

RETROCRUZAMENTO EM POPULAÇÃO SEGREGANTE DE
PASSIFLORA MEDIADO POR CARACTERES
MORFOAGRONÔMICOS E DE RESISTÊNCIA

VALQUÍRIA OLIVEIRA DOS SANTOS

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2018

RETROCRUZAMENTO EM POPULAÇÃO SEGREGANTE DE
PASSIFLORA MEDIADO POR CARACTERES
MORFOAGRONÔMICOS E DE RESISTÊNCIA

VALQUÍRIA OLIVEIRA DOS SANTOS

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

Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2018

RETROCRUZAMENTO EM POPULAÇÃO SEGREGANTE DE
PASSIFLORA MEDIADO POR CARACTERES
MORFOAGRONÔMICOS E DE RESISTÊNCIA

VALQUÍRIA OLIVEIRA DOS SANTOS

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

Aprovada em 20 de fevereiro de 2018.

Comissão examinadora:

Dr^a. Eileen Azevedo Santos (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF

Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento)
UENF

Dr. Fernando Higino de Lima e Silva (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
IFGoiano

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

AGRADECIMENTOS

Ao meu orientador Alexandre Pio Viana, pela orientação, disponibilidade, confiança e comprometimento.

As doutoras Eileen Azevedo Santos e Sandra da Costa Preisigke, pelos ensinamentos, disponibilidade e paciência.

Aos colegas de Laboratório e agregados Flávia, Paulo, Carlos, Raiane, Beatriz, Natan, Moisés, Gêssica, Daniele, Caio e Janeo pelas ajudas no experimento, pela amizade e pelos inúmeros momentos de descontração.

Aos professores do programa pelas valiosas contribuições à minha formação.

Ao secretário do programa, José Daniel, pela sua eficiência, alegria e generosidade conosco.

Aos técnicos, Geraldo, Valdinei, Luzimara e Durval por todo comprometimento e incansável ajuda no experimento.

À minha mãe, Rosiléa Maria de Oliveira, por cada palavra de incentivo, pela presença constante, por acreditar em mim e por dedicar sua vida a educar seus filhos da melhor maneira possível.

Ao Foluke Salgado de Assis, pelo apoio incondicional, paciência, companheirismo, amizade e ajuda na avaliação deste trabalho.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de cursar o mestrado e realização deste trabalho.

A CAPES e FAPERJ, pela concessão das bolsas de estudo e auxílio financeiro para realização da pesquisa.

A todos que, de alguma forma, ajudaram-me até aqui.

Muito obrigada!

Sumário

RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Gerais	4
2.2. Específicos.....	4
3. CAPÍTULOS	5
3.1. RETROCRUZAMENTO EM POPULAÇÃO SEGREGANTE DE <i>Passiflora</i> MEDIADO POR CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E DE RESISTÊNCIA	5
3.1.1. INTRODUÇÃO	5
3.1.2. REVISÃO	7
3.1.2.1. Aspectos gerais do gênero <i>Passiflora</i>	7
3.1.2.2. Aspectos econômicos do gênero <i>Passiflora</i>	9
3.1.2.3. Diversidade genética do gênero <i>Passiflora</i>	11
3.1.2.4. Melhoramento de <i>Passiflora</i> para resistência ao CABMV	13
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS	14
3.1.3.1. Populações avaliadas	14

3.1.3.2.	Condução do experimento e caracterização morfológica	17
3.1.3.3.	Análise estatística das informações morfoagronômicas	21
3.1.4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	22
3.1.5.	CONCLUSÕES	32
3.2.	IMPORTÂNCIA DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS PARA	
	CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS RC₁ DE MARACUJAZEIRO	34
3.2.1.	INTRODUÇÃO	34
3.2.2.	REVISÃO	36
3.2.2.1.	Descritores morfoagronômicos	36
3.2.2.2.	Análise multivariada	37
3.2.3.	MATERIAL E MÉTODOS	40
3.2.3.1.	Material genético	40
3.2.3.2.	Análises estatísticas	40
3.2.4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	44
3.2.4.1.	Análise dos componentes principais	44
3.2.4.2.	Análise da contribuição relativa dos descritores	46
3.2.4.3.	Análise de correlação de Pearson	47
3.2.4.4.	Análise comparativa de agrupamento	50
3.2.5.	CONCLUSÕES	54
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	56

RESUMO

SANTOS, Valquíria Oliveira; M. Sc. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Fevereiro de 2018; Retrocruzamento em população segregante de *Passiflora* mediado por caracteres morfoagronômicos e de resistência; Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana; Conselheiros: Prof^ª. Telma Nair Santana Pereira e Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

Cultivares resistentes a virose do endurecimento dos frutos causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic vírus* (CABMV) estão sendo desenvolvidas a partir de retrocruzamentos interespecíficos. A realização de estudos que possibilitem quantificar a diversidade genética e caracterizar genótipos é fundamental em programas de melhoramento genético. O presente estudo teve por objetivos: i) caracterizar genitores, híbridos e indivíduos da primeira geração de retrocruzamento de *Passiflora* com base em descritores morfoagronômicos; ii) estimar a diversidade genética da população avaliada por meio de análises multivariadas; iii) indicar recombinantes com características agronômicas desejáveis para o avanço de geração no programa de melhoramento genético do maracujazeiro visando resistência a doença; iv) avaliar a capacidade discriminatória dos descritores de *Passiflora* na população de estudo; v) determinar a importância relativa dos descritores morfoagronômicos na caracterização da população de estudo. Para estimar a divergência genética, avaliaram-se um genótipo de *P. setacea*, quatro genótipos de *P. edulis*, 14 híbridos interespecíficos e 72 genótipos oriundos de retrocruzamento com base em 38 descritores morfoagronômicos. As características foram analisadas para obtenção da matriz de

distância, com base no algoritmo de Gower e foi utilizado o procedimento Ward-MLM para composição dos grupos de genótipos. Vinte e quatro descritores quantitativos e 14 qualitativos multicategóricos, relacionados a características da planta, folhas, flores e frutos foram utilizados para gerar informações sobre a capacidade discriminatória e determinar a importância relativa dos descritores de maracujazeiro. Os descritores quantitativos foram submetidos à análise de correlação, de componentes principais e a seleção dos descritores foi realizada com base na seleção direta e método de Singh. Um agrupamento comparativo entre os dendrogramas das variáveis morfoagronômicas foi obtido a partir da matriz de distância, com base no algoritmo de Gower e do procedimento Ward-MLM. A estratégia de classificação Ward-MLM, permitiram a formação de cinco grupos homogêneos. Foi observada ampla variabilidade entre os genótipos dos cinco grupos estudados. Os genótipos 17, 293, 355 e 501 foram os mais promissores ao avanço do segundo ciclo de retrocruzamento por apresentarem resistência à doença e características morfoagronômicas desejáveis. As características de maior contribuição para a variabilidade genética foram: número de sementes, comprimento do pecíolo e largura da pétala, sugerindo que tanto descritores relacionados à características de fruto quanto os relacionados à folha e flor são responsivos para seleção de genótipos. Apesar de sete descritores (comprimento da folha, largura da bráctea, comprimento do filamento longo da corona, comprimento da sépala, largura do fruto, massa do fruto e massa da polpa do fruto) apresentarem pouca contribuição para a caracterização dos genótipos, o descarte não é sugerido por eles possuírem contribuições importantes na discriminação da divergência genética da população. A análise comparativa entre os dendrogramas mostrou que a utilização dos 38 descritores gerou maior eficiência na discriminação dos grupos.

Palavras-chaves: melhoramento genético, diversidade, *Passiflora*, retrocruzamento, Ward-MLM

ABSTRACT

SANTOS, Valquíria Oliveira; M. Sc. State University of Northern Rio de Janeiro Darcy Ribeiro; February 2018; Backcrosses in a segregation population of *Passiflora* mediated by morpho-agronomic and resistance traits. Advisor: Alexandre Pio Viana. Committee members: Telma Nair Santana and Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

Virose resistant cultivars of fruits hardening caused by *Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV)* are being developed from interspecific backcrosses. The carrying out of studies that possibility to quantify a genetic diversity and characterizing genotype is important in genetic improvement programs. The objectives of this work were: i) characterize genitors; hybrid and genotypes of first generation of backcrosses of *Passiflora* with base in morpho-agronomic; ii) estimate the genetic diversity of evaluated population by multivariate analyses; iii) indicate the recombinants with desirable agronomic characteristics to the advance of generation in genetic improvement program of yellow passion fruit; iv) evaluate the discriminatory capacity of *Passiflora* descriptors in the study population; v) determine the relative importance of morpho-agronomic descriptors in characterization of study population. The genetic divergence were estimated using 1 genotype *P. setacea*, 4 genotypes *P. edulis*, 14 interspecific hybrids and 72 genotypes of backcrosses with base in 38 morpho-agronomic descriptors. The characteristics were analysed to obtain the distance matrix, with base Gower's algorithmic and utilized the Ward-MLM procedure to composition of genotypes

groups. Twenty four quantitative descriptors and 14 multi-category qualities related with characteristics of plants, leaves, flowers and fruits were utilized to generate information about the discriminatory capacity and determine the relative importance of yellow passion fruit descriptors. The quantitative descriptors were submitted to correlation analysis, principal components and the selection of descriptors was realized with base in the direct selection and Singh's method. A comparative grouping among the dendrograms of morpho-agronomic variables was obtained from distance matrix with base Gower's algorithmic and Ward-MLM procedure. The strategy of Ward-MLM classification permitted a formation of 5 homogenous groups. The genotypes 17, 293, 355 and 501 were the most promising to advance of second cycle of backcrosses because they presented resistance to disease and desirable morpho-agronomic characteristics. The most contribution of the characteristics to genetic variability were: number of seeds, length of petiole and width of petals, suggesting that as the descriptors related to the fruits characteristics as descriptors related to the leaf and flower are important to section of genotypes. Despite seven descriptors (length of leaf, width of bract, length of sepal, width of fruit, weight of fruit and weight of pulp fruit) presented less contribution to characterize the genotypes, their elimination do not suggested because they have importance contribution in discrimination of genetic divergence of population. The comparative analysis among dendrograms showed that the utilization of 38 descriptors generated higher efficiency in group discriminations.

Key-words: genetic improvement, diversity, *Passiflora*, backcrosses, Ward-MLM

1. INTRODUÇÃO

A espécie *Passiflora edulis* Sims é amplamente cultivada no Brasil e em países de clima também tropical como Peru, Venezuela e Colômbia, sendo seus frutos utilizados tanto para consumo *in natura* como para indústria de suco concentrado. Além deste principal uso, essa e outras espécies do gênero também têm sido utilizadas como planta ornamental, na fabricação de medicamentos e na indústria de cosméticos pela variabilidade de compostos encontrados (Santos et al., 2012; Lima et al., 2013).

O Brasil, além de centro de origem, é considerado o maior produtor mundial de maracujá-azedo e o segundo centro de diversidade do gênero *Passiflora* com cerca de 140 espécies, ficando atrás apenas da Colômbia com cerca de 170 espécies (Ocampo et al., 2010; Bernacci et al., 2013; Flora do Brasil, 2020). No ano de 2016, a produção de maracujá-azedo no território nacional foi de 703.489 toneladas numa área aproximada de 50.200 hectares. A região Nordeste se destaca das demais regiões brasileiras respondendo por pouco mais de dois terços da produção nacional (IBGE, 2016).

O Estado do Rio de Janeiro teve no ano de 2011, uma produtividade média de 12.946 toneladas, destacando-se a Região Norte Fluminense como a maior produtora (4.370 toneladas) segundo o (IBGE, 2016). Desde então, a produtividade reduziu significativamente, com o Estado do Rio de Janeiro produzindo 5.956 toneladas no ano de 2016, e a Região Norte Fluminense apenas 1.429 toneladas (IBGE, 2016).

A alta produção nacional visando atender às demandas promoveu o surgimento de vários problemas fitossanitários causados por nematoides, bactérias, fungos e vírus, que ocasionam 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 virais que acometem o maracujazeiro, a virose do endurecimento dos frutos causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) se destaca, não havendo até o momento variedade comercial resistente (Nascimento et al., 2006; Santos et al., 2015a).

Uma alternativa para superar a doença causada pelo CABMV é o desenvolvimento de cultivares resistentes mediante programas de melhoramento genético (Pinto et al., 2008). No entanto, para o desenvolvimento de cultivares resistentes ao CABMV e com boa produtividade, faz-se necessário conhecer a variabilidade genética disponível por meio da caracterização e avaliação dos genótipos desenvolvidos.

Diversos tipos de descritores podem ser utilizados para caracterização, dentre eles temos os morfoagronômicos, citogenéticos e moleculares, porém para o maracujazeiro, tradicionalmente são utilizados descritores morfoagronômicos recomendados pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Vários trabalhos utilizando esses descritores para evidenciar a variabilidade genética do gênero *Passiflora* têm sido observados (Araújo et al., 2008; Freitas et al., 2011; Machado et al., 2015). Em função do grande número de descritores, alguns caracteres podem possuir pouca ou nenhuma contribuição para a real variabilidade de uma população. Dessa forma, a verificação da importância desses descritores para a caracterização torna-se necessária por possibilitar a redução do custo e do trabalho com tomada de informações (Pereira et al., 1992).

Para quantificação da diversidade genética, os métodos multivariados, em que diversos caracteres podem ser avaliados simultaneamente, têm contribuído efetivamente na identificação de genótipos a fim de serem utilizados em programas de melhoramento genético, permitindo assim concentrar esforços em genótipos promissores. (Mohammadi e Prasanna, 2003; Cruz et al., 2012).

O programa de melhoramento genético de maracujazeiro-azedo da UENF vem ao longo dos últimos anos utilizando cruzamentos interespecíficos e retrocruzamentos para obtenção de novas variedades. Nesse sentido, estudos de resistência, de caracterização e de diversidade genética são realizados objetivando

cultivares com características agronômicas desejáveis ao consumidor, a indústria e resistentes ao CABMV.

2. OBJETIVOS

2.1. Gerais

Estimar a diversidade genética de uma população RC₁ de maracujazeiro e avaliar a importância dos descritores morfoagronômicos utilizados, visando à continuidade do programa de melhoramento genético de maracujazeiro da UENF.

2.2. Específicos

Caracterizar genitores, híbridos e genótipos da primeira geração de retrocruzamento de *Passiflora* com base em descritores morfoagronômicos;

Estimar a diversidade genética da população avaliada por meio de análises multivariadas;

Indicar recombinantes com características agronômicas desejáveis para o avanço de geração no programa de melhoramento genético do maracujazeiro visando resistência a doença;

Avaliar a capacidade discriminatória dos descritores de *Passiflora* na população de estudo e;

Determinar a importância relativa dos descritores morfoagronômicos na caracterização da população de estudo.

3. CAPÍTULOS

3.1. RETROCRUZAMENTO EM POPULAÇÃO SEGREGANTE DE *Passiflora* MEDIADO POR CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E DE RESISTÊNCIA

3.1.1. INTRODUÇÃO

Uma grande variedade de espécies de *Passiflora* foi originada na América Tropical e podem ser encontradas desde a Amazônia até o nordeste da Argentina, sendo o Brasil um dos principais centros de diversidade genética dessa família (Bernacci et al., 2013). No cenário brasileiro, o maracujá se destaca por ser uma fruteira com potencial de cultivo, acentuada expansão e grande popularização no mercado interno (Ataíde et al., 2012).

A principal espécie cultivada comercialmente é a *Passiflora edulis* Sims, também conhecida como maracujazeiro-azedo, em função de sua qualidade, vigor e rendimento em suco (Silva et al., 2014). A produtividade média desta espécie alcançada nos pomares brasileiros, nos últimos dez anos, foi de 15,6 t/ha enquanto seu potencial produtivo pode chegar a mais de 40 t/ha (IBGE, 2017). Dentre os fatores responsáveis pela baixa produtividade na cultura do maracujazeiro no Brasil, as doenças são responsáveis por limitar a expansão da área cultivada e, em alguns casos, tem provocado perdas totais nas lavouras (Pinto et al., 2008).

A virose do endurecimento dos frutos causada pelo Cowpea Aphid-Borne Mosaic Virus (CABMV) é uma importante doença que acomete a cultura do maracujazeiro no Brasil e limita a produção de frutos causando perdas expressivas da produção. Após infecção, a planta apresenta mosaico comum, enrugamento, distorção e redução na área foliar, frutos menores, deformados e com endurecimento do pericarpo (Cerqueira-Silva et al., 2014). Essa suscetibilidade tem causado a redução da área plantada, uma vez que não existe cultivares da espécie comercial resistente a essa doença, apesar de alguns estudos relacionados a obtenção de resistência por hibridações interespecíficas terem sido realizados (Di Piero et al., 2010; Correa et al., 2015; Freitas et al. 2015). Em se tratando de estudos visando obter variedades resistentes, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, se destaca por apresentar um programa de melhoramento genético de maracujazeiro-azedo bem estruturado que é único no país e que tem ao longo dos últimos dez anos se concentrado em obter variedades resistentes à doença e com características agronômicas desejáveis.

O programa de melhoramento genético do maracujazeiro da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) visando resistência a virose do endurecimento dos frutos teve início com o trabalho de Santos et al. (2015a) cruzando a espécie comercial *P. edulis* com a espécie silvestre *P. setacea*. Por meio da estratégia (REML/BLUP), híbridos interespecíficos promissores em relação a caracteres agronômicos e resistentes a virose foram selecionados. Freitas et al. (2015) dando continuidade ao programa realizaram estudos de herança da resistência com a população de primeiro retrocruzamento e concluíram que a herança de resistência é poligênica.

O presente trabalho, ao estudar a diversidade genética existente nos híbridos oriundos do primeiro retrocruzamento, com base em descritores morfológicos e agronômicos de interesse para o melhoramento genético continua o programa de melhoramento da UENF ao possibilitar a identificação de genótipos com características agronômicas superiores e contrastantes entre si, indicando possíveis cruzamentos promissores.

Uma das maneiras de se mensurar a diversidade genética desses cruzamentos é por meio de descritores morfoagronômicos. Melo et al. (2015) utilizaram descritores morfoagronômicos para estimar a variação genética entre progênes do cruzamento interespecífico de *Passiflora subanceolata* com um

híbrido oriundo do cruzamento de *P. foetida* e *P. sublanceolata*. Cavalcante et al. (2017) utilizaram descritores morfoagronômicos para verificar a eficiência da seleção antecipada de plantas superiores no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro-azedo.

Este trabalho teve como objetivos: i) caracterizar espécies, híbridos e população obtida do primeiro retrocruzamento de *Passiflora* com base em descritores morfoagronômicos; ii) estimar a divergência genética entre os genótipos estudados a partir da obtenção da distância genética pela análise conjunta de variáveis multicategóricas e por meio do agrupamento Ward-MLM e iii) indicar recombinantes promissores para o avanço de gerações no programa de melhoramento genético do maracujazeiro da UENF.

3.1.2. REVISÃO

3.1.2.1. Aspectos gerais do gênero *Passiflora*

Acredita-se que a família Passifloraceae apareceu pela primeira vez no continente africano e dispersaram-se para Europa e Ásia, até chegarem à América Central onde sofreu uma rápida diversificação (Muschner et al., 2012). Há controvérsias quanto ao número de gêneros dessa família, que varia de 18 a 23, devido às incertezas taxonômicas e novas descrições de espécies (Feuillet, 2004; Barroso, 1978). A família Passifloraceae possui mais de 580 espécies, sendo a maioria da América Tropical, com ampla distribuição no Brasil e na Colômbia (Cervi, 2006).

O gênero *Passiflora* tem como origem a região tropical da América, abrangendo desde o nordeste da Argentina ao norte do Brasil (Bernacci et al., 2005). Apresenta ampla variabilidade genética descrita por vários autores (Meletti et al., 2005; Castro et al., 2011) sendo considerado o mais representativo da família, uma vez que possui muitas espécies exploradas comercialmente no mundo, dentre elas a *Passiflora edulis* Sims, *P. tripartita* Bailey var. *molissima*, *P. ligularis* Juss. e *P. quadrangularis* L. (Deginani, 2001). O Brasil, com cerca de 140 espécies é um dos principais centros de distribuição geográfica do gênero e o segundo país com maior número de espécies (Bernacci et al., 2013).

As plantas do gênero *Passiflora*, em sua maioria, são trepadeiras vigorosas herbáceas ou lenhosas, raramente eretas, com gavinhas auxiliares de ramos cilíndricos (Nunes e Queiroz, 2006). O sistema radicular das *passifloras* é do tipo axial, podendo desenvolver raízes adventícias quando as plantas são propagadas por estacas. O caule possui hábito trepador e por esse motivo, são delgados, pouco lenhosos e necessitam de um suporte ou outras plantas como suporte para suprir a necessidade de luz. Além disso, são eretos, cilíndricos, lisos ou pilosos. Todas as espécies de *passifloras* possuem estípulas (Ulmer e Macdougall, 2004).

