. S.; Silva, M. A. (2002) Individual multivariate REML/BLUP in the presence of genotypex environment interaction in rubber tree (*Hevea*) breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 2 (1): 131-140.
- Costa, R. S.; Môro, F. V.; Oliveira, J. C. (2009) Influência do momento de coleta sobre a viabilidade de grão de pólen em maracujá-doce (*Passiflora alata* curtis). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 31 (4): 956-961.
- Crochemore, M. L.; Molinari, H. B. C.; Gonzaga, L. E. V.(2003b) Genetic diversity in passion fruit (*Passiflora* spp.) evaluated by RAPD markers. *Printed in Brazil* 46, (4): 521-527.
- Crochemore, M. L.; Molinari, H. B. C.; Stenzel, N. M. C. (2003a) Caracterização agromorfológica do maracujazeiro (*Passiflora* spp.). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25 (1): 5-10.
- Cruz, T. V.; Souza, M. M.; Roza, F. A.; Viana, A. J. C.; Belo, G. O.; Fonseca, J. W. S. (2008) Germinação in vitro de grãos de pólen em *passiflora suberosa* para sua utilização em hibridação interespecífica. *Revista Brasileira de Fruticultura* 30 (4):875-879.

- Cruz, C. D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35 (3): 271-276.
- 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.
- Damiri, B. V.; Al-Shahwan, I. M.; Al-Saleh, M. A.; Abdalla, O. A., Amer, M. A. (2013) Identification And Characterization Of *Cowpea Aphid-Borne Mosaic Virus* Isolates In Saudi Arabia. *Journal of Plant Pathology*, 95 (1), 79-85.
- Dias, N. L. P.; Oliveira, E. J. ; Dantas, J. L. L. (2011) Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agronômicos e estimação de parâmetros genéticos. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 46 (11): 1471-1479.
- Ematné, H. J. (2011) *Seleção recorrente interpopulacional em milho de pipoca*. Dissertação (Mestrado em Genética e melhoramento de plantas), Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 93p.
- Faleiro, F. G. (2006) *Relatório técnico de prestação de contas de apoio à realização de eventos*. Instituição EMBRAPA Cerrado/ Centro de pesquisa agropecuário do projeto. IV Reunião Técnica de Pesquisa em maracujazeiro, Brasília – DF.
- Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F. (2005) *Germoplasma e Melhoramento genético de maracujazeiro-Desafios da pesquisa*. In: Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V.; BRAGA, M. F. *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 81-106.
- Faria, V. R. (2008) *Melhor predição linear imparcial (blup) no melhoramento vegetal: seleção entre famílias de meios-irmãos*. Dissertação (Mestrado em

genética e melhoramento de plantas), Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 69p.

Ferreira, R. T. (2013) *Melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo (Passiflora edulis Sims) via seleção recorrente e modelos mistos*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 107p.

Fischer, I. H.; Almeida, A. M.; Fileti, M. S.; Bertani, R. M. A.; Arruda, M. C.; Bueno, C. J. (2010) Avaliação de passifloráceas, fungicidas e *Trichoderma* para o manejo da podridão-do-colo do maracujazeiro, causada por *Nectria haematococca*. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 32 (3): 709-717.

Fischer, I. H.; Arruda, M. C.; Almeida, A. M.; Garcia, M. J. M.; Jeronimo, E. M.; Pinotti, R. N.; Bertani, R. M. A. (2007) Doenças e características físicas e químicas pós-colheita em maracujá amarelo de cultivo convencional e orgânico no centro oeste paulista. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 29 (2): 254-259.

Fischer, I. H.; Bueno, C. Jr; Garcia, M. J. M.; Almeida, A. M. (2010) Reação de maracujazeiro-amarelo ao complexo fusariose-nematoide de galha. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 32 (2): 223-227.

Fischer, I. H.; Rezende, J. A. M.; Filho, N. N.; Silva, J. R. (2005) Ocorrência de *Nectria haematococca* em maracujazais no estado do Rio de Janeiro e resistência de *Passiflora mucronata* ao patógeno. *Fitopatologia brasileira* 30(6).