Há grande diversidade no formato das folhas, provavelmente devido à pressão evolutiva, no entanto, na maioria das espécies, as folhas são simples e alternas, elípticas ou orbiculares, lobadas ou inteiras, pecíolo com ou sem glândulas. Poucas espécies possuem folhas compostas como em *P. deidamioides*, *P. cirrhiflora*, *P. pedata* e *P. trofoliata*. Apresentam gavinhas, geralmente solitárias que se desenvolvem nas axilas das folhas estando ausentes em espécies lenhosas (Cunha et al., 2002; Ulmer e Macdougall, 2004; Nunes e Queiroz, 2006).

A maioria das espécies floresce abundantemente durante vários meses no ano. Geralmente as flores permanecem abertas por um dia, embora algumas espécies como *P. bahiensis* e *P. eichleriana*, fiquem abertas por mais de 24 horas (Abreu et al., 2008) e *P. aurantia*, *P. cinnabarina*, *P. herbertiana* e *P. jorullensis* mantenham suas flores abertas por até três dias (Ulmer e Macdougall, 2004).

As flores ocorrem de forma isolada ou aos pares e em algumas espécies estão reunidas em inflorescências. Elas também podem ter uma ampla variedade de cores, são geralmente hermafroditas, de simetria radial com hipanto tubular, campanulado ou cilíndrico e cinco sépalas carnosas, membranáceas ou coriáceas. A corola tem cinco pétalas brancas ou coloridas, membranáceas, alternadas às sépalas, livres ou levemente concrecidas na base, raramente ausentes. A corona é uma característica marcante do gênero *Passiflora*, formada de um a cinco verticilos, inserta na base do tubo calicinal e composta por filamentos diversos, com grande variedade de cores, o que atrai os polinizadores (Ulmer e Macdougall, 2004). O androginóforo forma um longo tubo floral de órgãos sexuais femininos e masculinos, soldados e elevados, raramente muito curto ou ausente. Ovário globoso, ovoide ou fusiforme. Estiletes em número de três, distintos ou unidos na base, cilíndricos ou clavados. As brácteas são pequenas ou foliáceas, verticiladas

e involucrais ou alternadas no pedúnculo, algumas vezes decíduas (Nunes e Queiroz, 2006).

Os frutos usualmente bagas deiscentes ou indeiscentes, globosos ou ovoides, raramente fusiforme, com coloração amarela existindo, entretanto, frutos de coloração vermelha e roxa (Vanderplank, 2000; Ulmer e Macdougall, 2004; Nunes e Queiroz, 2006). A propagação comercial ocorre por sementes. As sementes são comprimidas, reticuladas, pontuadas ou transversalmente alveoladas, envolvidas por um arilo mucilaginoso, endosperma oleaginoso, nuclear. São do tipo ortodoxas ou ortodoxas intermediárias (Nunes e Queiroz, 2001; Bernacci, 2003).

A espécie cultivada *P. edulis* Sims possui flores hermafroditas que abrem uma única vez ao dia, por volta das 12 horas e fecha à noite, são auto incompatíveis, ou seja, o pólen produzido em uma flor não pode fecundá-la e nem fecundar de forma eficaz outras flores produzidas na mesma planta (Junqueira e tal., 2001). A morfologia floral e a presença de grãos de pólen pesados e pegajosos fazem com que a polinização natural do maracujazeiro-azedo seja dependente de insetos polinizadores. As flores de *P. edulis* são adaptadas à polinização por abelhas de grande porte conhecidas como mamangavas-de-toco. Essas espécies de abelhas são do gênero *Xylocopa* que ao visitarem a flor do maracujazeiro encostam seu dorso nos estames onde estão os grãos de pólen devido ao seu grande porte, retirando-os e levando-os para o estigma, efetuando dessa maneira a polinização (Benevides et al., 2009).

3.1.2.2. Aspectos econômicos do gênero *Passiflora*

O cultivo industrial do maracujá iniciou-se a pouco mais de 40 anos no Brasil, já o comércio de cultivares e de sementes selecionadas com boa qualidade começou a se estabelecer no ano 2000 (Pires et al., 2011; Meletti, 2011). Apesar do cultivo de maracujá ser realizado, geralmente, em pequenas propriedades de três a cinco hectares, a cultura vem, atualmente, ocupando lugar de destaque na fruticultura brasileira. Segundo Rotili et al. (2013) o aumento do consumo de maracujá se deve ao crescente reconhecimento do seu valor nutricional e terapêutico, devido ao aroma agradável da polpa que caracterizam a qualidade do suco.

A produção de maracujá no Brasil, no ano de 2016, foi de 703.489 toneladas em 50.204 hectares de área colhida. A região Nordeste foi responsável pela maior produção (489.898 toneladas) e o estado da Bahia é o principal produtor da fruta no País com 342.780 toneladas (IBGE, 2016). Considerando que o mercado interno absorve quase a totalidade da produção, o volume de fruta fresca e suco exportado pelo Brasil são pequenos quando comparado com outras frutas. Os sucos concentrados representam a maior parcela da exportação, sendo comercializados dentre outros países na Holanda, Estados Unidos, Porto Rico, Japão e Alemanha, os quais importam 76% do suco concentrado produzido no Brasil (Meletti, 2011).

O maracujá tem aplicação diversificada no setor alimentício. Os resíduos agroindustriais são ricos em vitaminas, minerais, polifenóis antioxidantes e fibras dietéticas que tem efeitos positivos para a saúde e contribuí para prevenção de doenças (Ayala-Zavala et al., 2011). Além disso, os frutos podem ser utilizados como produto comercial bruto, na fabricação de farinhas, ou como matéria prima secundária para fabricação de outros produtos como cereais, produtos de confeitaria e laticínios (Sánchez-Zapata et al., 2011; Viuda-Martos et al., 2010). Oliveira et al. (2002) relataram que a casca do maracujá constitui boa matéria-prima para produção de doce em calda. Já o óleo extraído das sementes pode ser utilizado na alimentação humana, animal e indústria cosmética, e o farelo resultante da extração do óleo é rico em proteínas e carboidratos, e apresenta alto teor de fibras (Ferrari et al., 2004).

Considerando o aspecto medicinal, as *passifloras* são utilizadas com diferentes finalidades, tais como sedativo, diurético, anti-helmíntico, antidiarreico, estimulante, tônico, no tratamento da hipertensão, para sintomas de menopausa, cólica em crianças, contra insônia, para erisipela, dermatites, analgésico, antiespasmódico, antiasmático e vermífugo (Dhawan et al., 2004). O gênero também apresenta aptidão ornamental devido à beleza exótica e diversidade das folhas e flores com formato e colorido peculiares. Estima-se que haja mais de 685 híbridos registrados para uso ornamental, com intuito de gerar flores com formas e cores diversificadas para todos os gostos e ambientes (Peixoto, 2005; Santos, et al., 2012).

Dentre as espécies que se destacam pelo seu potencial ornamental, temos a *Passiflora alata*, *Passiflora nitida*, *P. gardneri*, *P. coccinea*, *P. cincinnata*, *P.*

glandulosa, *P. setacea*, *P. amethystina* e vários híbridos naturais ou obtidos pelo melhoramento genético convencional. Estas espécies e híbridos apresentam flores com coloração variando de branca, rósea, lilás, azul e vermelha. Há também espécies com a folhagem exótica, como é o caso de *P. tricuspis*, *P. elegans* e *P. pohlii*. (Junqueira et al., 2005).

A utilização do maracujá como planta ornamental teve início no século XVII, na Europa, com as *Passifloras caerulea* L. e *incarnata* L. Em 1819, Thomas Milne, da Inglaterra, obteve o primeiro híbrido artificial, a *Passiflora 'Violacea'*, resultado do cruzamento entre a *P. racemosa* com *P. caerulea* (Peixoto, 2005). No Brasil, a utilização do maracujá com esta finalidade é recente e teve início com a obtenção de alguns híbridos ornamentais pela Embrapa e outras instituições (Cerqueira-Silva et al., 2014; Sousa et al., 2015; Melo et al., 2016).

3.1.2.3. Diversidade genética do gênero *Passiflora*

A diversidade genética está relacionada com a diferença entre as frequências alélicas das populações (Falconer, 1987) que pode ser estimada por intermédio de diferentes marcadores, tais como os descritores morfoagronômicos (Amaral Junior et al., 2010). O estudo da diversidade é fundamental para o melhoramento de plantas e para a conservação de espécies, uma vez que descreve e diferencia acessos, identificando genótipos contrastantes e possibilitando cruzamentos promissores (Cruz et al., 2012).

Santos et al., (2012) avaliaram a diversidade morfológica nas espécies *P. subanceolata*, *P. foetida* e híbridos S₁, e observaram nítida separação entre estas espécies e a população segregante. Neves et al. (2013) no município de Cruz das Almas (BA), visando identificar e selecionar híbridos promissores, determinaram o potencial agrônomo de genótipos de maracujazeiro-azedo e concluíram que os genótipos avaliados apresentaram grandes variações para todas as características avaliadas, indicando situação favorável para a seleção dos melhores para recomendação.

A quantificação da variabilidade genética pode ser estimada por meio de análises multivariadas; métodos que se baseiam nas diferenças entre os acessos. Estas permitem analisar múltiplas informações de um conjunto de caracteres, extraídas das unidades experimentais (Fonseca et al., 2004). Esses métodos apresentam diferentes finalidades, dentre elas, estimar a divergência genética,

verificar os genótipos mais contrastantes e identificar duplicatas em bancos de germoplasma (Cruz et al., 2012).

A escolha do método mais apropriado tem sido baseada na precisão que o pesquisador deseja obter, pela facilidade de análise e pela forma como são obtidas as informações fenotípicas (Bezerra Neto et al., 2010). Para realização dessas análises, são utilizados diferentes tipos de distâncias genéticas, dentre elas a distância Euclidiana, recomendada para variáveis contínuas ou quantitativas. Para variáveis qualitativas binárias em variedades exóticas ou banco de germoplasma, recomenda-se o coeficiente de similaridade Nei e Li (Crossa e Franco, 2004), enquanto a distância de Gower é usada quando se estudam, em conjunto, características qualitativas e quantitativas (Cruz et al, 2012).

As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos dos melhoristas, uma vez que quantificam e informam o grau de semelhança ou diferença entre diferentes genótipos, no entanto o grande número de estimativas impossibilita o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual das estimativas (Cruz et al., 2012). Assim, faz-se uso de métodos de agrupamento que possibilitam classificar o grupo original de genótipos em vários subgrupos, de forma que haja homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos. (Cruz et al., 2012).

Os métodos de agrupamento podem ser subdivididos em hierárquicos (vizinho mais próximo, vizinho mais distante, Ward, UPGMA (*Unweighted Paired Group Method Using Averages*) e de otimização como o Método Tocher, por exemplo (Cruz et al, 2012). Em *Passiflora*, diversos autores utilizaram diferentes estratégias de agrupamento hierárquicas e de otimização (Viana et al., 2003; Ganga et al., 2004; Araújo et al., 2008; Cerqueira-Silva et al., 2010; Viana et al., 2010).

Dentre os métodos de análises multivariadas utilizadas para quantificar a diversidade genética, o método de Ward-MLM (Modified Location Model) proposto por Franco et al., (1998) destaca-se porque permite analisar variáveis quantitativas e qualitativas simultaneamente. Este método possibilita, ainda, definir o número ótimo de grupos e identificar a melhor probabilidade de cada acesso alocar-se em determinado grupo. Kurosawa et al., (2017) utilizando a metodologia Ward-MLM identificaram grupos divergentes para traços relacionados a resistência a *Fusarium* ssp em 37 genótipos de milho-pipoca. Silva et al., (2014) utilizaram o método Ward-

MLM para definir grupos heteróticos a partir da quantificação da diversidade genética entre progênies de maracujazeiro-azedo com base em descritores morfoagronômicos e obtiveram cinco grupos a partir da caracterização de 81 progênies de irmãos completos.

3.1.2.4. Melhoramento de *Passiflora* para resistência ao CABMV

Algumas doenças mostram-se limitantes para a expansão do maracujazeiro. Entre elas se destaca a virose do endurecimento do fruto causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* que leva a redução de crescimento da planta, aparecimento de mosaico comum nas folhas, endurecimento e deformação dos frutos, provocando prejuízos expressivos ao reduzir a produtividade, a qualidade dos frutos e a longevidade do pomar (Oliveira et al., 1994; Junqueira et al., 2005). Esse patógeno é transmitido por diferentes espécies de afídeos vetores e não pode ser controlado eficazmente pelos métodos tradicionais de controle (Gibbs e Ohshima, 2010).

A inexistência de cultivares comerciais de maracujá-azedo resistentes a essa doença leva, para os produtores, uma maior vulnerabilidade dos cultivos tornando a cadeia produtiva do maracujá suscetível (Ruggiero et al., 1996; Junqueira et al., 2003), entretanto, esse gênero apresenta grande variabilidade genética que pode ser utilizada em programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de novas cultivares (Bernacci et al., 2005; Faleiro et al., 2015).

No Brasil, o melhoramento genético do maracujazeiro está diretamente relacionado ao fruto. A utilização de híbridos e variedades melhoradas geneticamente aumenta a produtividade, qualidade de frutos, resistência a doenças, adaptação às diferentes regiões do Brasil, além de ser eficaz para a expansão do cultivo e para o controle de pragas e doenças (Meletti et al., 2005). A hibridação representa uma técnica importante utilizada como ferramenta para o melhoramento de plantas ao possibilitar a recombinação da variabilidade disponível e permitir a obtenção de genótipos superiores. Diante disso, melhoristas de maracujazeiro têm utilizado a hibridação interespecífica para obtenção de cultivares com resistência a doenças, seja por introgressão de genes de resistência nas atuais cultivares-elite, seja no desenvolvimento de novas cultivares de *Passiflora edulis* (Junqueira et al., 2006).

Segundo Faleiro et al. (2005) a caracterização e a exploração da variabilidade genética entre as espécies de *Passiflora* podem identificar fontes de resistência ou tolerância de maior valor para o controle de doenças no campo ou utilização em programas de melhoramento genético. Além das variedades comerciais, o uso de espécies silvestres em programas de melhoramento é necessário a fim de fornecer genes relacionados à produtividade e à qualidade dos frutos.

Souza et al. (2008) realizaram estudos de compatibilidade genética em *Passifloras* e confirmaram a possibilidade de hibridação entre as espécies *P. edulis* e *P. setacea*. Cerqueira-Silva et al. (2008) foram os primeiros a avaliar a produtividade do maracujazeiro-azedo associada à resistência ao CABMV. A partir da avaliação de 72 plantas, os autores identificaram quatro grupos com relação à resistência do maracujá ao CABMV (resistentes, levemente resistentes, suscetíveis e extremamente suscetíveis) e verificaram a correlação negativa entre a gravidade da doença e a produtividade dos frutos, enfatizando a necessidade de mais pesquisas para combater a doença e aumentar a produção.

Santos et al. (2015b) avaliaram 118 híbridos interespecíficos de *P. setacea* com *P. edulis* para resistência ao CABMV e observaram que a intensidade da doença variou entre os híbridos e foi possível identificar 25 híbridos resistentes. Freitas et al. (2016) ao avaliar a resistência de uma população de primeiro retrocruzamento de maracujazeiro ao CABMV observaram que na população havia diferentes níveis de resistência, sendo eles: imunes, com moderada resistência e suscetíveis. Os autores também estudaram a herança da resistência ao CABMV e observaram que a herança para resistência não é monogênica.

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Populações avaliadas

Os genótipos utilizados neste trabalho foram provenientes do programa de melhoramento genético do maracujazeiro da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) que visa obter cultivares com maior resistência

a virose do endurecimento dos frutos, produtivas e com melhor qualidade físico-química dos frutos (Figura 1). Foram avaliados 91 genótipos, sendo 14 híbridos interespecíficos, uma espécie silvestre (*P. setacea*), quatro genitores recorrentes da espécie *P. edulis* e 72 genótipos obtidos do retrocruzamento entre híbridos interespecíficos e *P. edulis* (Tabela 1).

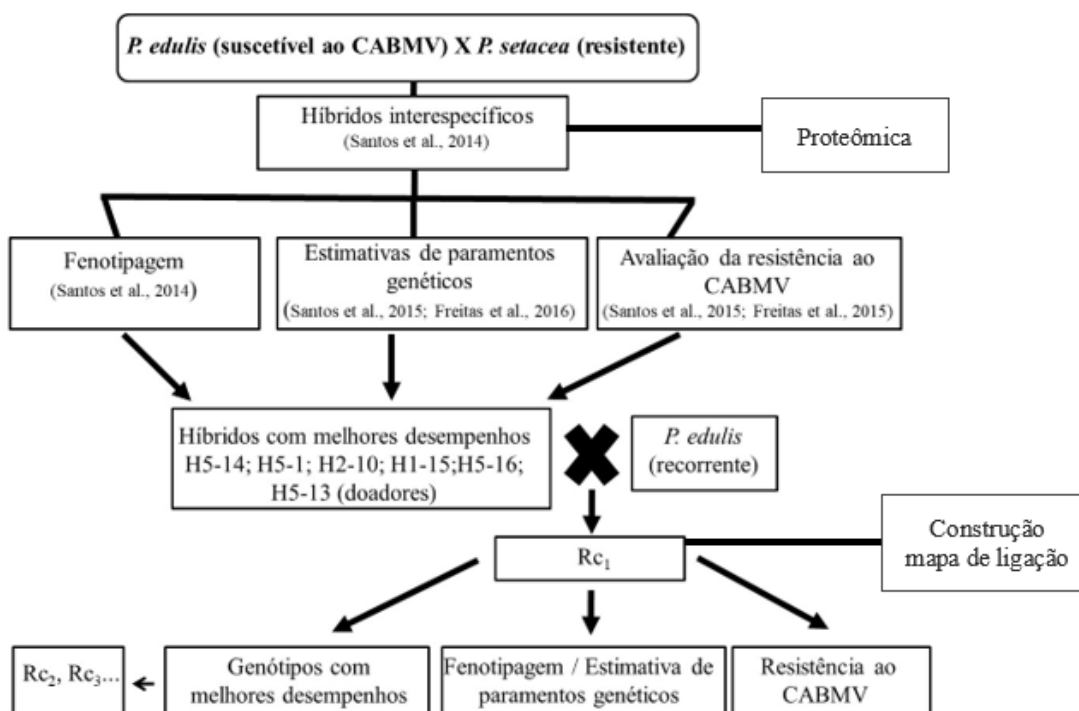


Figura 1. Organograma das etapas do programa de melhoramento de maracujazeiro para resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes, 2018.

Tabela 1. Genótipos de *P. edulis*, *P. setacea*, híbridos interespecíficos e indivíduos RC₁ utilizados no estudo de diversidade genética e suas respectivas origens. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018

Genótipos	Origem dos genótipos ♀ x ♂	Genótipos	Origem dos genótipos ♀ x ♂
<i>P. setacea</i> . 1	Banco de germoplasma UENF	155	H5-14 x <i>P. edulis</i>
<i>P. edulis</i> . 7	UENF Rio Dourado *	160	H5-14 x <i>P. edulis</i>
<i>P. edulis</i> . 9	UENF Rio Dourado *	161	H5-14 x <i>P. edulis</i>
<i>P. edulis</i> . 10	UENF Rio Dourado *	174	H5-14 x <i>P. edulis</i>
<i>P. edulis</i> . 11	UENF Rio Dourado *	180	H5-14 x <i>P. edulis</i>
H1-15. 5	<i>P. edulis</i> 139 x <i>P. setacea</i> 367	193	H1-15 x <i>P. edulis</i>
H1-15. 8	<i>P. edulis</i> 139 x <i>P. setacea</i> 367	198	H1-15 x <i>P. edulis</i>
H1-15. 9	<i>P. edulis</i> 139 x <i>P. setacea</i> 367	199	H1-15 x <i>P. edulis</i>
H5-13. 1	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	200	H1-15 x <i>P. edulis</i>
H5-13. 5	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	225	H1-15 x <i>P. edulis</i>
H5-13. 7	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	227	H1-15 x <i>P. edulis</i>
H5-13. 9	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	246	H5-16 x <i>P. edulis</i>
H5-13.11	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	251	H5-16 x <i>P. edulis</i>
H5-13.12	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	253	H5-16 x <i>P. edulis</i>
H5-14. 8	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	254	H5-16 x <i>P. edulis</i>
H5-14.12	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	259	H5-16 x <i>P. edulis</i>
H5-16. 1	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	261	H5-16 x <i>P. edulis</i>
H5-16. 6	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	266	H5-16 x <i>P. edulis</i>
H5-16. 9	<i>P. setacea</i> 367 x <i>P. edulis</i> 139	268	H5-16 x <i>P. edulis</i>
13	H5-14 x <i>P. edulis</i>	290	H5-1 x <i>P. edulis</i>
17	H5-14 x <i>P. edulis</i>	293	H2-10 x <i>P. edulis</i>
22	H5-14 x <i>P. edulis</i>	317	H5-14 x <i>P. edulis</i>
29	H5-14 x <i>P. edulis</i>	320	H5-14 x <i>P. edulis</i>
33	H5-14 x <i>P. edulis</i>	324	H5-14 x <i>P. edulis</i>
37	H5-14 x <i>P. edulis</i>	335	H5-14 x <i>P. edulis</i>
38	H5-14 x <i>P. edulis</i>	342	H5-14 x <i>P. edulis</i>
46	H1-15 x <i>P. edulis</i>	355	H1-15 x <i>P. edulis</i>
47	H1-15 x <i>P. edulis</i>	363	H1-15 x <i>P. edulis</i>
50	H1-15 x <i>P. edulis</i>	386	H5-16 x <i>P. edulis</i>
65	H1-15 x <i>P. edulis</i>	387	H5-16 x <i>P. edulis</i>
67	H1-15 x <i>P. edulis</i>	391	H5-16 x <i>P. edulis</i>
75	H1-15 x <i>P. edulis</i>	399	H5-16 x <i>P. edulis</i>
79	H1-15 x <i>P. edulis</i>	412	H5-16 x <i>P. edulis</i>
80	H1-15 x <i>P. edulis</i>	421	H5-16 x <i>P. edulis</i>
81	H5-16 x <i>P. edulis</i>	448	H2-10 x <i>P. edulis</i>
85	H5-16 x <i>P. edulis</i>	461	H5-14 x <i>P. edulis</i>
87	H5-16 x <i>P. edulis</i>	464	H5-14 x <i>P. edulis</i>
91	H5-16 x <i>P. edulis</i>	484	H5-14 x <i>P. edulis</i>
94	H5-16 x <i>P. edulis</i>	501	H1-15 x <i>P. edulis</i>
99	H5-16 x <i>P. edulis</i>	545	H5-16 x <i>P. edulis</i>
101	H5-16 x <i>P. edulis</i>	553	H5-16 x <i>P. edulis</i>
109	H5-16 x <i>P. edulis</i>	554	H5-16 x <i>P. edulis</i>
113	H5-16 x <i>P. edulis</i>	555	H5-16 x <i>P. edulis</i>
135	H5-1 x <i>P. edulis</i>	586	H5-1 x <i>P. edulis</i>
137	H5-1 x <i>P. edulis</i>	595	H5-1 x <i>P. edulis</i>
147	H2-10 x <i>P. edulis</i>		

* Cultivar do programa de seleção recorrente da UENF.

3.1.3.2. Condução do experimento e caracterização morfológica

Os genótipos foram plantados em setembro de 2015, na área experimental da Escola 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, em delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições. 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. A distância entre as linhas de plantio foi de 3,5 m. e 2 m entre cova. Os tratos culturais foram os recomendados para a cultura do maracujazeiro (Abreu, 2011).

A primeira frutificação teve início em março de 2016. Os períodos de colheita, de avaliação dos frutos e de avaliação dos caracteres morfológicos vegetativos e florais foram realizados durante todo o ano de 2016 até o primeiro trimestre de 2017.

A caracterização dos genótipos foi baseada nos descritores morfoagronômicos utilizados para proteção de cultivares de maracujazeiro, elaborados pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA). Foram avaliadas 13 características qualitativas (Tabela 2) e 24 características quantitativas (Tabela 3).

Tabela 2. Descritores qualitativos utilizados para avaliar os 91 genótipos de *Passiflora* e suas respectivas classes observadas. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018

Descritores	Classes observadas
Ramo: coloração	1: verde-clara; 2: verde-escura; 3: verde-arroxeada; 4: roxa
Limbo foliar: profundidade do sinus	3: rasa; 5: média; 7: profunda.
Limbo foliar: pilosidade	1: ausente; 2: presente
Pecíolo: posição das glândulas	1: adjacente ao limbo foliar; 2: próximo ao meio do pecíolo; 3: adjacente à inserção da folha no ramo; 4: distribuídos ao longo do pecíolo
Flor: forma do hipanto	1: aplanada; 2: campanulada; 3: cilíndrica
Flor: coloração predominante do perianto	1: branca; 2: rosada; 3: vermelha; 4: vermelha arroxeada; 5: roxa; 6: azul-arroxeada; 7: azul
Flor: coloração predominante da coroa	1: branca; 2: rosada; 3: vermelha; 4: vermelha arroxeada; 5: roxa; 6: azul-arroxeada; 7: azul
Flor: número de anéis coloridos	1: um; 2: mais de um
Flor: filamentos mais longos da coroa	1: liso; 2: ondulado
Flor: pólen	1: ausente 2: presente
Fruto: forma	1: ovalada; 2: oblonga; 3: arredondada; 4: oblata; 5: elipsoide; 6: fusiforme; 7: fusiforme; 8: piriforme
Fruto: coloração predominante da casca	1: verde; 2: amarela; 3: laranja; 4: rosada; 5: vermelha; 6: roxa
Fruto: coloração da polpa	1: esbranquiçada; 2: amarelo-esverdeada; 3: amarela; 4: amarelo alaranjada; 5: alaranjada; 6: alaranjada-escura; 7: vermelha

Tabela 3. Descritores quantitativos utilizados para avaliar os 91 genótipos de *Passiflora* e suas respectivas classes observadas. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018

Descritores¹	Método de avaliação
AACPD	Determinado por escala de notas;
CFR (mm)	Determinado na região longitudinal dos frutos, em uma média de 15 frutos maduros, com o uso de um paquímetro digital;
LFR (mm)	Determinado na região equatorial dos frutos, em uma média de 15 frutos maduros, com o uso de um paquímetro digital;
MFR (g)	Determinado quando o fruto estiver maduro, com uso de uma balança eletrônica;
MPF (g)	Determinado pesando a polpa (sementes com arilo) quando o fruto estiver maduro, com uso de uma balança eletrônica;
ECA (mm)	Determinado pela média aritmética das medidas de quatro pontos do invólucro exterior do meio dos frutos após um corte transversal, em uma média de 15 frutos maduros, com o uso de um paquímetro digital;
SST (°Brix)	Obtido por refractometria, usando o refractômetro digital portátil ATAGO N1, com leituras variando de 0-32 ° brix;
TSE (mm)	Relação entre comprimento e largura, com a amostragem de dez sementes de 15 frutos;
NSE	Contagem manual (média de 15 frutos);
DCA (mm)	Medido próximo ao primeiro nó do eixo principal, com o uso de um paquímetro digital;
CFO (mm)	Medido na extensão longitudinal da borda mais alta, em uma média de cinco folhas por planta, com o uso de um paquímetro digital;
LFO (mm)	Medição transversal da maior dimensão, em uma média de cinco folhas por planta, com o uso de um paquímetro digital;
CPC (mm)	Medido da inserção do caule até a inserção da folha, em uma média de cinco folhas por planta, com o uso de um paquímetro digital;
CFL (mm)	Medido dos extremos da flor, em uma média de cinco flores por planta, com o uso de um paquímetro digital;
CPD (mm)	Medido da inserção no receptáculo da flor a inserção na haste em uma média de cinco flores por planta, com o uso de um paquímetro digital;
CPE (mm)	Medido da inserção da flor até o ápice, média de cinco flores por planta, com o uso de um paquímetro digital;
LPE (mm)	Obtido da maior dimensão, em uma média de cinco flores por planta, com o uso de um paquímetro digital;
CSE (mm)	Medido da inserção da flor para o ápice, média de cinco flores por planta, com o uso de um paquímetro digital;
LSE (mm)	Obtido da maior dimensão, média de cinco flores por planta, com o uso de um paquímetro digital;
CBC (mm)	Medido da inserção do pedúnculo até o ápice, média de cinco flores por planta, com o uso de um paquímetro digital;
LBC (mm)	Obtido da maior dimensão, média de cinco flores por planta, com o uso de um paquímetro digital;

Tabela 3. Cont.

Descritores¹	Método de avaliação
DCO (mm)	Medido dos pontos extremos dos filamentos da coroa, média de cinco flores por planta com o uso de um paquímetro digital;
CAN (mm)	Medido em toda extensão que sustenta os órgãos sexuais, em uma média de cinco flores por planta, com o uso de um paquímetro digital;
CFC (mm)	Medido da inserção no receptáculo da flor até o ápice, média de cinco flores por planta, com o uso de um paquímetro digital;

¹AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença, CFR = comprimento do fruto, LFR = largura do fruto, MFR = massa do fruto, MPF = massa da polpa do fruto, ECA = espessura da casca, SST = sólidos solúveis totais, TSE = tamanho de semente, NSE = número de sementes, DCA = diâmetro do caule, CFO = comprimento da folha, LFO = largura da folha, CPC = comprimento do pecíolo, CFL = comprimento da flor, CPD = comprimento do pedúnculo floral, CPE = comprimento de pétala, LPE = largura da pétala, CSE = comprimento de sépala, LSE = largura de sépala, CBC = comprimento da bráctea, LBC = largura da bráctea, DCO = diâmetro da coroa, CAN = comprimento do androginóforo e CFC = comprimento do filamento longo da coroa.

Para avaliar a severidade ao vírus de endurecimento do fruto, as plantas foram avaliadas quinzenalmente após os primeiros sintomas. A avaliação dos sintomas foi realizada visualmente com auxílio de uma escala de notas proposta por Novas e Rezende (1999) e modificada por Oliveira et al. (2013) (Tabela 4). Por meio da escala de notas foi estimada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para folhas jovens e área total da planta, para cada genótipo utilizando o estimador:

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

Em que: Y_i = proporção da doença na i -ésima observação; T_i = tempo em dias da i -ésima observação; n = número de observações (Campbell e Madden, 1990). Posteriormente foi estimada uma média com os valores de AACPD obtidos para folhas jovens e planta inteira.

Tabela 4. Escala de notas utilizada para avaliação dos sintomas induzidos pelo CABMV nos frutos, folhas jovens e plantas de maracujazeiro-azedo, com adaptações de Novaes e Rezende (1999) e Oliveira et al. (2013). UENF, Campos dos Goytacazes, 2018

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

3.1.3.3. Análise estatística das informações morfoagronômicas

As variáveis quantitativas e qualitativas foram analisadas simultaneamente para determinação da distância genética, com base no algoritmo de Gower (1971), expresso por:

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

Onde i e j representam os indivíduos a serem comparados no que diz respeito à característica k; p = número total de características, e S_{ij} = contribuição da variável k para a distância total. Se uma variável é qualitativa, S_{ijk} assume o valor 1, quando a concordância é positiva ou negativa para a característica k entre os indivíduos i e j, e por outro lado quando a variável é quantitativa:

$$S_{ij} = \frac{|Y_{ik} - Y_{jk}|}{R_k}$$

Sendo R_k = a amplitude de variação da variável k , tendo valores entre 0 e 1. O valor de W_{ijk} foi usado para definir as contribuições dos indivíduos S_{ijk} . Assim, quando o valor da variável k está ausente em um ou ambos os indivíduos, $W_{ijk} = 0$ ou, de outra forma, $W_{ijk} = 1$.

Para a formação dos grupos de genótipos foi utilizado o procedimento de agrupamento hierárquico Ward-MLM. A definição do número ideal de grupos foi realizada de acordo com os critérios do pseudo-F e pseudo- t^2 combinados com o perfil da verossimilhança associado com o teste da razão da verossimilhança (SAS Institute, 2009). O dendrograma foi realizado com o auxílio do software R (R Development Core Team, 2011) a partir do arquivo *distfile* obtido pelo SAS.

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O método de agrupamento hierárquico Ward-MLM, utilizando simultaneamente descritores quantitativos e qualitativos relacionado a caracteres morfoagronômicos, foi eficiente para agrupar os 91 genótipos avaliados. Baseado nos critérios dos testes pseudo-F e pseudo- t^2 o número ideal de grupos homogêneos, agrupados de acordo com suas similaridades, foi estabelecido em cinco. Isso se deve ao maior aumento da função de verossimilhança que ocorreu no quinto grupo, onde houve um incremento de 72,39 (Figura 2).

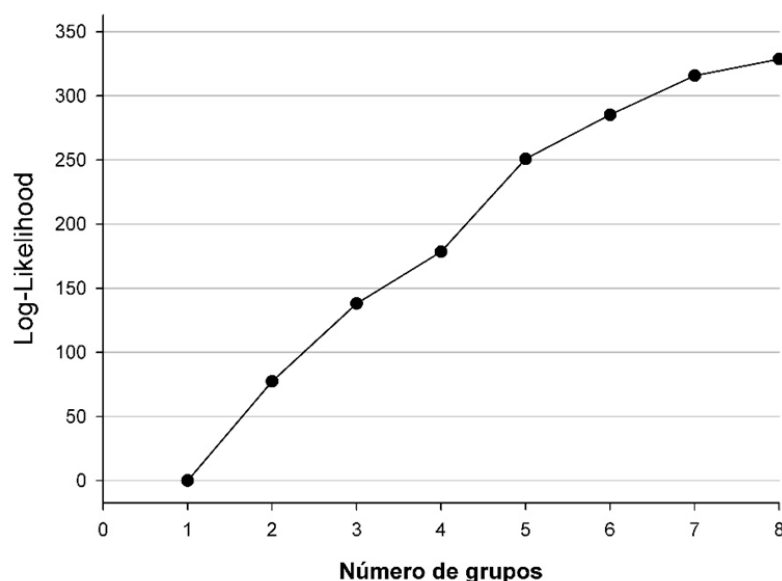


Figura 2. Gráfico da função logarítmica da probabilidade (Log-likelihood) em relação ao número de grupos formado pela estratégia Ward-MLM em *P. edulis*, *P. setacea*, híbridos interespecíficos e genótipos RC₁. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018.

A estratégia de classificação Ward-MLM para análise dos descritores morfoagronômicos quantitativos, permitiu a separação dos 91 genótipos em 5 grupos homogêneos, agrupados de acordo com suas semelhanças. O grupo I foi constituído por 15 genótipos, sendo 14 híbridos interespecíficos e a *P. setacea*, o grupo II por 5 genótipos de *P. edulis*, os grupos III, IV e V, foram constituídos por 30, 30 e 11 indivíduos RC₁, respectivamente (Tabela 5).

Com relação às características qualitativas, o grupo I que alocou 14 híbridos interespecíficos e a *P. setacea* apresentou 7% dos indivíduos com folhas pilosas e 93% com folhas sem pilosidade. 27% dos indivíduos apresentaram profundidade média de sinus e 73% apresentaram sinus profundo. Todos os integrantes do grupo apresentaram glândulas próximas ao meio pecíolo. O hipanto foi aplanado em 93% dos indivíduos e cilíndrico em 7%, com coloração do perianto variando entre branca (40%), rosada (40%) e roxa (20%) e da coroa variando entre branca (27%) e roxa (73%). Os frutos apresentaram forma ovalada (33%), oblonga (7%) e elipsoide (60%) com casca predominantemente verde (87%) e polpa predominantemente amarela (93%) (Tabela 5). Os híbridos desse trabalho são clones dos híbridos avaliados no trabalho de Santos et al. (2015a) que também obtiveram híbridos intermediários aos genitores para caracteres morfoagronômicos

ao selecionarem os melhores híbridos oriundos do cruzamento interespecífico de maracujazeiro.

O grupo II alocou os genótipos de *P. edulis*. Os representantes desse grupo apresentaram folhas sem pilosidade, sinus profundo e glândulas adjacentes ao limbo foliar. A coloração da corona foi predominantemente azul-arroxeadada (80%) enquanto a do perianto foi predominantemente branca (80%). Com relação aos descritores dos frutos, a cor da casca e da polpa foi amarela e o formato dos frutos foi 40% arredondada e 60% elipsoide (Tabela 5).

No grupo III ficaram alocados 30 indivíduos RC₁. Os representantes desse grupo apresentaram folhas sem pilosidade, sinus predominantemente profundo (90%), glândulas adjacentes ao limbo foliar (60%) e próximas ao meio do pecíolo (40%). 60% dos genótipos não apresentou pólen visível a olho nu nas anteras, o que indica uma possível esterilidade masculina, comum em cruzamentos interespecíficos. Soares-Scott et al. (2003), avaliaram híbridos interespecíficos de *Passiflora* e verificaram ausência de pólen, problemas de desenvolvimento, baixa viabilidade polínica ou dificuldade em florescer. O hipanto mostrou-se predominantemente aplanado (47%) e cilíndrico (40%) com a coloração da corona variando entre branca (17%) e roxa (83%), enquanto a coloração do perianto foi predominantemente branca (60%) e roxa (37%). Em relação aos frutos, 50% dos genótipos apresentaram casca de coloração verde e 50% amarela, no entanto a variável coloração da polpa não apresentou variabilidade genética, tendo todos os genótipos cor amarelada. A coloração da polpa pode ser um indicador da qualidade dos frutos destinados à indústria, havendo preferência por frutos de coloração amarela (Maniwaru et al., 2014).

O grupo IV, assim como o grupo III, alocou 30 genótipos RC₁, e apresentou grande diversidade quando comparado aos grupos I e II. 27% dos indivíduos não apresentou pólen visível a olho nu nas anteras. O hipanto mostrou-se campanulada para 80% dos indivíduos, a coloração da corona foi predominantemente branca (47%) e roxa (47%), enquanto a coloração do perianto foi majoritariamente branca (80%). Os formatos de fruto predominantes foram ovalados (40%) e arredondados (30%). Segundo Greco et al. (2014) frutos ovalados são preferidos nas indústrias por apresentarem maior rendimento de polpa, sendo assim, mais comercializáveis. Aproximadamente 60% dos genótipos apresentaram coloração de casca verde quando maduros e 97% apresentaram coloração de polpa amarela. Os frutos

amarelos são preferidos pelos consumidores em relação aos verdes uma vez que a mudança na coloração da casca do maracujá, durante o processo de amadurecimento, é o critério mais utilizado pelo consumidor para julgar o grau de maturação do fruto (Freire et al., 2014).

O grupo V foi constituído por 11 indivíduos RC₁. 54% dos representantes desse grupo possuíam glândulas próximas ao meio do pecíolo e 46% adjacentes ao limbo foliar. A coloração de corona variou entre branca (27%), rosada (18%), roxa (37%) e azul-arroxeadada (18%), já a coloração do perianto foi branca (64%), rosa (27%) ou roxa (9%). As flores tiveram seu hipanto campanulado (64%), aplanado (27%) ou cilíndrico (9%). A forma dos frutos foi predominante arredondada (45%) e elipsoide (36%) com a coloração da polpa variando entre amarela (54%), alaranjada (27%) e amarelo-alaranjada (19%). A coloração predominante da casca foi verde (73%) (Tabela 5).

Tabela 5. Descritores e número de genótipos por grupo de características qualitativas em cada um dos cinco grupos (GI, GII, GIII, GIV e GV), formados pela estratégia UPGMA em *P. edulis*, *P. setacea*, híbridos interespecíficos e genótipos RC₁. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018

Descritores	Grupos				
	G I (15)	G II (5)	G III (30)	G IV (30)	G V (11)
Coloração do ramo					
Verde-clara	3	-	6	6	5
Verde-escura	5	-	5	12	3
Verde-arroxeadada	7	5	19	12	3
Profundidade do sinus					
Média	4	-	3	-	-
Profunda	11	5	27	30	11
Pilosidade do limbo					
Ausente	14	5	30	30	11
Presente	1	-	-	-	-
Posição da Glândula					
Adjacente ao limbo foliar	-	5	18	15	5
Meio do pecíolo	14	-	12	13	6
Distribuídas ao longo do pecíolo	1	-	-	2	-
Coloração da coroa					
Branca	4	-	5	14	3
Rosada	-	1	-	1	2
Roxa	11	-	25	14	4
Azul-arroxeadada	-	4	-	1	2
Forma do hipanto					
Aplanada	14	3	14	3	3
Campanulada	-	-	4	24	7
Cilíndrica	1	2	12	3	1
Coloração no perianto					
Branca	6	4	18	24	7
Rosada	6	1	1	1	3
Roxa	3	-	11	4	1
Azul-arroxeadada	-	-	-	1	-
Filamentos mais longos da coroa					
Liso	14	1	15	13	7
Ondulado	1	4	15	17	4
Número de anéis coloridos					
Um	5	-	1	-	-
Mais de um	10	5	29	30	11
Pólen					
Presente	15	5	12	25	3
Ausente	-	-	18	5	8
Forma do fruto					
ovalada	5	-	9	12	1
oblonga	1	-	-	2	-
arredondada	-	2	13	9	5
oblata	-	-	2	1	-
elipsóide	9	3	3	5	4
oboval	-	-	3	1	1

Tabela 5. Cont.

Descritores	Grupos				
	G I (15)	G II (5)	G III (30)	G IV (30)	G V (11)
Coloração predominante da casca					
Verde	13	-	15	18	8
Amarela	2	5	15	12	3
Coloração da polpa					
Esbranquiçada	1	-	-	-	-
Amarela	14	5	30	29	6
Amarelo-alaranjada	-	-	-	1	2
Alaranjada	-	-	-	-	3

Em relação aos descritores quantitativos, o grupo I formado pelos híbridos interespecíficos e a *P. setacea* conteve os genótipos com maiores médias para CFO (118,85), LFO (137,37), CPC (41,18), CFL (60,37), CPD (73,91), CPE (41,75), CSE (47,12), CBC (29,84), LBC (24,34). Quanto aos descritores agrônômicos dos frutos, nesse grupo, os genótipos continham a menor média de espessura da casca (6,70) (Tabela 6), uma característica desejável para o melhoramento genético (Ataíde et al., 2012).