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

Fonseca, K. G.; Faleiro, F. G.; Peixoto, J. R.; Junqueira, N. T. V.; Silva, M. S.; Bellon, G.; Junqueira, K. P.; Vaz, C. F. (2009) Análise da recuperação do

genitor recorrente em maracujazeiro-azedo por meio de marcadores RAPD₁.
Revista Brasileira de Fruticultura 31(1): 145-153.

France, R. A.; Abawi, G. S. (1994) Interaction between *Meloidogyne incognita* and *Fusarium oxysporum* f. sp. phaseoli on selected bean genotypes. *Journal of Nematology*, 26 (4): 467-474.

Freitas, A. S.; Cazar, M. M.; Ambrósio, M. M. Q.; Silva, A. K. F.; Aragão, M. L.; Lima, J. A. A. (2012) Ocorrência de vírus em cultivos de feijoeiro-caupi no Sertão da Paraíba. *Tropical Plant Pathology*, vol. 37(4): 286-290.

Freitas, I. L. J; Amaral Jr., A. T.; Viana, A. P.; Pena, G. F.; Cabral, P. S.; Vittorazzi, C.; Silva, T. R. C. (2013) Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48 (11): 1464-1471.

Freitas, J. P. X. ; Oliveira, E. J. ; Neto, A. J. C.; Santos, L. R. (2011) Avaliação de recursos genéticos de maracujazeiro-amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 46 (9): 1013-1020.

Fuhrmann, E. (2011) *Reação de híbrido interespecífico de maracujazeiro à bacteriose e características físico-químicas de frutos*. Dissertação (Mestrado em Agronomia) Brasília – DF, Universidade de Brasília.

Fuzatto, M. G.; CIA, E. (2003) Potencial de seleção para resistência à ramulose em algumas cultivares e linhagens de algodoeiro disponíveis no Brasil. *In: IV CONGRESSO BRASILEIRO DE ALGODÃO, 2003, Goiânia-GO. Anais do IV Congresso Brasileiro de Algodão*. Campina Grande-PB: EMBRAPA/CNPA.

Ganga, R. M. D. ; Ruggiero, C.; Lemos, E. G. M.; Grili, G. V. G.; Gonçalves, M. M.; Chagas, E. A.; Wickert, E. (2004) Diversidade genética em maracujazeiro-amarelo utilizando marcadores moleculares FAFLP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 26 (3): 494-498.

Garcia, C. H.;Nogueira, M. C. S.(2005) Utilização da metodologia REML/BLUP

na seleção de clones de eucalipto. *Scientia Forestalis*, 68 : 107-112.

Gridi-Papp, I. L.; Cia, E.; Soave, J. (1979) Transferência da resistência a *Fusarium oxysporum f. vasinfectum* baseada em inoculações durante a germinação de sementes de algodoeiro e em testes sob condições naturais. *Bragantia*, 38 (12): 115 - 121.

Griffin, G. D.; Thyr, B. D. (1988) Interaction of *Meloidogyne hapla* and *Fusarium oxysporum f. sp. medicaginis* on alfalfa. *Phytopathology*, 78 (4): 421- 425.

Gusmão, L. O. (2010) Avaliação de resistência de genótipos de fava (*Phaseolus lunatus* L.) ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). Monografia (Graduação em agronomia), Rio Largo – AL, Universidade Federal de Alagoas, 24p.

Ha, C; Coombs, S; Revill, P. A.; Harding, R. M.; Vu, M; Dale, J. L. (2008) Design and application of two novel degenerate primer pairs for the detection and complete genomic characterization of potyviruses. *Archives of virology*, 153(1): 25-36.

Hartley, H. O.; Rao, J. N. K. (1967) Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. *Biometrika*, v. 54, p. 93-108.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE (2012). *Anuário Estatístico do Brasil, 2011*, v. 71, 474p.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE (2013) *Anuário estatístico do Brasil, 2012*, v. 72, 458p.

Ito, M. A. (2004) *Patogenicidade de Fusarium oxysporum f sp. phaseoli, adubação nitrogenada e produtividade do feijão*. Dissertação (Mestrado em agronomia), Piracicaba – SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 61p.