No grupo II estão contidos os genótipos de *P. edulis*, os quais apresentaram as maiores médias de caracteres de fruto: CFR (82,04), MFR (157,44), MPF (73,53), NSE (261,85) e SST (14,54), assim como o maior valor de ECA (8,46). Na busca de frutos com melhores qualidades, a diminuição da espessura da casca é uma das características desejáveis no maracujá-azedo. Os programas de melhoramento buscam selecionar genótipos com menor espessura de casca, o que pode indicar maior quantidade de polpa para as populações avaliadas. Lúcio et al. (2013) relatam que, tanto a indústria de suco concentrado como o mercado da fruta *in natura*, consideram a espessura da casca um fator relevante para a classificação do fruto, por ser inversamente proporcional ao rendimento de suco.

O grupo III apresentou a segunda maior média para SST (14,11), no entanto as médias dos descritores agrônômicos de fruto e de caracteres florais foram as que menos se aproximaram do grupo II, onde se alocou o genitor recorrente *P. edulis* (Tabela 6).

Apesar do grupo IV conter a menor média para SST (12,79), também conteve a segunda menor média de ECA (7,50) e a menor média de comprimento de androginóforo (19,54) (Tabela 6), sendo este, um descritor relevante nas

avaliações morfoagronômicas do maracujá-azedo, por estar diretamente relacionado à polinização, que por sua vez, está relacionada à produção. Androginóforos menores reduzem a altura dos estigmas em relação à coroa, facilitando a polinização (Siqueira et al., 2009).

O grupo V apresentou valores intermediários para todos os descritores quantitativos avaliados, contudo conteve os genótipos com as médias mais próximas ao grupo do genitor recorrente, quando comparado aos grupos III e IV que também alocaram genótipos RC₁.

Em relação à resistência ao CABMV, dos cinco grupos avaliados, o grupo II apresentou o maior valor para área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) (920,25), enquanto o grupo I apresentou o menor valor (552,75). Isso se deve ao fato do grupo II conter os genótipos do genitor recorrente (*P. edulis*) conhecido por ser altamente suscetível ao CABMV e o grupo I conter os híbridos interespecíficos e o genótipo *P. setacea*, conhecido por possuir resistência ao CABMV. O cálculo de AACPD é utilizado para avaliar a severidade ao vírus de endurecimento do fruto e já se mostrou eficiente em identificar genótipos suscetíveis e com níveis de resistência a virose em outros trabalhos envolvendo o maracujazeiro-azedo (Santos et al., 2015b), *P. setacea* e populações segregantes (Santos et al., 2015b, Freitas et al., 2015).

Tabela 6. Médias das variáveis quantitativas para cada um dos cinco grupos formados pelo método Ward-MLM e as duas variáveis canônicas em *P. edulis*, *P. setacea*, híbridos interespecíficos e genótipos RC₁. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018

Descritores ¹	Grupos					CAN	
	G I (15)	G II (5)	G III (30)	G IV (30)	G V (11)	CAN 1	CAN 2
AACPD	552,75	920,25	613,12	646,12	643,98	-0.05	0.49
CFR (mm)	71,12	82,04	64,17	64,64	70,83	0.41	0.33
LFR (mm)	55,13	72,62	57,05	57,69	98,32	0.05	0.08
MFR (g)	51,51	157,44	60,49	62,28	70,43	0.13	0.86
MPF (g)	17,64	73,53	22,29	21,77	28,63	0.16	0.85
ECA (mm)	6,70	8,46	8,17	7,50	7,95	-0.16	0.26
SST (°Brix)	12,81	14,54	14,11	12,79	13,00	0.01	0.30
TSE (mm)	6,02	6,07	6,09	6,08	6,10	-0.06	0.02
NSE	59,65	261,85	82,53	75,37	92,58	0.14	0.87
DCA (mm)	26,07	37,62	24,87	26,28	26,36	0.12	0.37
CFO (mm)	118,85	115,41	102,65	98,49	93,77	0.48	0.03
LFO (mm)	137,37	114,86	119,47	119,67	122,98	0.33	-0.26
CPC (mm)	41,18	39,37	31,35	29,50	34,97	0.58	0.03
CFL (mm)	60,70	48,65	47,31	52,03	55,19	0.42	-0.33
CPD (mm)	73,91	47,85	43,09	52,23	59,37	0.50	-0.33
CPE (mm)	41,75	40,84	37,93	36,44	39,55	0.52	0.02
LPE (mm)	9,71	11,81	10,22	11,88	10,67	-0.37	0.22
CSE (mm)	47,12	43,83	41,08	36,65	42,93	0.69	-0.03
LSE (mm)	7,51	8,12	7,08	9,00	7,48	-0.30	0.04
CBC (mm)	29,84	27,43	22,53	23,02	22,92	0.60	-0.04
LBC (mm)	24,34	18,88	15,47	17,00	15,99	0.24	-0.12
DCO (mm)	73,46	75,35	74,02	74,38	73,45	-0.03	0.06
CAN (mm)	32,38	24,20	26,51	19,54	22,81	0.66	-0.19
CFC (mm)	32,56	32,60	32,10	31,10	32,17	0.16	0.03

¹AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença, CFR = comprimento do fruto, LFR = largura do fruto, MFR = massa do fruto, MPF = massa da polpa do fruto, ECA = espessura da casca, SST = sólidos solúveis totais, TSE = tamanho de semente, NSE = número de sementes, DCA = diâmetro do caule, CFO = comprimento da folha, LFO = largura da folha, CPC = comprimento do pecíolo, CFL = comprimento da flor, CPD = comprimento do pedúnculo floral, CPE = comprimento de pétala, LPE = largura da pétala, CSE = comprimento de sépala, LSE = largura de sépala, CBC = comprimento da bráctea, LBC = largura da bráctea, DCO = diâmetro da corona, CAN = comprimento do androginóforo e CFC = comprimento do filamento longo da corona.

As duas primeiras variáveis canônicas (VC) obtidas por meio da metodologia Ward-MLM explicaram 78,35% da variação total (Figura 3).

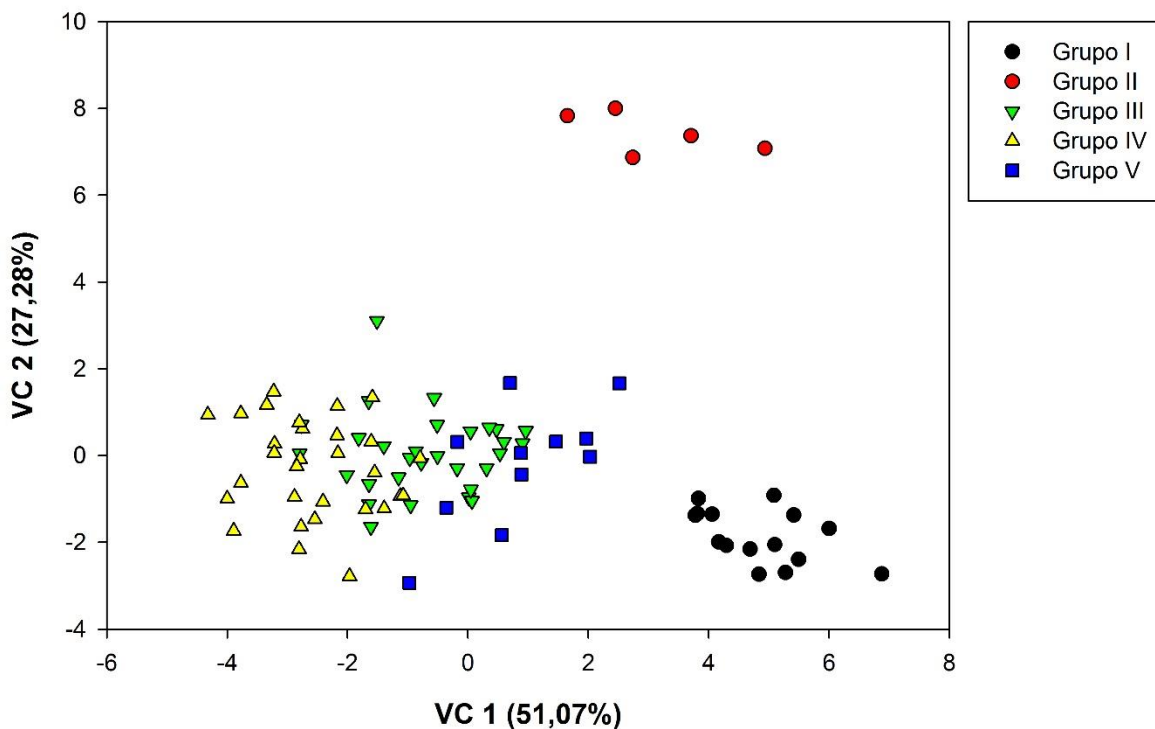


Figura 3. Gráfico das duas primeiras variáveis canônicas para os cinco grupos formados pela análise Ward-MLM em *P. edulis*, *P. setacea*, híbridos interespecíficos e RC₁. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018

Esse valor sugere que um gráfico bidimensional é adequado para visualizar a relação entre os grupos e entre os genótipos dentro dos grupos. A análise gráfica das VC, permitiu indicar que a maior dissimilaridade foi obtida em nível interespecífico entre os grupos II (*P. edulis*) e IV (RC₁) (Figura 3), com uma distância de 91,90 (Tabela 7).

Tabela 7. Distância entre os grupos formados pelo procedimento Ward-MLM, proposto por Franco et al. (1998). UENF, Campos dos Goytacazes, 2018

Grupos	I	II	III	IV	V
I	0	89.48	39.84	57.94	31.96
II	89.48	0	75.44	91.90	74.21
III	39.84	75.44	0	12.63	19.65
IV	57.94	91.90	12.63	0	22.36
V	31.96	74.21	19.65	22.36	0

O agrupamento dos genótipos representado pelo dendrograma da Figura 4, permitiu distinguir dentre os 91 indivíduos, as plantas 17, 293, 355 e 501, que se mostraram com características de resistência de *P. setacea* e proximidade ao genitor recorrente *P. edulis* com relação às características agronômicas de interesse dos frutos, proporcionando ganhos mais vantajosos em função da sua seleção.

Esse conhecimento contribui para subsidiar futuros cruzamentos do programa de melhoramento genético do maracujazeiro-azedo da UENF. Com o conhecimento das características morfoagronômicas avaliadas neste trabalho e a caracterização da diversidade genética da população obtida, torna-se possível a identificação de genótipos agronomicamente superiores e mais resistentes. Com este trabalho, tem-se um embasamento mais robusto na escolha dos melhores genótipos que poderão ser selecionados e retrocruzados a fim de se obterem genótipos mais promissores no decorrer do programa de melhoramento.

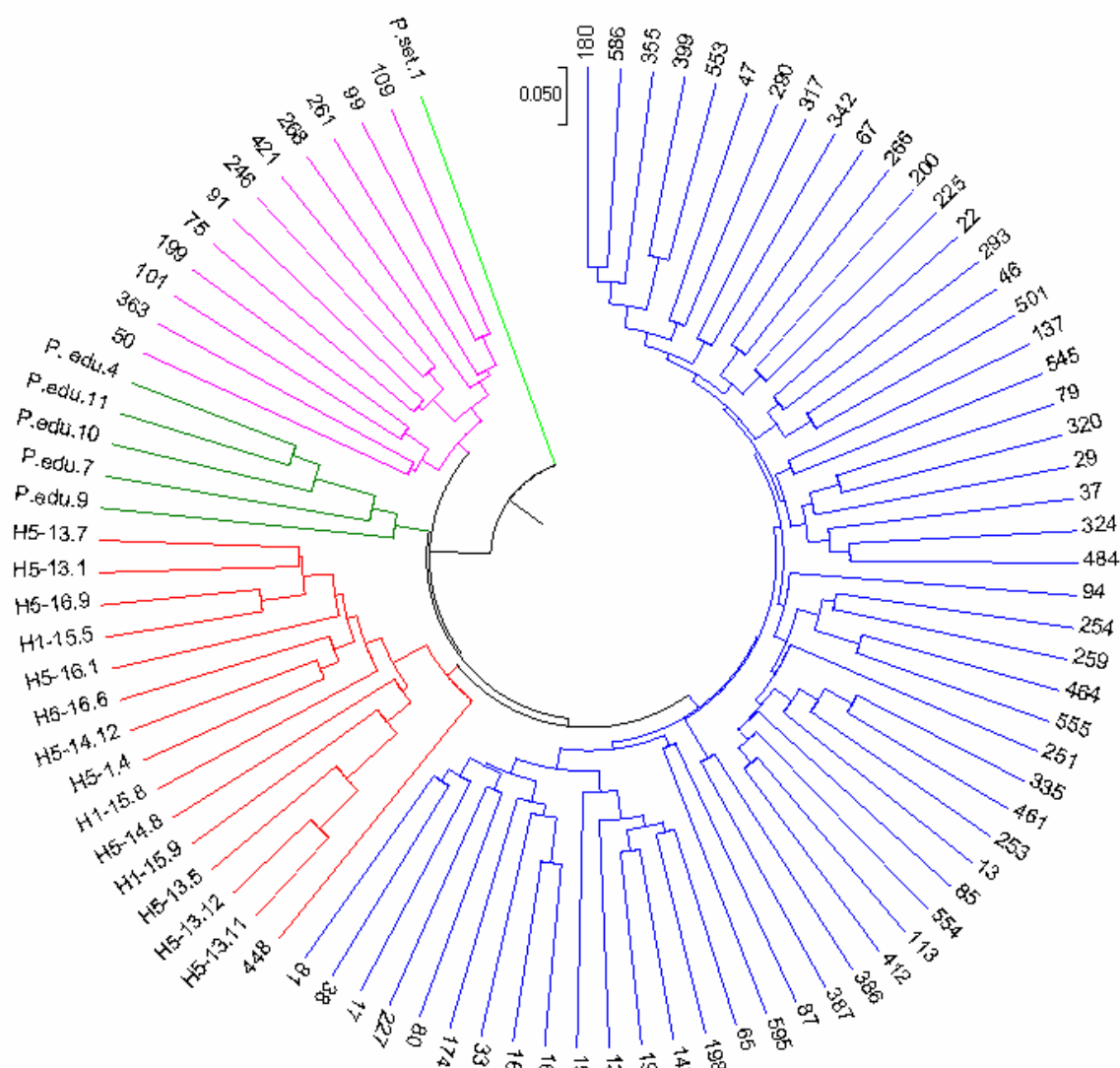


Figura 4. Dendrograma de dissimilaridade genética entre 91 genótipos de *Passiflora*, obtido pelo método Ward-MLM, com base nas variáveis morfoagronômicas e de resistência ao CABMV. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018.

3.1.5. CONCLUSÕES

Houve variabilidade genética entre os genitores, híbridos interespecíficos e a população de RC₁ de maracujazeiro estudados considerando-se as variáveis morfoagronômicas.

O procedimento estatístico Ward-MLM foi eficiente na discriminação dos grupos, demonstrando que a análise simultânea das informações qualitativas e

quantitativas é viável e pode permitir maior eficiência no conhecimento da divergência entre os genótipos.

Os genótipos 17, 293, 355 e 501 apresentaram-se como os mais promissores ao avanço do segundo ciclo de retrocruzamento por possuírem maior resistência ao CABMV quando comparado a outros genótipos, além de apresentar características físico-químicas de frutos próximas as do genitor recorrente *P. edulis*.

Este estudo forneceu informações úteis, o que possibilita delinear os rumos do programa de melhoramento genético do maracujazeiro.

3.2. IMPORTÂNCIA DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS PARA CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS RC₁ DE MARACUJAZEIRO

3.2.1. INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos principais centros de diversidade genética do gênero *Passiflora* (Bernacci et al., 2013) e está entre os maiores produtores mundiais dessa fruteira com uma produção de 703.489 toneladas no ano de 2016 (IBGE, 2016). A principal espécie cultivada comercialmente é a *Passiflora edulis* Sims, em função de sua qualidade, vigor e rendimento em suco (Silva et al., 2014). Entretanto, devido à variabilidade interespecífica e intraespecífica, o interesse pelo gênero vai além, considerando o seu potencial ornamental, propriedades medicinais e produção de frutos para consumo *in natura* (Santos, et al., 2012; Sánchez-Zapata et al., 2011).

Problemas fitossanitários como a virose do endurecimento dos frutos causada pelo CABMV, considerada uma das doenças mais importantes economicamente que acomete a cultura do maracujazeiro no Brasil, pois limitam a produção de frutos causando perdas expressivas da produção e levam a redução da área plantada, uma vez que não existe cultivares da espécie comercial resistente a essa doença (Cerqueira-Silva et al., 2014).

Atualmente, programas de melhoramento, a exemplo do programa de melhoramento genético de maracujazeiro-azedo da UENF, têm se concentrado em obter variedades resistentes à doença e com características agrônomicas

desejáveis (Oliveira et al., 2013; Santos et al., 2015a). O programa visando resistência ao CABMV da UENF teve início em 2010 com o cruzamento entre a espécie comercial *P. edulis* e a espécie silvestre *P. setacea* seguido de seleção dos híbridos interespecíficos promissores em relação a caracteres agrônômicos e de resistência por Santos et al. (2015a). Posteriormente, Freitas et al. (2015) realizaram estudos de herança da resistência com a população de primeiro retrocruzamento e concluíram que a herança de resistência é poligênica. Nesse contexto, a caracterização morfológica e agrônômica dessa população de retrocruzamento de maracujá usando descritores é um aspecto fundamental no programa de melhoramento para auxiliar na escolha de genótipos que atenda aos interesses do melhorista e direcionar cruzamentos futuros.

O termo "descriptor" refere-se a um atributo ou caracter que permite a discriminação de genótipos, no entanto, mesmo os descritores de grande importância, como os relacionados ao fruto, por exemplo, podem tornar-se redundantes, se estiverem correlacionados com outros caracteres selecionados (Castro et al., 2012). Sendo assim, muitos descritores são julgados desnecessários porque a contribuição para a variabilidade total é pequena quando comparada com o trabalho e custo exigidos na coleta de informações (Oliveira et al., 2012).

Castro et al. (2012) ao avaliarem a capacidade discriminatória de 20 descritores quantitativos e 8 qualitativos em variedades de *Passiflora edulis* submetidos a análise de componentes principais e ao método de Singh, mostraram que seis descritores poderiam ser descartados, sendo quatro quantitativos e dois qualitativos, sem perda de informação após a eliminação desses descritores. Oliveira et al. (2012) conduziram um estudo para definir o número de descritores mínimos para distinguir genótipos de mamão e após submeter os 21 descritores a análises de componentes principais usando métodos de seleção direta e de Singh, concluíram que 8 descritores poderiam ser descartados sem perda de informação.

Dentre as metodologias para o estabelecimento da importância dos descritores na caracterização de uma população, destaca-se o uso da análise de componentes principais, o método de Singh e as estimativas de correlação. Sousa et al. (2012) com o objetivo de caracterizar e quantificar a divergência genética de acessos de *Passiflora edulis* e *P. cincinnata*, realizaram estimativas de correlações genéticas entre caracteres de frutos, além de utilizar o método de Singh para estimar a contribuição relativa desses caracteres na expressão da divergência

genética dos acessos. Alves et al. (2012) com o objetivo de verificar as relações entre os componentes físicos e químicos do maracujá-doce, avaliaram os frutos quanto às características físicas e químicas e submeteram os valores à correlação de Pearson, obtendo correlações significativas entre a maioria das características avaliadas.

O objetivo deste trabalho foi gerar informações sobre a capacidade discriminatória de 38 descritores morfoagronômicos utilizados em populações segregantes de maracujazeiro; associar descritores quantitativos e qualitativos para formação de grupos e determinar sua importância relativa na caracterização de 91 genótipos, oriundos de cruzamentos interespecíficos, do programa de melhoramento genético da UENF.

3.2.2. REVISÃO

3.2.2.1. Descritores morfoagronômicos

A caracterização morfológica e agrônômica de espécies vegetais fornece uma identidade para cada genótipo através do conhecimento de uma série de informações fenotípicas que permitem o estudo da sua variabilidade genética (Cruz et al., 2012). Dessa forma, a caracterização morfoagronômica constitui uma tarefa de grande relevância por permitir a identificação de duplicatas, a quantificação da diversidade existente e o direcionamento dos cruzamentos no programa de melhoramento, além de gerar informações sobre a descrição e classificação do material avaliado (Castro et al., 2012).

A caracterização morfoagronômica, geralmente, é feita tendo como base caracteres de fácil detecção, mensuração e que sofram pouca influência ambiental. Para a caracterização de genótipos da espécie *P. edulis* e também de espécies silvestres de maracujazeiro, tem sido utilizada uma lista de descritores morfológicos e agrônômicos, proposta pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA).

Os descritores devem ser específicos para cada espécie, diferenciar os genótipos e expressar o atributo de maneira precisa e uniforme. Os descritores

morfológicos e agronômicos têm sido os mais utilizados para a caracterização de cultivares de maracujá, devido à sua facilidade de aplicação (Machado et al., 2015).

O aumento no número de descritores, na grande maioria das vezes, contribui para melhorar as informações acerca da diversidade genética. No entanto, o aumento do número de descritores nem sempre melhora a discriminação dos genótipos, pois, segundo Daher et al. (1997), caso um descritor esteja contribuindo na detecção da variabilidade que outro já discrimina, este segundo é redundante em relação ao primeiro, podendo, assim, ser descartado. Dessa maneira, a retirada dos descritores redundantes torna-se vantajosa ao reduzir o trabalho de coleta das informações e melhorar a interpretação dos mesmos (Pereira et al., 1992).

Existem na literatura diversos estudos utilizando descritores morfoagronômicos para caracterização e estimativa da diversidade genética de genótipos, dentre estes podem ser citados os estudos realizados em maracujá (Paiva et al., 2014), goiaba (Coser et al., 2014), pimenta (Bianchi et al., 2016), mamão (Pinto et al., 2013), abacaxi (Costa et al., 2016), dentre outras. Crochemore et al. (2003) avaliaram a forma, comprimento e altura da folha, presença de tricomas na folha, comprimento do lóbulo da folha, largura total da folha, margem da folha, comprimento do pecíolo da folha, número de glândulas foliares e peciolares, diâmetro das hastes, forma das estípulas, comprimento e diâmetro do espiral gavinha, cor da flor, cor da casca do fruto, cor da polpa e formato de frutos de 13 acessos de passiflora. Esses autores constataram ampla diversidade entre as espécies avaliadas e importante variabilidade dentro de *P. alata* e *P. edulis*.

Com objetivo de caracterizar uma coleção de germoplasma de maracujá utilizando uma lista de 36 descritores, Machado et al. (2015) mostraram que a lista de descritores foi eficiente para a diferenciação dos acessos havendo dentro de um mesmo grupo similaridade entre os acessos e entre os grupos, variabilidade para os descritores utilizados, incluindo aqueles de interesse agrônomo.

3.2.2.2. Análise multivariada

O termo Análise Multivariada corresponde a um conjunto de métodos e técnicas que utilizam, simultaneamente, todas as variáveis na interpretação teórica do conjunto de dados obtidos (Neto, 2015). Para estudo envolvendo a diversidade genética, diferentes métodos multivariados podem ser aplicados, dentre eles, temos a análise por componentes principais e por variáveis canônicas, os

coeficientes de correlação e os métodos aglomerativos (Cruz et al., 2012). A escolha do método mais adaptado à determinada cultura depende, dentre outros fatores, da precisão experimental desejada, como também da facilidade da análise e pela forma de obtenção dos valores.

Para informações quantitativas tem sido utilizada a técnica de componentes principais que consiste na transformação de um conjunto original de variáveis como comprimento e massa, por exemplo, em outro conjunto de dimensões equivalentes, com cada componente sendo independente entre si e retendo o máximo de informações em termos da variação dos valores originais, possibilitando o descarte de caracteres que contribuam pouco com a discriminação do genótipo e redução de custo com mão-de-obra na caracterização e experimentação (Cruz et al., 2012).

A análise em componentes principais estabelece, com base em uma matriz de semelhança (correlações, variâncias-covariâncias ou até mesmo de similaridades), um conjunto de eixos (componentes ou fatores) perpendiculares. Cada componente corresponde a um autovetor dessa matriz (Valentin, 2000). Os objetivos desta análise são a redução da dimensão original e a facilitação da interpretação das análises realizadas. Esta técnica de análise é intermediária e, portanto, não se constitui em um método final e conclusivo, sendo utilizada fundamentalmente como um passo intermediário nas investigações dos pesquisadores (Johnson; Wichern, 2007).

Para que possíveis descartes de variáveis sejam mais confiáveis, aconselha-se aliar as informações geradas pela análise de componentes principais à análise de agrupamento, permitindo o descarte de variáveis sem alteração significativa dos grupos previamente formados pela análise de agrupamento.

A análise de agrupamento tem o objetivo de reunir, com algum critério de classificação, um conjunto de unidades amostrais (tratamentos, progenitores, indivíduos, etc.) em grupos através da avaliação das variáveis, de modo que exista homogeneidade dentro de cada grupo e heterogeneidade entre os grupos (Hair et al., 2009; Cruz et al., 2014).

Entre os métodos de agrupamento, os hierárquicos de ligação simples (SL), de ligação média entre grupos (UPGMA) e Ward estão entre os utilizados com maior frequência (Cruz et al., 2011). A confiabilidade dos métodos de agrupamentos depende da magnitude da correlação cofenética, que mede o grau

de associação entre as distâncias estimadas e suas respectivas projeções em diagramas ou gráficos (Sokal e Rohlf, 1962).

Outra metodologia que auxilia possíveis descartes de variáveis é a análise da importância relativa dos caracteres, que possibilita uma melhor escolha de variáveis a serem consideradas numa avaliação de divergência genética entre populações ou genótipos. Portanto, conhecendo-se o grau de importância das variáveis, pode-se caracterizar uma coleção com uma boa precisão (aproximadamente 90%), porém com um menor número de descritores, diminuindo mão-de-obra, tempo e custos (Cruz et al., 2012). Com a aplicação da análise multivariada é possível determinar a contribuição de cada variável para a divergência genética entre os acessos estudados. Um dos métodos utilizados é o proposto por Singh (1981). Pela análise da importância relativa de caracteres de Singh (1981), é possível classificar as variáveis estudadas de acordo com sua contribuição para a divergência genética total e eliminar aquelas com menor contribuição.

Silveira et al. (2016) utilizaram o método de agrupamento hierárquico UPGMA e a análise de componentes principais para avaliar a divergência genética entre genótipos de *Passiflora cristalina* e quantificar a contribuição relativa de 30 caracteres de flores e frutos visando à preservação e o uso em futuros programas de melhoramento. Já Petrali et al. (2016) para caracterizar e comparar o comportamento espectral de seis espécies arbóreas, dentre elas o *Eucalyptus* sp e o *Psidium cattleianum*, utilizaram dentre outras análises o método de agrupamento Ward e a análise de componentes principais.

De acordo com Cruz et al. (2012), a estimativa de correlação entre características é de fundamental importância em programas de melhoramento genético, principalmente se a seleção em uma delas apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade e, ou, tenha problemas de mensuração, pois permite efetuar seleção indireta dessas características com base em outras mais facilmente avaliadas e de alta herdabilidade, proporcionando maiores progressos genéticos com economia de tempo, mão-de-obra e recursos.

A correlação linear é um valor adimensional (que varia de +1 a -1), utilizado para verificar, quantitativamente, a dependência, entre dois conjuntos de características. A correlação que pode ser diretamente mensurada entre duas características, em determinado número de indivíduos que representa a população,

é denominada correlação fenotípica sendo, portanto, necessária a distinção de duas causas nessa correlação: genética e ambiental. Somente a correlação genética envolve associações de natureza herdável e despertam real interesse em programas de melhoramento (Daher et al., 2004).

Rodrigues et al. (2017), trabalhando com *Passiflora edulis*, utilizaram o método de agrupamento hierárquico e análise de correlação para avaliar a contribuição relativa de variáveis relacionadas à produção de frutos e a características morfofisiológicas das sementes para a divergência genética dessas progênes de maracujazeiro-azedo. Souza et al. (2014) utilizaram a análise de correlação de Pearson para avaliar as características físicas e químicas de frutos de mamoeiro comercializados em Serra Talhada – PE.

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Material genético

Para a realização deste trabalho, foram analisados 91 genótipos da população de primeiro do retrocruzamento do programa de melhoramento genético do maracujazeiro da UENF, que visa obter variedades de maracujazeiro com maior resistência ao CABMV, mais produtivas e com melhor qualidade físico-química dos frutos.

Os genótipos foram plantados em setembro de 2015, na área experimental da Escola 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, em delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições. 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. A distância entre as linhas de plantio foi de 3,5 m. e 2 m entre cova. Os tratos culturais foram os recomendados para a cultura do maracujazeiro (Abreu, 2011).

3.2.3.2. Análises estatísticas

A avaliação foi realizada com uso de descritores quantitativos (24) e qualitativos multicategóricos (14) relacionados a características da planta, folhas, flores e frutos (Tabela 1), sendo 37 integrantes da lista de descritores proposta para o maracujazeiro pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Como as variáveis analisadas foram mensuradas em diferentes unidades, foi realizada a padronização, como X_j ($j = 1, 2, \dots, p$). A diferença das escalas das variáveis quantitativas foi eliminada, conforme:

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij} - \bar{X}_j}{S(X_j)}$$

Onde Z_{ij} = variável padronizada no indivíduo i , na característica j ; X_{ij} = valor observado no indivíduo i , na característica j ; \bar{X}_j = média estimada da característica j ; e $S(X_j)$ = desvio-padrão dos dados da característica j . Assim, a matriz de correlação das variáveis padronizadas foi:

$$R = \begin{bmatrix} 1 & r_1 & \wedge & r_{1p} \\ r_{21} & 1 & \wedge & r_{2p} \\ M & M & O & M \\ r_{p1} & r_{p2} & \wedge & 1 \end{bmatrix}$$

$$\text{Sendo: } r_{ij} = r(X_j, X_j) = C\hat{O}v(Z_j, Z_j) = \frac{C\hat{O}v(X_j, X_j)}{\sqrt{V\hat{a}r(X_j)V\hat{a}r(X_j)}}$$

Tabela 1. Descritores quantitativos e qualitativos utilizados para avaliar os 91 genótipos de *Passiflora*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018

Parte da planta	Natureza do descritor	Descritor	Abreviação
Planta	Qualitativa	Coloração do ramo	CRA
Planta	Quantitativa	Diâmetro do caule	DCA
Planta	Quantitativa	Área abaixo da curva de progresso da doença	AACPD
Folha	Qualitativa	Profundidade do sinus	PSI
Folha	Qualitativa	Posição das glândulas	PGL
Folha	Qualitativa	Pilosidade do limbo	PLI
Folha	Quantitativa	Comprimento da folha	CFO
Folha	Quantitativa	Largura da folha	LFO
Folha	Quantitativa	Comprimento do pecíolo	CPC
Flor	Qualitativa	Pólen	PO
Flor	Qualitativa	Forma do hipanto	FHI
Flor	Qualitativa	Coloração no perianto	COP
Flor	Qualitativa	Coloração na corona	COC
Flor	Qualitativa	Bandeamento nos filamentos da corona	BFC
Flor	Qualitativa	Número de anéis coloridos	NAC
Flor	Qualitativa	Filamento mais longo da corona	FLC
Flor	Quantitativa	Comprimento da flor	CFL
Flor	Quantitativa	Comprimento do pedúnculo	CPD
Flor	Quantitativa	Comprimento da pétala	CPE
Flor	Quantitativa	Largura da pétala	LPE
Flor	Quantitativa	Comprimento da sépala	CSE
Flor	Quantitativa	Largura da sépala	LSE
Flor	Quantitativa	Comprimento da bráctea	CBC
Flor	Quantitativa	Largura da bráctea	LBC
Flor	Quantitativa	Diâmetro da corona	DCO
Flor	Quantitativa	Comprimento do filamento longo da corona	CFC
Flor	Quantitativa	Comprimento do androginóforo	CAN
Fruto	Qualitativa	Forma do fruto	FFR
Fruto	Qualitativa	Coloração da casca do fruto	CCF
Fruto	Qualitativa	Coloração da polpa do fruto	CPF
Fruto	Quantitativa	Comprimento do fruto	CFR
Fruto	Quantitativa	Largura do fruto	LFR
Fruto	Quantitativa	Massa do fruto	MFR
Fruto	Quantitativa	Massa da polpa do fruto	MPF
Fruto	Quantitativa	Espessura da casca	ECA
Fruto	Quantitativa	Sólidos solúveis totais	SST
Fruto	Quantitativa	Tamanho de semente	TSE
Fruto	Quantitativa	Número de semente	NSE

Os descritores quantitativos foram avaliados com base na análise de componentes principais e com base na média das medidas tomadas de cada

descritor, a partir da matriz de correlação, utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2013).

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

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

$$CP_j = \frac{V\hat{a}r(CP_j)}{\sum_{j=1}^{\rho} V\hat{a}r(CP_j)} \cdot 100 = \frac{\lambda_j}{\sum_{j=1}^{\rho} \lambda_j} \cdot 100 = \frac{\lambda_j}{\text{traço}(R)} \cdot 100$$

Para sugestão de descarte dos descritores quantitativos menos informativos utilizou-se um método com base na importância relativa das características (Singh, 1981) e um segundo com base na seleção direta (Jolliffe, 1973), sendo indicado para descarte todo descritor que apresentou maior coeficiente de ponderação em valor absoluto (autovetor), no componente principal de autovalor menor, partindo do último componente até aquele cujo autovalor não excedeu 0,70.

A correlação de Pearson foi utilizada para verificar a correlação entre os descritores quantitativos, uma vez que os caracteres passíveis de descarte devem estar correlacionados a outros selecionados. A significância do coeficiente de correlação foi verificada pelo teste de t. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do Programa Genes (Cruz, 2013). As análises de correlação linear (Pearson) basearam-se na significância de seus coeficientes. A classificação de intensidade da correlação para $p \leq 0,05$ é: muito forte ($r \pm 0,91$ a $\pm 1,00$), forte ($r \pm 0,71$ a $\pm 0,9$), média ($r \pm 0,51$ a $\pm 0,70$) e fraca ($r \pm 0,31$ a $\pm 0,50$) (Carvalho et al., 2004).

Foram realizadas análises multivariadas para obter estimativas de divergência genética de genótipos com base na Distância de Gower (Gower, 1971), relativa as 38 variáveis morfoagronômicas avaliadas nos ensaios. Com base na matriz de distância gerada, os indivíduos foram agrupados pelo método Ward-MLM. Além da matriz com as 38 variáveis, foram obtidas matrizes contendo apenas variáveis de flor, de fruto e de folha. Estas matrizes de distância com menos variáveis foram comparadas com a matriz contendo as 38, utilizando-se o pacote Dendextend no programa R (<http://www.r-project.org>).

3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.2.4.1. Análise dos componentes principais

No presente estudo, pode-se verificar que a variância acumulada entre os 24 descritores quantitativos não demonstrou distribuição concentrada nos primeiros componentes, podendo-se constatar que somente a partir do oitavo componente principal foi possível acumular uma porcentagem satisfatória, com 81,23% da variabilidade total dos genótipos (Tabela 2). Com base no princípio de que a importância ou variância dos componentes principais decresce do primeiro para o último, têm-se que os últimos componentes explicam uma fração muito pequena da variância total. Então, a variável de maior coeficiente no componente de menor autovalor dever ser a menos importante para explicar a variância total permitindo, portanto, o descarte de descritores morfológicos que oferecem pouca contribuição no estudo de divergência (Cruz et al., 2014).

Os três primeiros componentes explicaram 53,12% da variação total, com o primeiro componente explicando 23,24%, o segundo 19,44% e o terceiro 10,44% (Tabela 2). Este resultado, apesar de próximo, é diferente do que foi encontrado por Castro et al. (2012) que ao caracterizar acessos de *P. edulis* através de 20 descritores morfoagronômicos, encontraram 67,17% da variação total nos três primeiros componentes. Já Silveira et al. (2016), quantificaram a contribuição relativa de 30 caracteres de flores e frutos de *Passiflora* e mostraram que a primeira e segunda variáveis explicaram 22,45% e 16,81% da variação, respectivamente e 52,11% da variação total foi explicada pelas três primeiras variáveis.

Baseado na metodologia proposta por Jolliffe (1973), que estabelece a eliminação de descritores cuja associação entre autovetores e autovalores é inferior a 0,7, sete descritores morfoagronômicos poderiam ser descartados, sendo um relacionado à folha (CFO), três relacionados à flor (LBC, CFC e CSE) e três relacionados ao fruto (LFR, MFR e MPF). Essa metodologia sugere que 29% dos descritores morfoagronômicos utilizados pouco contribuíram para a caracterização da população avaliada.

Tabela 2. Autovalores, variância e variância acumulada, obtidas a partir de vinte e quatro descritores morfoagronômicos quantitativos avaliados em 91 genótipos de *Passiflora*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018.

Descritor	Autovalor	Variância (%)	Variância acumulada (%)
NSE	5,578	23,241	23,241
CPC	4,665	19,438	42,679
LPE	2,506	10,440	53,119
CPE	2,051	8,544	61,664
LFO	1,613	6,721	68,385
SST	1,157	4,823	73,208
DCO	1,007	4,195	77,403
CPD	0,920	3,830	81,233
ECA	0,815	3,397	84,631
CBC	0,644	2,682	87,313
DCA	0,566	2,357	89,670
TSE	0,531	2,210	91,880
AACPD	0,423	1,760	93,641
CFL	0,323	1,346	94,987
CFR	0,261	1,086	96,073
LSE	0,207	0,863	96,936
CAN	0,175	0,728	97,664
LFR	0,158	0,656	98,320
CFO	0,124	0,515	98,836
LBC	0,115	0,478	99,313
CFC	0,065	0,270	99,583
CSE	0,057	0,236	99,819
MFR	0,023	0,095	99,915
MPF	0,020	0,085	100,0

NSE = número de sementes, CPC = comprimento do pecíolo, LPE = largura da pétala, CPE = comprimento de pétala, LFO = largura da folha, SST = sólidos solúveis totais, DCO = diâmetro da coroa, CPD = comprimento do pedúnculo floral, ECA = espessura da casca, CBC = comprimento da bráctea, DCA = diâmetro do caule, TSE = tamanho de semente, AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença, CFL = comprimento da flor, CFR = comprimento do fruto, LSE = largura de sépala, CAN = comprimento do androginóforo, LFR = largura do fruto, CFO = comprimento da folha, LBC = largura da bráctea, CFC = comprimento do filamento longo da coroa, CSE = comprimento de sépala, MFR = massa do fruto e MPF = massa da polpa do fruto.

3.2.4.2. Análise da contribuição relativa dos descritores

De acordo com o método proposto por Singh (1981), utilizado para avaliar a contribuição relativa dos 24 caracteres quantitativos, determinou-se que dez desses caracteres contribuíram com 52,24% para a divergência genética, enquanto os demais caracteres contribuíram com 47,76% (Tabela 3). A análise da contribuição relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética mostra que, para os genótipos avaliados, têm-se valores próximos de contribuição dos 24 descritores utilizados, variando de 2,14 a 6,68% (Tabela 3). As características comprimento do androginóforo (6,68%), seguido do comprimento de flor (5,47%), área abaixo da curva de progresso da doença (5,27%) e comprimento do pedúnculo (5,17%) foram as que mais contribuíram para a diferenciação dos genótipos, e os descritores comprimento do filamento longo da corona (2,29%), diâmetro da corona (2,17%) e tamanho de semente (2,14%) apresentaram as menores contribuições. Desta forma, de acordo com este critério, pode-se afirmar que todos os descritores selecionados são importantes na caracterização dos genótipos de *Passiflora* avaliados por apresentar contribuições importantes (maiores do que 1,0% da variação total) na discriminação da divergência.

Resultado diferente foi relatado por Sousa et al. (2012), que ao caracterizar e quantificar a divergência genética de acessos de *Passiflora edulis* com base em características físicas e químicas de fruto obtiveram valores maiores que o presente trabalho, na contribuição relativa da largura do fruto (15,94%) e espessura da casca (5,38%), enquanto o teor de sólidos solúveis (2,93%), número de sementes (2,52%) e massa do fruto (3,04%) apresentaram menores contribuições que a do presente trabalho, para a divergência genética dos genótipos de maracujazeiro .

Tabela 3. Contribuição relativa de 24 descritores morfoagronômicos quantitativos de *Passiflora* para divergência genética pelo método de Singh. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018.

Variável	S.j	Valor em %	Variável	S.j	Valor em %
CAN	526,378	6,682	CFO	349,377	4,435
CFL	430,838	5,469	LPE	343,510	4,3610
AACPD	415,311	5,272	LFO	291,874	3,705
CPD	407,101	5,168	ECA	284,761	3,615
LFR	398,836	5,063	CBC	267,817	3,4
CPE	393,469	4,995	NSE	254,545	3,231
CSE	392,841	4,987	MPF	247,342	3,140
LSE	386,952	4,912	MFR	239,532	3,041
LBC	385,015	4,888	DCA	235,392	2,988
CFR	378,242	4,802	CFC	180,627	2,293
SST	368,139	4,674	DCO	171,358	2,175
CPC	359,333	4,562	TSE	168,440	2,138

CAN = comprimento do androginóforo, CFL = comprimento da flor, AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença, CPD = comprimento do pedúnculo floral, LFR = largura do fruto, CPE = comprimento de pétala, CSE = comprimento de sépala, LSE = largura de sépala, LBC = largura da bráctea, CFR = comprimento do fruto, SST = sólidos solúveis totais, CPC = comprimento do pecíolo, CFO = comprimento da folha, LPE = largura da pétala, LFO = largura da folha, ECA = espessura da casca, CBC = comprimento da bráctea, NSE = número de sementes, MPF = massa da polpa do fruto, MFR = massa do fruto, DCA = diâmetro do caule, CFC = comprimento do filamento longo da coroa, DCO = diâmetro da coroa e TSE = tamanho de semente.

3.2.4.3. Análise de correlação de Pearson

As estimativas dos valores de correlação fenotípica, obtidas a partir da avaliação dos 91 genótipos são apresentadas na Tabela 4. Essas estimativas de correlação permitem prever a resposta de uma característica quando se realiza a seleção em outra correlacionada, ou seja, torna possível, por exemplo, a seleção em uma característica de fácil mensuração para obter ganhos em outra de difícil mensuração (Oliveira et al., 2011).