- Junqueira, K. P.; Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V.; Bellon, G.; Ramos, J. D.; Braga, M. F.; Souza, L. S. (2008) Confirmação de híbridos interespecíficos artificiais no gênero *Passiflora* por meio de marcadores RAPD. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30 (1): 191-196.
- Junqueira, N. T. V.; Anjos, J. R. N.; Silva, A. P. O.; Chaves, R. C.; Gomes, A. C. (2003a) Reação às doenças e produtividade de onze cultivares de maracujá-azedo cultivadas sem agrotóxicos. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 38 (8):1005-1010.
- Junqueira, N. T. V.; Anselmo, R. M.; Pinto, A. C. Q.; Ramos, V. H. V.; Pereira, A. V.; Nascimento, A. C. (2003b) Severidade da antracnose e perda de matéria fresca de frutos de dez procedências de maracujazeiro-doce (*Passiflora alata* dryander) em dois ambientes de armazenamento. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25 (1): 71-73.
- Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F.; Faleiro, F. G.; Peixoto, J. R.; Bernacci, L. C. (2011) Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças. In: COSTA, A. M. *Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro: histórico e perspectivas*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 36 p.
- Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F.; Faleiro, F. G.; Peixoto, J. R.; Bernacci, L. C. (2005) *Potencial de espécie silvestre de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças*. In: Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F. *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina: Embrapa Cerrado, p.81-106.
- Junqueira, N. T. V.; Faleiro, F. G.; Braga, M. F.; Peixoto, J. R. (2006a) Uso de espécies silvestres de Passifloras no pré-melhoramento do maracujazeiro. In: Lopes, M. A.; Fávero, A. P.; Ferreira, M. A. J. F.; Faleiro, F. G. *Curso Internacional de Pré-melhoramento de plantas*. Documento 185, Embrapa, p. 102-110.

- Junqueira, N. T. V.; Santos, E. C.; Junqueira, K. P.; Faleiro, F. G.; Bellon, G.; Braga, M. F. (2010) Características físico-químicas e produtividade de acessos de *Passiflora nitida* Kunth procedentes do Centro-Norte do Brasil. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 32 (3): 791-797.
- Junqueira, N. T. V., Lage, D. A. C., Braga, M. D., Peixoto, J. R., Borges, T. A., Andrade, S. R. M. (2006b) Reação a doenças e produtividade de um clone de maracujazeiro-azedo propagado por estaquia e enxertia em estacas herbáceas de passiflora silvestre. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 28 (1): 97-100.
- Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F.; Faleiro, F. G.; Peixoto, J. R.; Bernacci, L. C. (2005) Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças. In: Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F. *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 81-106.
- Kalil Filho, A. N.; Resende, M. D. V., Kalil, G. P. C. (2000) Componentes de variância e predição de valores genéticos em seringueira pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), *Pesquisa agropecuária brasileira*, v. 35, n. 9, p. 1883-1887.
- King, L. A.; Vanderplank, J.; Dúlli, F.; Frank, A. (2007) Attempts to recreate *Passiflora* 'Kew Gardens'. *Passiflorunde* , 15 (1):2 - 4.
- Kosowski, R. M.; Peixoto, J. R.; Junqueira, N. T. V.; Uesugi, C. H.; Melo, B. (2008) Passionfruit Genotypes Reaction To *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae*, Under Greenhouse Conditions. *Biosci. J.*, 24 (1):60-66.
- Leão, A. J. P. *Formação de mudas de maracujazeiro por enxertia em espécies silvestres e híbridos inter e intraespecíficos* (2011). Dissertação (Mestrado em Agronomia), Brasília – DF, Universidade de Brasília, 88p.

- Leão, R. M. K.; Peixoto, J. R.; Junqueira, N. T. V.; Resende, R. O.; Mattos, J. K. A.; Melo, B. (2006) Reação de progênies de maracujazeiro-azedo ao vírus do endurecimento do fruto (*Cowpea Aphid-Borne Mosaic Virus* - CABMV) em casa de vegetação. *Biosci. J.*, 22 (2): 87 - 92.
- Lima, A. A.; Cunha, M. A. P. (2004) *Maracujá: Produção e qualidade na Passicultura*. Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas-BA 396p.
- Lima, D. T.; Santos, C. E. M.; Rocha, M. R.; Rosado, L. D. S.; Alves, F. M. (2012). Divergência genética entre genótipos de maracujazeiro azedo com base em vigor, incidência de doenças e características de frutos. *Magistra*, 24 (4): 314-322.
- Lorenzi, H.; Bacher, L.; Lacerda, M. (2006) *Passiflora mucronata Lam. Frutas brasileiras e exóticas cultivadas (de consumo in natura)*. São Paulo: Instituto Plantarum de Estudos da Flora, p. 269.
- Maciel, S. C.; Nakano, D. H.; Rezende, J. A. M.; Vieira, M. L. C. (2009) Screening of *Passiflora* species for reaction to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* reveals an immune wild species. *Sci. Agric.*, 66 (3): 414-418.
- Martins, M. R.; Oliveira, J. C.; Di Mauro, A. O. ; Silva, A. C. (2003) Avaliação de populações de maracujazeiro-doce (*Passiflora alata* curtis) obtidas de polinização aberta. *Revista Brasileira de Fruticultura* 25 (1): 111-114.
- Meletti, L. M. M. (2011) Avanços na cultura do maracujá no Brasil. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Volume Especial, p. 83-91.
- Meletti, L. M. M.; Soares-Scott, M. D.; Bernacci, L. C.; Alvares, V.; Filho, J. A. A. (2011) Caracterização de *Passiflora mucronata* Lam.: nova alternativa de maracujá ornamental. *Revista Brasileira de Horticultura Ornamental*, 17(1): 87-95.

- 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.; Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F. *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina*: Embrapa Cerrados, p. 81-106.
- Melo, C. A. F. (2014) *Caracterização morfológica, citogenética e confirmação molecular de híbridos interespecíficos retrocruzados de Passiflora L.*, Tese (Doutorado), Ilhéus – BA, Universidade Estadual de Santa Cruz, 171p.
- Melo, R. M. (2009) *Desempenho agrônomico e reação à virose do endurecimento dos frutos de progênies de maracujazeiro azedo do Distrito Federal*. Dissertação (Mestrado em ciências agrárias), Brasília- DF, Universidade de Brasília, 126p.
- Melo, J. R. F.; Oliveira, A. C. (2008) Avaliação da resistência genética de híbridos intraespecíficos de maracujazeiro – ‘amarelo’(*Passiflora edulis* Sims F. flaviacarpa O. DEG.) inoculado artificialmente com *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) In: 54º Congresso Brasileiro de Genética, Salvador–BA.
- Monteiro, A. S. *Análise genômica e sequenciamento automático de rDNA em populações de Fusarium oxysporum* (2004).Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Alagoas, 112p.
- Monteiro-Hara, A. (2010) *Transformação genética de maracujazeiro-azedo para a resistência ao vírus do endurecimento dos frutos (Cowpea aphid-borne mosaic vírus – CABMV)*. Tese (Doutorado) Paracicaba - SP, Universidade de São Paulo, 76p.
- Monteiro-Hara, A.; Jadão, A. S.; Mendes, B. M. J.; Rezende, J. A. M.; Trevisan, F.; Mello, A. P. O. A.; Vieira, M. L. C.; Meletti, L. M. M.; Piedade, S. M. de S. (2011). Genetic transformation of passionflower and evaluation of r 1 and r 2 generations for resistance to cowpea aphid borne mosaic virus. *Plant disease*, 95(8): 1021–1025.