Para explicar as relações entre os caracteres de importância econômica, as estimativas de correlações devem ser consideradas satisfatórias, ou seja, $r > \pm 0,50$ (Greco et al., 2014). A largura do fruto mostrou-se altamente correlacionada com a massa do fruto (0,874), massa da polpa do fruto (0,745) e número de sementes (0,716) (Tabela 4). Greco et al. (2014) ao avaliarem características físicas e físico-químicas de 32 genótipos de maracujazeiro também encontraram correlações altas e positivas entre largura e massa do fruto (0,870), no entanto para as correlações de largura do fruto com massa da polpa e com número de sementes, os valores divergiram (0,063 e 0,297, respectivamente) do presente trabalho.

A massa do fruto foi altamente correlacionada com o número de sementes (0,881) e com a massa da polpa do fruto (0,924), que por sua vez foi altamente correlacionada com o número de sementes (0,952) (Tabela 4). Estas correlações de massa do fruto já eram esperadas, pois indicam que genótipos com maiores massas de frutos tendem a serem frutos com maior largura e conseqüentemente tendem a apresentar maior massa de polpa e número de sementes. Segundo Sousa et al. (2012), na seleção direta de genótipos de maracujazeiro estas características estão entre as mais relevantes.

A correlação da característica comprimento da folha com a largura da folha foi forte (0,776) assim como a correlação entre a largura da bráctea com o comprimento da bráctea (0,792) e da largura da sépala com a largura da pétala (0,738). Além disso, houve correlação positiva de intensidade forte entre o diâmetro da coroa com o comprimento do filamento longo da coroa (0,860) (Tabela4)

Tabela4. Matriz de correlação linear (Pearson) entre caracteres de maracujá-azedo obtidos de 91 genótipos. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018.

	LFR	MFR	MPF	NSE	CFO	LFO	CPE	LPE	CSE	LSE	CBC	LBC	DCO	CAN
MFR	0,874**													
MPF	0,745**	0,924**												
NSE	0,716**	0,881**	0,952**											
CFO	0,058 ^{ns}	0,123 ^{ns}	0,078 ^{ns}	0,048 ^{ns}										
LFO	0,097 ^{ns}	0,056 ^{ns}	-0,026 ^{ns}	-0,069 ^{ns}	0,776**									
CPE	-0,073 ^{ns}	-0,110 ^{ns}	-0,214*	-0,256*	0,223*	0,209*								
LPE	0,307**	0,295**	0,188 ^{ns}	0,144 ^{ns}	-0,176 ^{ns}	0,008 ^{ns}	-0,018 ^{ns}							
CSE	-0,041 ^{ns}	-0,099 ^{ns}	-0,172 ^{ns}	-0,186 ^{ns}	0,269**	0,226*	0,875**	-0,238*						
LSE	0,145 ^{ns}	0,108 ^{ns}	0,053 ^{ns}	0,037 ^{ns}	-0,103 ^{ns}	-0,030 ^{ns}	-0,038 ^{ns}	0,738**	-0,263*					
CBC	0,058 ^{ns}	-0,044 ^{ns}	-0,097 ^{ns}	-0,146 ^{ns}	0,310**	0,278**	0,377**	0,013 ^{ns}	0,348**	0,143 ^{ns}				
LBC	0,033 ^{ns}	-0,038 ^{ns}	-0,102 ^{ns}	-0,128 ^{ns}	0,307**	0,319**	0,421**	0,148 ^{ns}	0,385**	0,290**	0,792**			
DCO	-0,057 ^{ns}	-0,057 ^{ns}	-0,113 ^{ns}	-0,197 ^{ns}	0,015 ^{ns}	0,074 ^{ns}	0,365**	0,244*	0,127 ^{ns}	0,159 ^{ns}	0,152 ^{ns}	0,043 ^{ns}		
CAN	-0,159 ^{ns}	-0,243*	-0,249*	-0,220*	0,349**	0,217*	0,584**	-0,45**	0,752**	-0,428**	0,365**	0,318**	0,027 ^{ns}	
CFC	-0,051 ^{ns}	-0,061 ^{ns}	-0,084 ^{ns}	-0,135 ^{ns}	0,161 ^{ns}	0,199 ^{ns}	0,448**	-0,263*	0,297**	-0,062 ^{ns}	0,258*	0,066 ^{ns}	0,860**	0,291**

LFR = largura do fruto, MFR = massa do fruto, MPF = massa da polpa do fruto, NSE = número de sementes, CFO = comprimento da folha, LFO = largura da folha, CPE = comprimento de pétala, LPE = largura da pétala, CSE = comprimento de sépala, LSE = largura de sépala, CBC = comprimento da bráctea, LBC = largura da bráctea, DCO = diâmetro da coroa, CAN = comprimento do androginóforo e CFC = comprimento do filamento longo da coroa. (**) e (*) significativos a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t, respectivamente. ns não significativo.

3.2.4.4. Análise comparativa de agrupamento

Na análise de agrupamento dos 91 genótipos, o método de UPGMA permitiu a formação de cinco grupos distintos quando todos os 38 descritores morfoagronômicos foram utilizados (Figura 1). A análise de agrupamento tem por finalidade reunir os genótipos em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (Cruz et al., 2012). O grupo I, foi formado por 1 genótipo, o grupo II, III, IV e V por 12, 6, 57 e 15 genótipos, respectivamente. Os genitores *P. setacea*, *P. edulis*, e os híbridos interespecíficos se agruparam em três grupos distintos (grupos I, III e V, respectivamente), enquanto os genótipos de retrocruzamento se agruparam, principalmente, no grupo II e no grupo IV, sendo este último composto por 65% dos indivíduos. (Figura 1).

A análise comparativa entre o dendrograma contendo todos os descritores com dendrogramas contendo apenas descritores florais, foliares ou de frutos evidenciou a necessidade da utilização de diferentes descritores na caracterização da divergência genética de *Passiflora*, uma vez que tanto o número de grupos quanto o arranjo entre os genótipos nas análises, não se mantiveram iguais. O valor de emaranhamento, que mede a correspondência de genótipos entre dendrogramas distintos variando de 0 a 1, onde 0 indica dendrogramas totalmente correspondentes e 1 dendrograma sem nenhuma correspondência, foi de 0,51 no dendrograma contendo os descritores de fruto, evidenciando a divergência na distribuição dos genótipos nos dendrogramas (Figura 1). Diferente do dendrograma com todos os descritores, o que conteve apenas descritores de frutos agrupou os genótipos em quatro grupos, sem distinção entre genitores e indivíduos de retrocruzamento. O grupo I foi formado 4 genótipos (3 *P.edulis* e 1 retrocruzamento), o grupo II foi formado por 35 genótipos (1 *P.edulis*, 3 híbridos interespecíficos e 31 retrocruzamentos), o grupo III foi formado apenas pelo genótipo de *P. setácea*, enquanto o grupo IV foi formado por 51 genótipos (11 híbridos interespecíficos e 40 retrocruzamentos). Os indivíduos 254, 259 e 113 foram os que tiveram menores mudanças entre os agrupamentos e apesar da mudança de posição do genitor *P. setacea*, ele não agrupou com outro genótipo.

O dendrograma contendo apenas descritores florais apresentou emaranhamento de 0,44 (Figura 2). Observa-se também a formação de quatro grupos, sendo o grupo I formado por 1 indivíduo (*P. setacea*), o grupo II por 6 (5

híbridos interespecíficos e 1 retrocruzamento), o grupo III por 12 retrocruzamentos e o grupo IV por 72 indivíduos (9 híbridos interespecíficos, 4 *P.edulis* e 59 retrocruzamentos) ou 79% dos genótipos avaliados. Os indivíduos 80, 227, 553 do retrocruzamento e *P. setacea*, apresentaram as menores mudanças entre os agrupamentos. Já o dendrograma contendo os descritores foliares apresentou o menor emaranhamento das análises (0,43) (Figura 3). Foram formados seis grupos, sendo os grupos I, II, III, IV, V e VI formados por 1 (*P. setacea*), 1 (retrocruzamento), 4 (2 híbridos interespecíficos e 2 retrocruzamentos), 26 (7 híbridos interespecíficos e 19 retrocruzamentos), 18 (1 *P.edulis* e 17 retrocruzamentos) e 41 indivíduos (5 híbridos interespecíficos, 3 *P.edulis* e 33 retrocruzamentos), respectivamente. Genitores e indivíduos de retrocruzamento não se alocaram em grupos distintos, no entanto, assim como em todos os outros dendrogramas, o genitor *P. setacea*, não agrupou com nenhum outro genótipo. Os indivíduos RC₁ 261, 399, 553 e 225 foram os que tiveram menores mudanças entre os agrupamentos.

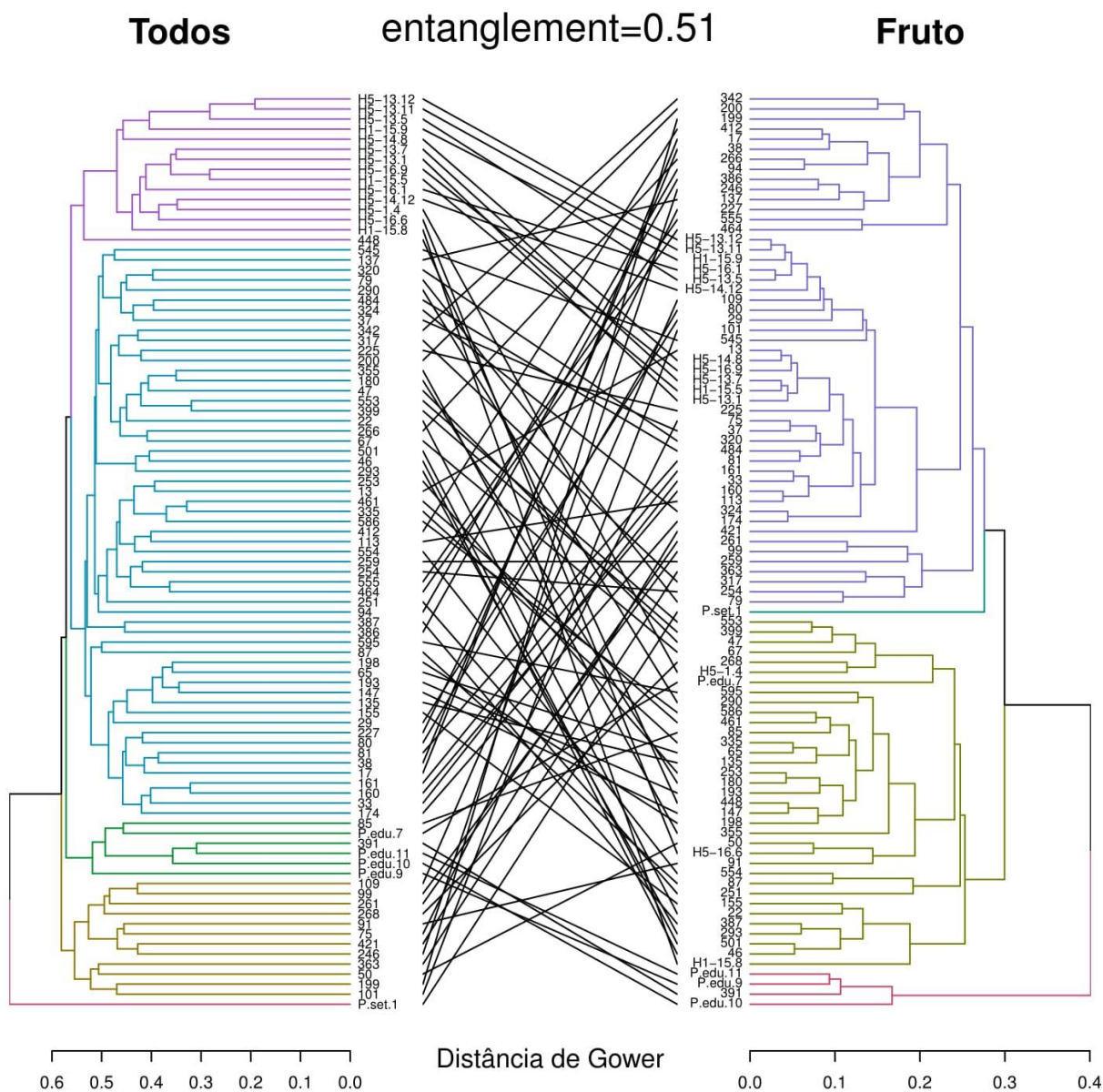


Figura 1. Emaranhamento entre 91 genótipos de *Passiflora*, obtido pelo pacote Dendextend, com base na Distância de Gower considerando as variáveis morfoagronômicas de fruto, flor e folha, e apenas de fruto. UENF, Campos dos Goytacazes, 2018.

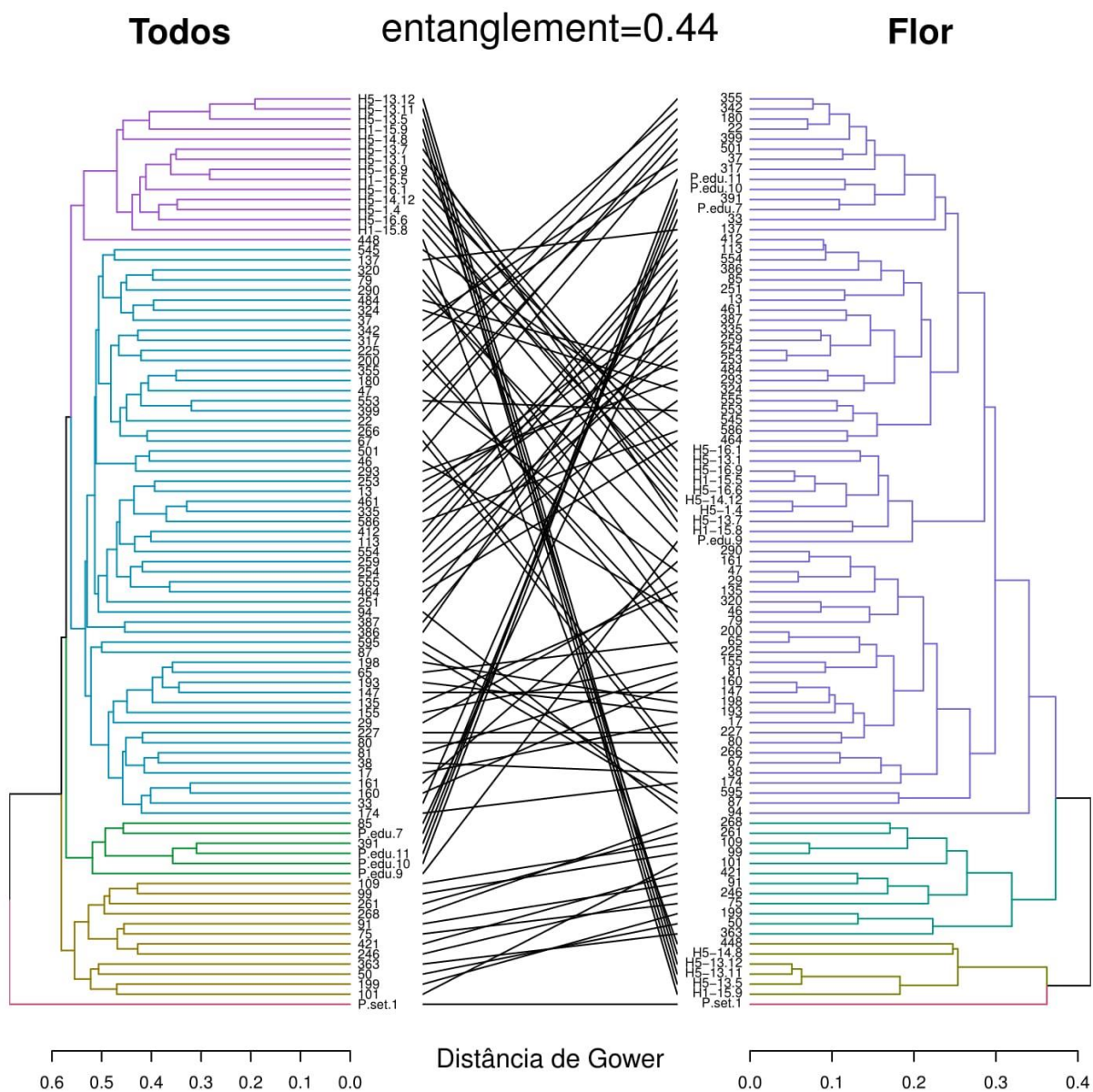


Figura 2. Emaranhamento entre 91 genótipos de *Passiflora*, obtido pelo pacote Dendextend, com base na Distância de Gower considerando as variáveis morfoagronômicas de fruto, flor e folha, e apenas de flor UENF, Campos dos Goytacazes, 2018.

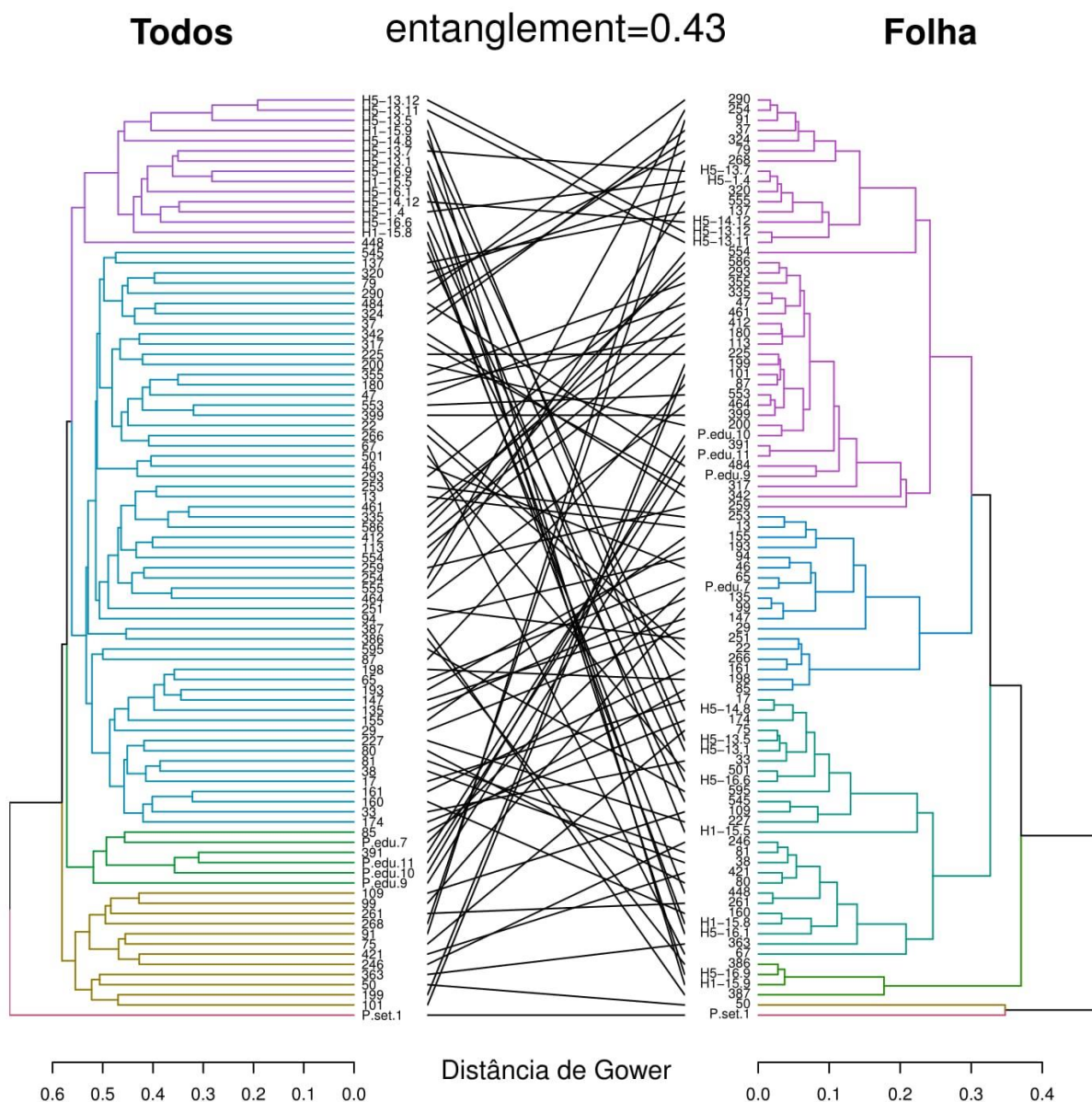


Figura 3. Emaranhamento entre 91 genótipos de *Passiflora*, obtido pelo pacote Dendextend, com base na Distância de Gower considerando as variáveis morfoagronômicas de fruto, flor e folha, e apenas de folha UENF, Campos dos Goytacazes, 2018.

3.2.5. CONCLUSÕES

As características com maior contribuição para a variabilidade genética na população avaliada são número de sementes, comprimento do pecíolo e largura da

pétala. Portanto, os descritores de fruto assim como os de folha e flor são considerados responsivos para seleção de genótipos.