- Mora, F. (2006) Heredabilidad y valor genético (REML/BLUP) en genotipos de un eucalipto tolerante a la sequía, en el norte de Chile. *Ciência Florestal*, v. 16, n. 2.
- Morais Júnior, O. P. (2013) *Variabilidade e progresso genético com seleção recorrente em arroz de terras altas*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas), Goiânia – GO, Universidade Federal de Goiás – UFG, 163p.
- Moreira, H. S. M. (2011) *Produtividade, reação a doenças e estimativas de parâmetros genéticos em progênies de maracujazeiro-azedo cultivadas no distrito federal*. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Brasília – DF, Universidade de Brasília, 94p.
- Moura, M. C. C. L.; Valois, A. C. C.; Veiga, R. F. A.; Brito, A. C. (2010) Conservação *in situ*: canário nacional e manejo. In: Pereira, T. N. S. *Germoplasma: Conservação, Manejo e Uso no Melhoramento de Plantas*. Editora Arka: Viçosa – MG, p. 17-48.
- Muschner, V. C.; Zamberlan, P. M.; Bonatto, S. L.; Freitas, L. B. (2012) Phylogeny, biogeography and divergence times in Passiflora (Passifloraceae). *Genetics and Molecular Biology*, 35 (4): 1036-1043.
- Narita, N. (2007) *Epidemiologia do “Cowpea Aphid-Borne Mosaic Virus” (CABMV) em maracujazeiro na região produtora da alta Paulista-SP.*, Tese (Doutorado), Botucatu-SP, Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”, 65p.
- Nascimento, A. V. S.; Santana, E. N.; Braz, A. S. K.; Alfenas, P. F.; Pio-Ribeiro, G. ; Andrade, G. P.; Carvalho, M. G.; Zerbini, F. M. (2006) Cowpea aphid-borne mosaic vírus (CABMV) is widespread in passionfruit in Brazil and causes passion fruit woodiness disease. *Archives of Virology*, 151, 2006: 1797- 1809.
- Negreiros, J. R. S.; Alexandre, R. S.; Álvares, V. S.; Bruckner, C. H.; Cruz, C. D. (2008) Divergência genética entre progênies de maracujazeiro amarelo com

base em características das plântulas. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30(1):197-201.

Neto, J. T. F.; Oliveira, M. S. P.; Resende, M. D. V.; Rodrigues, J. C. (2012) Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de progênies de *Euterge Oleracea* na fase juvenil. *Ceres*, v. 18, n. 3, p. 515-521.

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

Novaes, Q. S. (2002) *Seleção de estirpes fracas do Passion Fruit Woodiness vírus e tentativas de imunização para o controle do endurecimento dos frutos do maracujazeiro*. Tese (Doutorado), Piracicaba-SP, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, 88p.

Novaes, Q. S.; Rezende, J. A. M. (1999) Possível aplicação do DAS-ELISA indireto na seleção de maracujazeiro tolerante ao 'Passionfruit Woodiness Virus'. *Fitopatologia Brasileira*, 24: 76-79.

Nunes, T. S.; Queiroz, L. P. (2006) Flora da Bahia: Passifloraceae. *Sitientibus Série Ciências Biológicas*, 6 (3): 194-226.

Nunes, T. S.; Queiroz, L. P. (2007) Uma nova espécie de *Passiflora* L. (Passifloraceae) para o Brasil. *Acta Botânica Brasilica*, 21 (2): 499-502.

Oliveira, E. J.; Soares, T. L.; Barbosa, C. J.; Santos-Filho, H. P.; Jesus, O. N. (2013a) Severidade de doenças em maracujazeiro para identificação de fontes de resistência em condições de campo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35(2): 485-492.

- Oliveira, R. S.; Silva, S. A.; Brasileiro, B. P. (2013b) Estimativas de parâmetros genéticos em mamoneira pelo método reml/blup. *Magistra*, v. 25, n. 2, p. 116-123.
- Oliveira, S. C.; Ruggiero, C. (1998) Aspectos sobre o melhoramento do maracujazeiro amarelo. In: Simpósio Brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro, Jaboticabal, SP, Anais... Jaboticabal, SP: FUNEP, p.291–310.
- Pacheco, C. A.; Schutzer, K.; Verruma-Bernardi, M. R.; Montero, D. A. V.; Meletti, L. M. M. (2014) Physicochemical and sensory analyses of purple and yellow passion fruit. *International Research Journal of Horticulture*, 2(1): 1–5.
- Paiva, J. R.; Resende, M. D. V.; Cordeiro, E. R. (2002) Índice Multiefeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira, *Pesquisa agropecuária brasileira*, v. 37, n. 6, p. 799-807.
- Paula, M. S.; Fonseca, M. E. N.; Boiteux, L. S.; Peixoto, J. R. (2010) Caracterização genética de espécies de passiflora por marcadores moleculares análogos a genes de resistência. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 32 (1): 222-229.
- Peixoto, M. (2005) Problemas e perspectivas do maracujá ornamental. In: Faleiro, F. G.; Junqueira, N. T. V.; Braga, M. F. (Eds.) *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Embrapa Cerrados, Planaltina, p. 457- 464.
- Pereira, M. J. Z. ; Ramalho, M. A. P.; Abreu, A. F. B. (2011) Reação de linhagens de feijoeiro ao fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* em condições controladas. *Ciência agrotecnica*, 35 (5): 940 -947.
- Pereira, R. B.; Silva, G. O.; Pinheiro, J. B.; Carvalho, A. D. F.; Vieira, J. V. (2012) *Herdabilidade e resposta à seleção para peso de raízes e tolerância a queima-das-folhas em populações de cenoura* – Brasília, DF: Embrapa,– (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Hortaliças ; 81), ISSN 1677-2229, 17p.

- Pereira, T. N. S.; Nicoli, R. G.; Madureira, H. C.; Junior, P. C. D.; Gaburro, N. O. P.; Coutinho, K. (2005) *Caracterização morfológica e reprodutiva de espécies silvestres do gênero Passiflora*. In: IV Reunião Técnica de Pesquisas em Maracujazeiro. Embrapa Cerrado, Brasília – DF, p. 29-34.
- Pereira, M. J. Z. (2007) Resistência do feijoeiro a *Fusarium oxysporum f. sp. phaseoli*. Tese (Doutorado), Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 115p.
- Pimentel, L. D.; Stenzel, N. M. C.; Cruz, C. D.; Bruckner, C. H. (2008) Seleção precoce de maracujazeiro pelo uso da correlação entre dados de produção mensal e anual. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 43(10):1303-1309.
- Pinto, A. P. C.; Monteiro–Hara, A. C. B. A.; Stipp, L. C. L.; Rezende, J. A. M.; Harakava, R.; Mendes, B. M. J. (2009) Transformação genética de maracujazeiro doce para resistência ao Cowpea aphid borne mosaic virus (CABMV). In: *XII Congresso brasileiro de fisiologia vegetal Anais. “Desafio para a produção de alimentos e bioenergia”*, Fortaleza-CE.
- Pinto, P. H. T.; Peixoto, J. R.; Junqueira, N. T. V.; Resende, R. O.; Mattos, J. K. A.; Melo, B. (2008) Reação de genótipo de maracujazeiro-azedo ao vírus do endurecimento do fruto (*Cowpea aphid-borne mosaic virus – CABMV*) *Biosci. J.*, 24 (2): 19-26.
- Pio-Ribeiro, G.; Mariano, L. R. (1997) Doenças do maracujazeiro (*Passiflora* spp.) In: KIMATI, H. et al. *Manual de Fitopatologia*, Volume 2: Doenças das Plantas Cultivadas. 3ª edição, Editora Agronômica Ceres, São Paulo-SP.
- Prins, M.; Laimer, M.; Noris, E; Schubert, J.; Wassenegger, M; Tepfer, M. (2008) Strategies for antiviral resistance in transgenic plants, *Molecular Plant Pathology*, 1: 73–83.

- Quintal, S. S. R. (2013) *Melhoramento da goiabeira P. guajava via metodologia de modelos mistos*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 181p.
- Reis, R. V.; Oliveira, E. J.; Viana, A. P.; Pereira, T. N. S.; Pereira, M. G.; Silva, M. G. M. (2011) Diversidade genética em seleção recorrente de maracujazeiro amarelo detectada por marcadores microssatélites. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 46 (1): 51-57.
- Resende, M. A. V.; Freitas, J. A.; Lanza, M. A.; Resende, M. D. V.; Azevedo, C. F. (2014) Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra *Pesq. Agropec. Trop.*, Goiânia, v. 44, n. 3, p. 334-340.
- Resende, M. D. V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: EMBRAPA Informação tecnológica, 975.
- Resende, M. D. V. (2007) *Selegem REML/BLUP Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelo linear misto*. Documento 47, Embrapa Floresta, Colombo – PR, 22p.
- Resende, M. D. V. de (2000) *Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes*. Colombo: Embrapa Florestas, 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47). ISSN 1517-536X.
- Resende, M. D. V. de; STURION, J. A. (2001) *Análise genética de dados com dependência espacial e temporal no melhoramento de plantas perenes via modelos geoestatísticos e de séries temporais empregando REML/BLUP ao nível individual*. Colombo: Embrapa Florestas, 80p. (Embrapa Florestas. Documentos, 65).
- Rodrigues, W. P.; Vieira, H. D.; Barbosa, D. H. S. G.; Souza Filho, G. R.; Candido, L. S. (2013) Adaptability and genotypic stability of *Coffea arabica* genotypes

based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. *Genetics and Molecular Research* 12 (3): 2391-2399.