Apesar de sete descritores (CFO, LBC, CFC, CSE, LFR, MFR e MPF) apresentarem pouca contribuição para a caracterização dos genótipos, o descarte não é sugerido por eles possuírem contribuições importantes na discriminação da divergência genética da população.

A análise comparativa entre dendrogramas mostrou que a utilização dos 38 descritores gerou maior eficiência na discriminação dos grupos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, S.P.M. (2011) *Cultivo do maracujá-azedo*. Centro de Apoio ao Desenvolvimento Tecnológico - CDT/UnB.
- Alves, R.R., Carlos, L.C.C., Salomão, C., Siqueira, D.L., Cecon, P.R., Silva, D.F.P. (2012) Relações entre características físicas e químicas de frutos de maracujazeiro-doce sweet passion fruit cultivated in Viçosa, *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34: 619–623.
- Amaral Júnior, A.T., Viana, A. P., Gonçalves, L.S.A., Barbosa, C.D. (2010) *Procedimentos Multivariados em Recursos genéticos vegetais*. In: Pereira, T.N.S. (ed.). *Germoplasma: Conservação, Manejo e Uso no Melhoramento de Plantas*. Viçosa, MG: Arca. p.205- 254.
- Araújo, F.P., Silva, N., Queiroz, M. (2008) Divergência genética entre acessos de *Passiflora cincinnata* Mast com base em descritores morfoagronômicos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30(3):723 –730.
- Ataíde, E.M., Oliveira J.C.; Ruggiero, C. (2012) Florescimento e frutificação do maracujazeiro silvestre *Passiflora setacea* D. C. cultivado em Jaboticabal, SP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34(2):377-381.
- Ayala-Zavala, J.F., Veja-veja, V., Rosas-Domínguez, C., Palafox-Carlos, H., Villa-Rodríguez, J.A., Siddiqui, W., Dávila-Aviña, J.E., González-Aguilar, G.A. (2011)

Agro-industrial potential of exotic fruit byproducts as a source of food additives. *Food Research International*, 44(7):1866-1874.

Barroso G.M. Rio de Janeiro (1978) Livros Técnicos e Científicos. Editora da Universidade de São Paulo; São Paulo, Brazil. *Passifloraceae*; 1:194–197.

Bernacci, L.C., Cervi, A.C., Milward-de-Azevedo, M.A., Nunes, T.S., Imig, D.C., Mezzonato, A.C. *Passifloraceae* (2013) In: *Lista de Espécies da Flora do Brasil*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro.

Bernacci, L.C., Meletti, L.M.M., Soares-Scott, M.D., Passos, I.R.S., Junqueira, N.T.V. (2005) Espécies de maracujá: caracterização e conservação da biodiversidade. In: Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Braga, M.F. (Eds) *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 559-586 p.

Bernacci, L.C., *Passifloraceae*. In: Wanderley, M.L.; Shepherd, G.J.; Giuliett, A. M.; Melhem, T.S. (Coord.). (2003) *Flora Fanerogâmica do Estado de São Paulo*. São Paulo, FAPESP, RiMa, (3) 247-248p.

Bezerra Neto, F.V., Leal, N.R., Gonçalves, L.S.A., Filho, L.M.R.; Amaral Júnior, A.T.do. (2010) Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. *Revista Ciência Agronômica*, 41:294-299.

Bianchi, P.A., Dutra, I.P., Moulin, M.M., Santos, J.O., Santos, A.C.J. (2016) Morphological characterization and analysis of genetic variability among pepper accessions. *Ciência Rural*, 46(7):1151-1157.

Campbell CD, Madden LV. 1990. *Introduction to Plant Disease Epidemiology*. John Willey, New York.

Carvalho, F.I.F., Lorencetti, C., Benin, G. (2004) *Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal*. Pelotas: Editora e Gráfica Universitária – UFPel, 142p.

- Castro, J.A., Neves, C.G., Jesus, O.N., Oliveira, E.J. (2012) Definition of morphoagronomic descriptors for the characterization of yellow passion fruit. *Scientia Horticulturae*, 145:17-22.
- Cavalcante, N.R., Krause, W., Viana, A.P., Silva, C.A., Porto, K.K.X., Martinez, R.A. S (2017) Anticipated selection for intrapopulation breeding of passion fruit. *Acta Scientiarum-Agronomy*, 39:143-148.
- Cerqueira-Silva, C.B.M., Conceição, L.D.H.C.S., Santos, E.S.L., Cardoso-Silva, C.B., Pereira, A.S., Oliveira, A.C., Corrêa, R.X. (2010) Genetic variability in wild genotypes of *Passiflora cincinnata* based on RAPD markers. *Genetics and molecular research*, 9(4):2421–2428.
- 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. *International Journal of Molecular Sciences*, 15(8):14122-14152.
- Cervi, A.C. (2006) O gênero *Passiflora* L. (Passifloraceae) no Brasil, espécies descritas após o ano de 1950. *Adumbrationes ad Summae Editionem*, 16:1-5.
- Correa, M.F., Pinto, A.P.C., Rezende, J.A.M., Harakava, R., Mendes, B.M.J. (2015) Genetic transformation of sweet passion fruit (*Passiflora alata*) and reactions of the transgenic plants to Cowpea aphid borne mosaic virus. *European Journal of Plant Pathology*. 143, 813-821.
- Coser, S.M., Ferreira, M.F.S., Ferreira, A., Saraiva, S.H. (2014) Diversidade genética de seleções de goiabeiras cortibel. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36(2):391-399.
- Costa, D.S.J., Souza, E.H., Costa, M.A.P.C., Pereira, M.E.C., Souza, F.V.D. (2016) Clonal evaluation of new ornamental pineapple hybrids to use as cut flowers. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 38(4):475-483.
- Crochemore, M.L., Molinari, H.B., Stenzel, N.M.C. (2003) Caracterização agromorfológica do maracujazeiro (*Passiflora* spp). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25(1): 5-10.

- Crossa, J., Franco, J. (2004) Statistical methods for classifying genotypes. *Euphytica*, 137(1):19–37.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35(3):271-276.
- Cruz, C.D., Ferreira, F.M., Pessoni, L.A. (2011) *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética*. Viçosa: Suprema, 620p.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., Regazzi, A.J. (2014) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. v.2, 3ª. ed. Viçosa: UFV, 668p.
- Daher, R.F., Moraes, C.F., Cruz, C.D., Pereira, A.V., Xavier, D.F. (1997) Seleção de caracteres morfológicos discriminantes em capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). *Revista Brasileira de Zootecnia*, 26:265-270.
- Daher, R.F., Pereira, A.V., Pereira, M.G., Ledo, F.J.S., Amaral Júnior, A.T., Rocabado, J.M.A., Ferreira, C.F., Tardin, F.D. (2004) Análise de trilha de caracteres forrageiros do capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum). *Ciência Rural*, 34(5):1531-1535.
- Dhawan, K., Dhawan, S., Sharma, A. (2004) *Passiflora*: a review update. *Journal of Ethnopharmacology*, 94(1):1-23.
- Di Piero, R.M., Novaes, Q. S., Pascholati, S.F. (2010) Effect of *Agaricus brasiliensis* and *Lentinula edodes* Mushrooms on the Infection of Passionflower with Cowpea aphid-borne mosaic virus. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 53, 269-278.
- EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Memória do Lançamento dos Híbridos de Maracujazeiro Ornamental. Disponível em: <<http://www.cpac.embrapa.br/lancamentoornamental/>>. Acesso em: 03 nov. 2017.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa, MG: UFV, Imprensa Universitária, 279p.

- Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Costa, A.M. (2015) *Ações de pesquisa e desenvolvimento para o uso diversificado de espécies comerciais e silvestres de maracujá (Passiflora spp.)*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 26p.
- Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Fávero, A.P., Lopes, M.A. (2008) Pré-melhoramento de plantas: experiências de sucesso. In: Faleiro, F.G., Farias Neto, A.L., Ribeiro Júnior, W.Q. (Eds). *Pré-melhoramento, melhoramento e pós-melhoramento: estratégias e desafios*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 43-62p.
- Faleiro, G.P., Almeida, B.C., Sousa, P.F.C., Junqueira, N.T.V., Costa, A.M., Guimaraes, T.G., Junqueira, K.P. (2009) Obtenção e análise de descritores dos genitores e dos híbridos de maracujazeiro azedo BRS Sol do Cerrado, BRS Gigante Amarelo e BRS Ouro Vermelho. CD-Room dos Anais do 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 5, Guarapari: SBMP.
- Faleiro, F.G., Peixoto, J.R., Viana, A.P., Brucker, C., Laranjeira, F.F., Damasceno, F., Meletti, L.M.M., Consoli, L., Sousa, M.A.F., Silva, M.S., Pereira, M.G., Stenzel, N., Sharma, R.D. (2006) Demandas para as pesquisas relacionadas ao melhoramento genético. In: Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Braga, M.F. (Eds) *Maracujá: demandas para a pesquisa*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 25-34p.
- Fávero, L.P., Belfiore, P., Silva, F.L., Chan, B.L. (2009) *Análise de dados: modelagem multivariada para tomada de decisões*. Rio de Janeiro: Campus/Elsevier, 646p.
- Feuillet C. *Passifloraceae* (passion flower family) In: Smith N., Mori S.A., Henderson A., Stevenson D.W., Held S.V., editors. *Flowering Plants of the Neotropics*. Princeton University Press; Oxford, MS, USA: 2004. 286–287.
- Ferrari, R.A., Colussi, F., Ayub, R.A. (2004) Caracterização de subprodutos da industrialização do maracujá-aproveitamento das sementes. *Revista Brasileira de Fruticultura*. Jaboticabal, 26(1):101-102.

- 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.
- Flora do Brasil. 2020 [em construção]. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/>>. Acesso em 07 março 2018.
- Fonseca, A.F.A., Sedyama, T., Cruz, C.D., Sakiyama, N.S., Ferrão, R.G., Ferrão, M.A.G., Bragança, S.M. (2004) Discriminant analysis for the classification and clustering of robusta coffee genotypes. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4(3): 285-288.
- Franco, J., Crossa, J., Villaseñor, J., Taba, S., Eberhart, S.A. (1998) Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. *Crop Science*, Madison, 38(6):1688-169
- Freire, J.S., Calvacante, L., Rebequi, A.M., Dias, T.J., Brehm, M.A., Santos, J.B. (2014) Quality of yellow passion fruit juice with cultivation using different organic sources and saline water. *Idesia (Arica)*, 32(1):79-87.
- Freitas, J.P.X., Oliveira, E.D., Neto, A.J.C., Santos, L.R. (2011) Avaliação de recursos genéticos de maracujazeiro-amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 46(9):1013-1020.
- Freitas, J.C.O., Viana, A.P., Santos, E.A., Silva, F.H.L., Paiva, C.L., Rodrigues, R., Souza, M.M., Eiras, M. (2015) Genetic basis of the resistance of a passion fruit segregant population to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). *Tropical Plant Pathology*, 40(5):291-297.
- Freitas, J.C.O., Viana, A.P., Santos, E.A., Paiva, C.L., Silva, F.H.L.E., Souza, M.M. (2016) Sour passion breeding: Strategy applied to individual selection in segregation population of *Passiflora* resistant to *Cowpea aphid-borne mosaic viirus* (CABMV). *Scientia horticulturae*, 211:241-247.
- Ganga, R.M.D., Ruggiero, C., Lemos, E.G.M., Grili, G.V.G. (2004). Diversidade genética em maracujazeiro-amarelo utilizando marcadores moleculares AFLP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 26:494-498.

- Gibbs, A., & Ohshima, K. (2010) Potyviruses and the digital revolution. *Annual Review Phytopathology*, 48:205–223.
- Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T., Karasawa, M., Sudré, C.P. (2008) Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, 7(4):1289-1297.
- Gower J.C. (1971). A general coefficient of similarity and some of its properties. *International Biometric Society*, 27(4):857-874.
- Greco, S.M.L., Peixoto, J.R., Ferreira, L.M. (2014) Avaliação física, físico-química e estimativas de parâmetros genéticos de 32 genótipos de maracujazeiro-azedo cultivados no Distrito Federal. *Bioscience Journal*, 30(1):360-370.
- Hair, J.F., Black, W., Babin, B., Anderson, R.E., Tatham, R.L. (2009) *Análise Multivariada de dados*. Editora Bookman, Porto Alegre, 6ª ed. 688p.
- IBGE (2017). Banco de dados agregados: produção agrícola municipal. Sistema IBGE de recuperação automática – SIDRA. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/>> Acessado em 18/10/2017.
- IBGE (2016). Banco de dados agregados: produção agrícola municipal. Sistema IBGE de recuperação automática – SIDRA. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/>> Acessado em 15/10/2017.
- Jesus, O.N., Soares, T.L., Oliveira, E.J., Santos, T.C.P., Farias, D.H., Bruckner, C.H., Novaes, Q.S. (2016) Dissimilarity based on morphological characterization and evaluation of pollen viability and in vitro germination in *Passiflora* hybrids and backcrosses. *Acta Horticulturae*, 29: 401-408.
- Jolliffe, I.T. (1973) Discarding variables in a principal component analysis; II. Real data. *Applied Statistics*, 22(1):21-31.
- Johnson, R.A., Wichern, D. (2007) *Applied Multivariate Statistical Analysis*. 6ª.ed. Prentice-Hall, New Jersey.

- Junqueira, K.P., Junqueira, N.T.V. (2006) Espécies nativas do Cerrado com potencial ornamental. In: Simpósio Internacional de Paisagismo, 3, Lavras, MG. Palestras. Lavras: UFLA, 49-54p.
- Junqueira, N.T.V., Anjos, J.R.N. Dos, Silva, A.P.D.O., Chaves, R.D.C., Gomes, A.C. (2003) 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., 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. (Eds.), *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 647p.
- Junqueira, N.T.V., Veras, M.C.M., Nascimento, A.C., Chaves, R.C., Matos, A.P., Junqueira, K.P. (2001) *Importância da polinização manual para aumentar a produtividade do maracujazeiro*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 18p.
- Kitajima, E.W., Chagas, C.M., Crestani, O.A. (1986) Enfermidades de etiologia viral e associadas a organismos do tipo micoplasma em maracujazeiro no Brasil. *Fitopatologia Brasileira*, 11:409-432.
- Kurosawa, R.N.F., Amaral J.A.T., Silva, F.H.L. Santos, A., Vivas, M., Kamphorst, S.H., Pena G.F. (2017) Multivariate approach in popcorn genotypes using the Ward-MLM strategy: morphoagronomic analysis and incidence of *Fusarium* spp. *Genetics and Molecular Research*, 16(1)
- Lima, A.A.; Cardoso, C.E.L.; Souza, J.S.; Pires, M. M. *Comercialização do maracujazeiro*. Brasília: EMBRAPA-CNPMPF, 2013. (Boletim, 29).
- Lúcio, A.D., Storck, L., Krause, W., Gonçalves, R.Q., Nied, A.H. (2013) Relações entre os caracteres de maracujazeiro-azedo. *Ciência Rural*, 43(2):225-232.
- Machado, C.F., Jesus, F.N., Ledo, C.A.S. (2015) Divergência genética de acessos de maracujá utilizando descritores quantitativos e qualitativos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 37:442-449.

- Maniwaru, P., Nakano, K., Boonyakia, T.D., Ohashi, S., Hiroi, M., To Hyama, T. (2014) The use of visible and near infrared spectroscopy for evaluating passion fruit postharvest quality. NY, *Journal of Food Engineering*, 143(2):33-43.
- Meletti, L.M.M. (2011) Avanços na cultura do maracujá no Brasil. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Volume Especial, 83-91p.
- Meletti, L.M.M., Soares-Scott, M.D., Bernacci, L.C., Passos, I.R.S. (2005) Melhoramento genético do maracujá: passado e futuro. In: Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Braga, M.F. (Eds.) *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 55-78p.
- Melo, C.A.F., Souza, M.M., Viana, A.P., Santos, E.A.; Oliveira, S.V., Corrêa, R.X (2016) Morphological characterization and genetic parameter estimation in backcrossed progenies of *Passiflora* L. for ornamental use. *Scientia Horticulturae*, 212:91-103.
- Melo, C.A.F., Souza, M.M., Sousa, A.G.R., Viana, A.P., Santos, E.A. (2015) Multivariate analysis of backcross progeny of *Passiflora* L. (Passifloraceae) for pre-breeding genotype selection. *Genetics and Molecular Research*, 14(4):15376-15389.
- Mohammadi, S.A., Prasanna, B.M. (2003) Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants - Salient Statistical Tools. *Crop Science*, 43:1235–1248.
- 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):1036–43.
- Nascimento, A.V., Santana, E.N., Braz, A.S., Alfenas, P.F., Pio-Ribeiro, G., Andrade, G.P., de Carvalho, M.G., Zerbini, F.M. (2006). Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) is widespread in passionfruit in Brazil and causes passionfruit woodiness disease. *Archives of virology*, 151(9):1797–809.
- Negreiros, J.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 plântula, SP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30(1):197-201.

Neto, J.M. (2015) *Estatística multivariada: uma visão didática-metodológica*.

Neves, C.G., Jesus, O.N., Ledo, C.A., Oliveira, E.J. (2013) Avaliação agrônômica de parentais e híbridos de maracujazeiro-amarelo. *Revista Brasileira de Fruticultura*. Jaboticabal-SP, 35(1):191-198.

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(1):76-79.

Ocampo J., d'Eeckenbrugge G.C., Jarvis A. (2010) Distribution of the Genus *Passiflora* L. Diversity in Colombia and Its Potential as an Indicator for Biodiversity Management in the Coffee Growing Zone. *Diversity*, 2: 1158-1180.

Oliveira, J.B., Junqueira, N.T.V., Peixoto, J.L., Pereira, A.V. (2002) Efeito dos substratos artificiais no enraizamento e no desenvolvimento de estacas demaracujazeiro-azedo (*P. edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 24(2):505–508.

Oliveira, J.C. de., Nakamura, K., Mauro, A. O., Centurion, M.A.P.C. (1994) Aspectos gerais do melhoramento do maracujazeiro. In: São José, A.R. (Ed.). *Maracujá: produção e mercado*. Vitória da Conquista: UESB. DFZ, 27–37p.

Oliveira, E.J., Dias, N.L.P., Dantas, J.L.L. (2012) Selection of morpho-agronomic descriptors for characterization of papaya cultivars. *Euphytica*, 185(2):253–265.

Oliveira, E.J., Santos, V.S., Lima, D.S., Machado, M.D., Lucena, R.S., Motta, T.B.N. (2011) Estimativas de correlações genotípicas e fenotípicas em germoplasma de maracujazeiro. *Bragantia*, 70(2):255-261.

Oliveira, E.J., Soares, T.L., Barbosa, C.J., Santos-Filho, H.P., Jesus, O.N. (2013) Disease severity from passion fruit to identify sources of resistance in field conditions, SP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35(2):485-492.

- 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.
- Padilla, G., Cartea, M.E., Ordaz, A. (2007) Comparison of Several Clustering Methods in Grouping Kale Landraces. *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 132(3): 387–395.
- Paiva, C.L., Viana, A.P., Santos, E.A., Silva, R.N.O., Oliveira, E.J. (2014) Diversidade genética de espécies do gênero *Passiflora* com o uso da estratégia WARD-MLM, SP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36(2):381-390.
- 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. *Problemas e perspectivas do maracujá ornamental*. In: Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Braga, M.F. (Eds.) (2005) Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 457-463p.
- Pereira, A.V., Vencovsky, R., Cruz, C.D. (1992) Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz.) germplasm, SP. *Revista Brasileira de Genética*, 15(1):115-124.
- Pedrali, L.D., Marchesan, J., Queiroz, T.B., Baldin, T., Sousa, R.S., Batista, F.J., Pereira, R.S. (2016) Comportamento espectral de espécies utilizadas em arborização urbana, RS. *Ecologia e Nutrição Florestal*, 4(1):19-32.
- 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.
- Pinto, F.O., Ramos, H.C.C., Cardoso, D.L., Luz, L. N., Pereira, M.G. (2013) Development of papaya genotypes (*Carica papaya* L.) tolerant to skin freckles, SP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35(4):1101-1115.