Roncatto, G.; Oliveira, J. C.; Ruggiero, C.; Filho, G. C. N.; Centurion, M. A. P. C.; Ferreira, F. R. (2004) Comportamento de maracujazeiros (*Passiflora* spp.) quanto à morte prematura. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 26 (3) 552-554.

Ruggiero, C.; São José, A. R.; Volpe, C. A.; Oliveira, J. C.; Duringa, J. F.; Baumgartner, J. G.; Silva, J. R. da; Nakamura, K.; Ferreira, M. E.; Kavati, R.; Pereira, V. de P. (1996) *Maracujá para exportação : aspecto técnico da produção*. Brasília, DF: EMBRAPA – SP, Publicações Técnicas Frupex, 19, 64p.

Sacoman, N. N. (2013) *Conservação de germoplasma in vitro e identificação de genótipos de Passiflora resistentes ao Cowpea aphid-borne mosaic vírus*. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas), Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 63p.

Salazar, A. H. (2013) *Avaliação de diferentes porta enxertos na produção de maracujazeiro (Passiflora edulis Sims)*, Dissertação (Mestrado), Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, p. 87.

Sampaio, A. C.; Scudelle, N.; Fumis, T. F.; Almeida, A. M.; Pinotti, R. N.; Garcia, M. J. M.; Pallamin, M. L. (2008) Manejo cultural do maracujazeiro amarelo em ciclo anual visando à convivência com o vírus do endurecimento dos frutos: Um estudo de caso. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30, (2): 343-347.

Santos, E. A. (2013) *Melhoramento do maracujazeiro-azedo (Passiflora edulis Sims) visando à resistência ao Cowpea aphid-borne mosaic vírus*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 143p.

- Santos, E. A.; Viana, A. P.; Almeida, A. A. F.; Freitas, J. C. O.; Lawinsky, P. R. (2011) Multivariate analysis of morphological characteristics of two species of passion flower with ornamental potential and of hybrids between them. *Genetics and Molecular Research*, 10 (4): 457-2471.
- Santos, T. M.; Flores, P. S.; Oliveira, S. P.; Silva, D. F. P.; Bruckner, C. H. (2012) Tempo de armazenamento e métodos de quebra de dormência em sementes de maracujá de restinga. *Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável*, 6 (1): 26-31.
- Sazima, M.; Sazima, I. (1978) Bat pollination of the passion flower. *Passiflora mucronata* in southeastern Brazil. *Biotropica*, 10: 100-109.
- Silva, A. C.; Silva, A. C.; Lucena, C. C.; Vasconcellos, M. A. S.; Busque, R. N. B. (2005) Dados preliminares de biologia floral de algumas espécies de passifloráceas. In: *IV Reunião Técnica de Pesquisas em Maracujazeiro*, 15-17p. Embrapa Cerrado, Brasília – DF.
- Silva, J. S.; Coimbra, J. L.; Tavares, D. G.; Afonso, G. O. (2013) Inibição *in vitro* do crescimento micelial do fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *passiflorae* utilizando isolados de actinomicetos obtidos da rizosfera de plantas nativas do cerrado baiano. *Natureza on line*, 11(1): 15-19.
- Silva, M. G. M.; Viana, A. P.; Gonçalves, G. M.; Amaral, A. T. Jr.; Pereira, M. G. (2009) Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: alternativa de capitalização de ganhos genéticos. *Ciênc. agrotec.*, 33 (1): 70-176.
- Silva, M. G. M.; Viana, A. P.; Amaral, A. T. Jr.; Gonçalves, L. S. A.; Reis, R. V. (2012) Biometria aplicada ao melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo. *Revista Ciência Agronômica*, 43 (3): 493-499.
- Silva, A. N. (2011) *Efeito de produtos químicos e de Trichoderma spp. no controle de Fusarium solani do maracujazeiro*. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Vitória da Conquista – BA, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 53p.

- Souza, L. S.; Junqueira, N. T. V.; Lima, C. A.; Silva, D. G. P.; Faleiro, F. G.; Neto, F. C. C.; Bernacci, L. C. (2008) Determinação da compatibilidade genética entre espécies de *Passifloras* visando à obtenção de híbridos resistentes a doenças. *In: IX Simpósio Nacional Cerrado e II Simpósio Internacional Savanas Tropicais*, Brasília – DF.
- Souza, M. A. D.; Hopkins, M. J. G. (2011) *Passiflora fissurosa*, uma nova espécie de Passifloraceae para o Amazonas *Acta Amazonica* 41(4): 449 – 452.
- Souza, M. C. M. (2006) *Variabilidade genética e caracterização agrônômica de progênies de alface tolerantes ao calor*. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Recife – PE, Universidade Estadual Rural de Pernambuco, 41p.
- Souza, M. M.; Pereira, T. N. S.; Silva, L. C.; Reis, D. S. S.; Sudré, C. P. (2003) Karyotype of Six *Passiflora* species collected in the state of Rio de Janeiro. *Cytologia*, 68 (2): 165- 172.
- Starr, J. L.; Jeger, M. J.; Martyn, R. D.; Schiling, K. (1989) Effects of *Meloidogyne incognita* and *Fusarium oxysporum* f. sp. vasinfectum on plant mortality and yield of Cotton. *Phytopathology*, 79(6): 640 – 646.
- Thompson, R. Sire evaluation (1979). *Biometrics*, Washington, v. 35, p. 339-353.
- Trindade, C. C.; Trindade, D. R.; Poltronieri, L. S.; Albuquerque, F. C.; Lucas, B. L. L. (2000) Doenças do maracujazeiro no estado do Pará. *Fitopatologia Brasileira*, 25: 346. Suplemento.
- Ulmer, T.; Macdougall, J. M. (2004) *Passiflora: passionflowers of the world*. Portland: Timber Press, 430 p.
- Vanderplank, J. (1991) *Passion flowers and passion fruit*. London, 175p.

- Vencovsky, R. (1987) Herança quantitativa. In: Paterniani, E., Viégas, G. P., (Ed). *Melhoramento e produção do milho*. Campinas: Fundação Cargill, cap. 5, p. 137-214.
- Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 486 p.
- Viana, A. P.; Detmann, E.; Pereira, M. G.; Souza, M. M.; Pereira, T. N. S.; Júnior, A. T. A.; Gonçalves, G. M. (2007) Polinização seletiva em maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) monitorada por vetores canônicos. *Ciência Rural*, 37 (6).
- Viana, A. P.; Pereira, T. N. S.; Perreira, M. G.; Souza, M. M.; Maldonado, J. F. M.; Amaral, A. T. Jr. (2003) Diversidade genética entre genótipos comerciais de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) e entre espécies de passifloras nativas determinadas por marcadores RAPD. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25 (3): 489-493.
- Windels, C. E. (1991) Current Status of *Fusarium* Taxonomy. *Phytopathology* 81(9): 1048 – 1051.
- Yuki, V. A., Mizote, F. A., Narita, N., Hojo, H., Hojo, H., Delfino, M. A., Oliveira, D. A. (2006) Epidemiologia do vírus do endurecimento dos frutos do maracujazeiro na região produtora da Alta Paulista, SP. *Summa Phytopathologica*, 32: 19.
- Zamberlan, P. M. (2007) *Filogenia de Passiflora L. (Passifloraceae): questões infra-subgenéricas*. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular), Porto Alegre – RS, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 105p.
- Zerbini, F. M.; Nascimento, A. V. S.; Alfenas, P. F.; Torres, L. B.; Braz, A. S. K.; Santana, E. N.; Otoni, W. C.; Carvalho, M. G. (2005) Transformação genética do maracujazeiro para resistência a doenças. In: Faleiro, F. G.; Junqueira, N.

T. V.; Braga, M. F. *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*.
Planaltina: Embrapa Cerrados.