- Pires, M.M., São José, A.R., Conceição, A.O (2011) Maracujá: avanços tecnológicos e sustentabilidade. Bahia: *Editus*, 232p.
- R Development Core Team (2011). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org/>.
- Rodrigues, D.L., Viana, A.P., Vieira, H.D., Santos, E.A., Silva, F.H.L., Santos, C.L. (2017) Contribuição de variáveis de produção e de semente para a divergência genética em maracujazeiro-azedo sob diferentes disponibilidades de nutrientes. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 52(8):607-614.
- Rotili, M.C.C.; Coutro, S.; Celant, V.M.; Vorpapel, J.A.; Barp, F.K.; Salibe, A.B. e Braga, G.C. (2013) Composição, atividade antioxidante e qualidade do maracujá- amarelo durante armazenamento. *Semina: Ciências Agrárias*, 34(1):227-240.
- Ruggiero, C., São José, A.R., Volpe, C.A., Oliveira, J.C., Durigan, J.F., Baumgartner, J.G., Silva, J.R., Nakamura, K., Ferreira, M.E., Kavati, R., Pereira, V.P. (1996) *Maracujá para exportação: aspectos técnicos da produção*. (FRUPEX. Publicações Técnicas, 19). Brasília: EMBRAPA-SPI. 64p
- Sánchez-Zapata, E., Fernández-Lopez, J., Peñaranda, M., Fuentes-Zaragoza, E., Sendra, E. (2011). Technological properties of date paste obtained from date by-products and its effect on the quality of a cooked meat product. *Food Research International*, 44, 2401-2407.
- Santos, E.A., Souza, M.M., Abreu, P.P., da Conceição, L.D.H.C.S., Araújo, I.S., Viana, A.P., Almeida, A.A.F., (2012) Confirmation and characterization of interspecific hybrids of *Passiflora* L. (Passifloraceae) for ornamental use. *Euphytica*, 184(3):389–399.
- Santos, E. A., Viana, A. P., Freitas, J. C.O., Silva, F. H. L., Rodrigues, R., & Eiras, M. (2015a). Resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in species and hybrids of *Passiflora*: advances for the control of the passion fruit woodiness disease in Brazil. *European Journal of Plant Pathology*, 143(1):85-98.

- Santos, E.A., Viana, A.P., Oliveira, F.J.C., Rodrigues, D.L., Tavares, R.F., Paiva, C.L., Souza, M.M. (2015b) Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. *Euphytica* (Wageningen), 204:1-11.
- SAS Institute. (2009) *SAS/STAT: User's guide*. Version 9.2. SAS Institute, Cary.
- Silva, F.H.L., Viana, A.P., Ferreira, R.T., Freitas, J.C.O., Santos, J.O., Rodrigues, D. L. (2014) Measurement of genetic diversity in progenies of sour passion fruit by Ward-MLM methodology: a strategy for heterotic group formation. *Revista Ciência e Agrotecnologia*, 38(3):1234–1239.
- Silveira, G.F., Rossi, A.A.B., Varella, T.L., Carvalho, M.L.S., Silva, C.J. (2016) Genetic divergence among *Passiflora cristalina* Vanderpl e Zappi. genotypes based on flower and fruit characteristics. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38(4).
- Singh, D. (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*. 41: 237-245.
- Siqueira, K.M.M., Kill, L.H.P., Martins, C.F., Lemos, I.B., Monteiro, S.P., Feitoza, E. A. (2009) Ecologia da polinização do maracujá-amarelo, na região do Vale do Submédio São Francisco. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 1:1–12.
- Soares-Scott, M.D., Meletti, L.M.M., Recco-Pimentel, S.M. (2003) Meiotic behaviour and pollen fertility in sexual and somatic hybrids of *Passiflora* species. *Caryologia*, Florence, Italy, 56(1):129-138.
- Sokal, R.R., Rohlf, F.J. (1962) The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*. Mainz, 11(1):30-40.
- Sousa, A.G.R., Souza, M.M., Melo, C.A.F., Sodr e, A.G. (2015) ISSR markers in wild species of *Passiflora* L. (Passifloraceae) as an auxiliary tool taxa selection of ornamental breeding. *Genetics and Molecular Research*, 14:18534-18545.
- Sousa, L. B., Silva, E.M., Gomes, R.L.F., Lopes, A.C.A., Silva, I.C.V. (2012) Caracteriza o e diverg ncia gen tica de acessos de *Passiflora edulis* e *P.*

- cincinnata* com base em características físicas e químicas de frutos, SP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34(3): 832-8393.
- Souza, J.M.A., Ataíde, E.M., Silva, M.S. (2014) Qualidade pós-colheita e correlação entre características físicas e químicas de frutos de mamoeiro comercializados em Serra Talhada – PE. *Magistra*, 26(4):554-560.
- Souza, L.S., Junqueira, N.T.V., Lima, C.A., Silva, D.G.P., Faleiro, F.G., Campos Neto, F.C., Bernacci, L.C. (2008) Determinação da compatibilidade genética entre espécies de *Passifloras* visando a obtenção de híbridos resistentes a doença. Anais do IX Simpósio Nacional do Cerrado, Brasília, DF, Brasil.
- Valentin, J. L. (2000) *Ecologia numérica: uma introdução à análise multivariada de dados ecológicos*. Rio de Janeiro: Interciência, 117p.
- Vanderplank, S. (2000) *Passion flowers*. 3ª. ed. Cambridge: Mit Press, 224 p.
- Viana, A.J.C., Souza, M.M., Araújo, I.S., Corrêa, R.X., Ahnert, D. (2010) Genetic diversity in *Passiflora* species determined by morphological and molecular characteristics. *Biologia Plantarum*, 54(3):535–538.
- Viana, A.P., Pereira, T.N.S., Pereira, M.G., Souza, M.M., Aldonado, J.F.M., Amaral Jr, A.T. (2003) Genetic diversity among yellow passion fruit commercial genotypes and among *Passifloras* species using RAPD. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25(3):489-493.
- Viuda-Martos, M., López-Marcos, M.C., Fernández-López, J., Sendra, E., López-Vargas, J.H., Pérez-Álvarez, J.A. (2010). Role of fiber in cardiovascular diseases: A review. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 9:240-258.

ANEXO

Tabela 8. Médias de 24 descritores quantitativos mensurados em 1 genótipo de *P. setacea*, 4 de *P. edulis*, 14 híbridos interespecíficos e 72 RC1 obtidos de cruzamentos entre *Passiflora edulis* x *Passiflora setacea* e retrocruzamento entre híbridos interespecíficos x *Passiflora edulis*. Campos dos Goytacazes, RJ, 2018

Genótipo	AACPD	CFR	LFR	MFR	MPF	ECA	SST	TSE	NSE	DCA	CFO	LFO	CPC	CFL	CPD	CPE	LPE	CSE	LSE	CBC	LBC	DCO	CAN	CFC
P.set.1	386,25	53,91	46,92	50,93	24,76	5,22	14,94	5,40	132,29	27,01	115,62	123,26	51,55	38,04	58,71	32,69	6,46	45,20	4,92	17,58	16,61	36,53	36,81	16,99
P.edu.7	1080,00	73,81	73,62	133,89	57,06	8,41	13,61	5,86	214,13	37,05	112,67	127,06	57,48	45,60	48,27	35,80	11,06	38,13	7,65	25,59	18,48	69,48	21,69	29,89
P.edu.9	1241,25	83,66	71,96	156,93	78,18	8,36	14,53	6,04	216,33	40,04	93,02	96,86	29,90	65,97	71,94	42,78	10,30	47,52	7,99	34,34	28,44	80,74	31,46	35,18
P.edu.10	750,00	87,40	74,18	164,56	83,47	7,81	14,33	6,16	312,80	28,15	125,97	120,73	36,80	44,20	37,92	43,49	13,30	46,20	8,49	27,56	14,16	75,80	22,80	34,48
P.edu.11	862,50	76,41	71,36	153,74	66,74	8,75	14,11	6,14	272,33	41,91	125,30	113,90	43,24	42,66	42,41	40,69	12,38	43,78	7,78	24,08	15,70	71,85	24,23	29,89
H1-15.5	510,00	73,54	59,05	56,22	16,55	7,34	11,63	6,22	51,07	21,90	121,35	144,35	45,01	67,65	82,31	40,62	10,28	45,99	8,08	29,74	20,98	76,34	31,99	33,21
H1-15.8	517,50	78,02	58,31	51,83	21,38	7,93	13,19	6,10	53,30	22,75	113,93	136,94	36,54	62,81	72,18	42,75	10,10	51,14	7,54	30,41	23,23	76,98	31,58	31,30
H1-15.9	506,25	77,97	62,17	68,25	19,64	7,08	12,56	6,22	55,33	33,63	104,96	120,13	36,39	66,76	63,95	43,72	8,61	49,08	8,04	28,13	20,58	81,16	31,74	33,15
H5-1.4	558,75	63,93	53,09	39,81	12,60	6,88	12,48	5,61	42,47	25,72	115,72	128,56	37,50	60,56	65,42	40,81	8,03	44,89	7,33	31,12	19,16	74,85	30,28	32,43
H5-13.1	705,00	72,21	54,89	56,24	21,75	6,35	13,31	6,27	69,20	18,10	106,92	135,14	34,79	49,87	78,58	46,16	11,27	52,65	6,84	31,67	21,75	80,95	32,57	36,14
H5-13.5	641,25	69,04	53,50	50,83	16,87	5,96	12,39	6,05	53,73	19,59	113,37	143,00	35,90	64,47	77,82	43,35	10,35	48,10	8,65	32,87	28,34	77,12	32,21	34,01
H5-13.7	573,75	73,42	57,17	57,26	18,64	6,57	12,45	5,98	60,00	27,27	121,54	128,52	34,12	70,34	90,66	43,77	9,87	49,52	6,00	28,15	14,91	79,64	33,56	36,24
H5-13.11	648,75	75,01	53,64	53,88	18,45	5,79	13,15	6,13	61,47	23,16	132,37	165,19	47,23	60,65	71,59	43,47	11,49	49,57	8,99	26,48	23,89	73,41	32,09	34,04
H5-13.12	611,25	73,30	53,83	52,73	19,48	6,40	12,74	6,27	62,67	24,92	131,12	158,30	51,61	64,62	82,72	43,95	10,90	48,60	9,24	29,45	26,28	80,86	32,23	36,14
H5-14.8	513,75	69,57	55,58	43,77	14,23	6,59	13,33	5,91	51,73	27,28	113,96	124,34	32,12	57,86	64,08	42,51	10,62	47,58	9,44	34,85	27,58	76,62	31,41	33,48
H5-14.12	543,75	72,51	50,54	38,71	11,43	6,31	14,38	6,24	36,00	43,20	131,34	127,05	36,08	65,69	75,99	39,18	8,50	44,37	6,91	28,08	21,17	67,23	29,33	29,88
H5-16.1	532,50	70,53	56,56	49,85	15,13	7,82	12,23	6,04	54,07	23,03	132,91	149,11	51,17	57,54	86,80	44,72	10,95	44,36	7,43	32,05	25,77	79,11	36,92	36,55
H5-16.6	506,25	74,84	55,88	51,90	18,69	6,69	11,48	6,07	52,60	24,17	125,45	145,72	42,30	59,11	71,33	37,30	8,20	42,44	6,78	36,39	25,23	69,33	31,69	31,81
H5-16.9	536,25	69,01	55,84	50,38	15,03	7,60	11,83	5,78	58,80	29,31	102,13	130,92	45,44	64,47	66,46	41,32	10,02	43,25	6,42	30,65	23,50	71,77	31,27	33,00
13	596,25	67,42	59,28	55,83	17,52	6,77	14,05	5,79	61,60	23,27	86,58	96,06	30,98	51,73	34,72	41,22	12,19	46,06	10,97	23,02	22,45	65,76	27,28	25,92
17	442,50	67,65	62,95	84,47	28,93	6,48	14,20	6,06	122,47	27,75	106,67	128,26	29,95	50,38	50,53	38,72	11,97	36,70	9,32	25,03	19,30	70,41	17,88	28,48
22	570,00	68,07	59,17	64,16	24,92	8,79	15,73	5,69	113,87	14,27	94,00	109,28	21,94	43,90	38,01	38,08	10,28	43,87	7,63	23,72	13,09	75,97	29,46	36,34

Tabela 8 - Cont.

Genótipo	AACPD	CFR	LFR	MFR	MPF	ECA	SST	TSE	NSE	DCA	CFO	LFO	CPC	CFL	CPD	CPE	LPE	CSE	LSE	CBC	LBC	DCO	CAN	CFC
29	570,00	63,35	53,31	33,63	6,81	5,19	12,64	5,91	26,53	56,43	98,97	117,61	30,03	57,27	67,45	36,79	12,54	35,04	11,52	22,55	17,55	77,70	15,72	31,41
33	495,00	59,99	55,44	48,57	13,58	9,96	13,51	6,15	48,53	18,64	116,82	129,46	26,73	65,40	48,38	36,61	12,86	35,05	9,62	20,77	10,54	75,79	22,02	31,94
37	1113,75	62,55	54,35	47,27	15,08	7,40	12,08	6,54	55,17	14,58	85,70	123,10	27,02	43,64	35,88	39,27	13,19	42,65	6,99	25,40	19,28	76,06	25,71	35,21
38	828,75	71,18	60,04	66,39	19,00	8,29	12,78	5,76	77,80	32,86	105,20	117,17	25,75	51,77	45,19	43,45	11,11	47,07	6,45	26,49	18,38	72,95	32,04	33,02
46	607,50	78,60	60,22	58,11	9,06	8,63	13,67	6,05	34,47	24,75	98,76	141,43	27,11	46,96	56,69	35,77	13,05	37,46	8,77	22,75	17,01	79,13	17,01	32,13
47	581,25	58,26	47,25	50,31	18,19	7,84	13,61	6,52	87,73	21,84	89,69	113,05	29,37	55,60	64,54	34,83	10,39	33,53	9,17	21,60	18,49	80,34	18,44	32,04
50	828,75	85,39	67,15	93,01	25,74	6,70	10,93	6,08	78,67	31,11	123,56	143,96	38,63	54,71	32,54	38,45	11,99	42,85	8,07	21,27	17,23	67,97	25,53	28,74
65	675,00	79,71	62,18	96,12	37,97	8,18	13,53	5,75	146,67	31,89	107,18	126,32	36,77	43,42	42,33	33,53	12,34	32,37	10,14	19,82	13,88	79,26	13,96	31,73
67	581,25	71,83	61,22	79,02	24,78	7,04	14,39	6,55	85,47	27,91	103,79	120,12	34,16	46,73	62,62	40,32	9,95	41,86	6,82	20,41	12,05	83,09	32,30	36,76
75	570,00	57,07	53,76	51,72	21,13	6,28	12,67	6,49	63,21	19,37	102,72	146,28	35,94	54,61	70,04	38,82	12,50	33,75	9,68	24,23	18,98	86,62	18,45	35,42
79	581,25	57,79	51,87	49,21	15,29	6,19	12,05	6,34	39,09	33,56	99,43	112,79	33,81	66,94	61,46	40,78	12,86	36,30	10,96	25,35	20,14	81,51	19,62	32,57
80	528,75	83,48	59,96	69,07	19,37	8,27	12,09	5,78	59,80	26,92	88,75	114,67	26,09	47,23	41,36	33,29	12,51	33,23	7,90	25,06	17,61	54,98	13,05	22,84
81	765,00	59,69	59,16	62,84	14,70	7,00	11,84	5,74	63,87	27,04	99,55	123,40	34,96	51,99	44,58	35,49	12,65	36,08	8,02	21,31	17,04	76,05	18,79	28,99
85	682,50	76,65	66,05	84,36	41,80	8,89	14,37	5,97	136,27	29,90	99,73	131,55	37,52	57,81	50,02	38,17	11,04	42,91	8,03	22,94	15,58	56,07	26,44	27,47
87	562,50	60,50	55,00	54,25	20,36	6,04	11,51	6,12	61,73	27,39	106,31	129,96	42,12	46,81	71,22	29,02	6,84	28,61	6,92	26,41	13,15	62,84	14,36	26,75
91	450,00	60,52	48,23	35,64	11,80	8,28	11,81	6,07	42,07	19,74	93,58	120,84	28,49	52,47	68,10	37,12	11,37	39,89	8,29	22,07	14,00	78,97	18,20	32,76
94	521,25	58,04	59,77	59,49	22,85	11,03	14,58	6,41	89,73	25,67	115,39	146,49	51,99	47,32	35,45	34,73	12,53	37,41	7,89	24,50	15,86	78,00	34,92	35,35
99	645,00	74,84	64,98	98,99	54,88	8,07	13,56	6,20	158,67	12,76	98,55	121,51	45,22	43,66	47,82	36,15	11,42	37,79	8,30	19,12	11,54	71,20	17,25	29,26
101	753,75	73,82	67,16	76,74	24,48	9,88	13,37	6,24	75,60	27,01	99,05	137,12	33,30	50,13	56,01	42,26	9,73	47,61	5,75	24,61	14,35	82,19	30,70	39,21
109	581,25	69,24	57,05	54,47	18,52	6,96	11,95	5,27	72,62	20,04	80,95	106,99	29,37	52,32	46,70	37,35	10,53	39,65	8,13	24,24	17,00	68,99	18,14	28,72
113	693,75	54,16	49,25	30,31	10,81	7,94	15,01	6,61	39,40	18,14	96,41	122,87	27,92	46,76	52,52	40,63	8,07	43,01	5,59	22,71	13,20	81,59	31,74	36,10
135	813,75	69,08	63,57	73,88	33,63	6,28	12,09	5,58	108,87	15,84	97,90	126,09	29,91	47,98	40,07	33,57	11,25	34,29	9,56	22,50	14,47	68,98	16,71	30,32
137	480,00	54,36	47,87	34,71	17,70	6,86	13,63	6,01	55,07	21,37	115,09	119,46	34,71	45,71	45,97	39,34	7,78	40,60	4,75	18,96	12,51	81,26	31,06	33,72
147	870,00	67,88	50,75	46,61	17,37	7,95	13,29	5,74	63,07	23,55	97,53	122,57	29,59	54,44	55,92	40,86	13,87	42,73	10,11	17,72	12,32	76,28	18,11	31,35
155	750,00	62,31	60,64	68,77	28,64	7,58	15,32	5,74	93,33	34,90	75,58	94,33	17,00	51,66	58,29	35,45	14,71	35,29	10,57	21,41	17,62	74,83	15,41	29,73

Tabela 8 - Cont.

Genótipo	AACPD	CFR	LFR	MFR	MPF	ECA	SST	TSE	NSE	DCA	CFO	LFO	CPC	CFL	CPD	CPE	LPE	CSE	LSE	CBC	LBC	DCO	CAN	CFC
160	566,25	56,22	45,08	34,89	8,88	7,20	14,47	6,33	38,20	21,61	107,83	126,14	29,27	51,65	55,62	40,16	12,10	37,48	8,71	22,26	18,04	75,16	18,54	33,14
161	697,50	56,33	51,12	44,32	8,83	9,12	14,71	6,05	36,07	21,43	110,08	111,36	31,33	54,62	55,22	34,43	10,33	35,26	8,16	21,33	17,26	71,69	18,41	30,59
174	423,75	55,95	50,76	32,50	8,82	5,13	11,41	5,79	35,80	25,63	109,42	103,91	33,12	50,99	38,40	46,47	9,97	51,28	8,54	23,68	17,87	82,54	34,07	35,78
180	693,75	64,27	56,06	61,55	21,23	7,97	13,69	6,28	64,53	18,37	105,78	114,01	32,02	41,09	48,91	37,28	9,85	40,67	7,12	24,30	14,96	71,75	35,30	31,80
193	885,00	65,62	63,23	77,31	30,50	9,99	12,34	5,71	88,87	24,25	61,31	82,12	22,30	50,21	58,21	35,12	13,21	31,91	10,12	24,23	14,62	75,61	18,50	29,64
198	723,75	74,82	59,39	75,17	22,88	9,48	15,04	5,90	73,93	27,79	87,01	121,33	30,07	44,74	48,60	31,31	12,62	34,17	7,55	18,88	10,38	83,06	16,46	33,43
199	532,50	76,87	55,10	83,88	35,41	6,75	13,97	7,32	81,40	23,98	108,18	138,27	34,97	67,21	46,39	43,69	9,63	49,78	5,34	23,56	19,12	79,88	23,55	33,37
200	495,00	74,11	64,77	114,88	54,69	6,74	10,61	6,83	145,93	23,09	117,83	120,54	34,13	43,15	57,71	33,38	13,93	34,27	9,69	21,65	21,20	81,27	14,88	33,44
225	885,00	64,38	60,64	67,79	25,18	6,93	10,85	6,47	86,15	28,18	107,35	146,65	29,52	49,88	38,25	40,64	13,35	43,10	10,87	27,50	21,07	80,55	25,19	34,47
227	693,75	66,19	58,81	59,27	20,22	8,09	11,67	5,60	86,00	18,57	71,17	83,53	27,86	42,59	20,53	33,29	10,69	37,62	7,76	22,01	14,25	63,67	23,51	27,94
246	483,75	58,66	54,46	41,16	13,62	7,96	12,24	6,07	48,33	30,75	96,47	129,21	39,21	56,80	61,50	39,78	9,79	44,07	8,48	22,31	16,63	70,51	26,95	30,87
251	480,00	54,66	49,27	32,33	6,46	10,33	16,19	5,70	40,60	23,35	89,95	97,17	26,44	49,21	53,76	44,32	10,26	47,03	7,09	28,03	16,88	77,07	28,25	33,07
253	701,25	63,60	62,47	65,84	26,58	7,60	12,84	6,02	76,73	24,42	81,45	110,47	30,90	52,40	55,67	40,51	9,83	45,11	7,17	23,34	16,00	72,71	25,07	31,95
254	678,75	60,65	54,28	48,38	12,31	9,16	13,01	5,86	43,00	18,97	96,72	111,17	25,63	55,44	74,99	42,04	8,62	45,11	6,86	23,57	16,58	76,39	25,56	31,85
259	566,25	67,32	66,10	87,62	29,38	13,42	15,75	5,85	129,93	25,09	100,24	126,95	29,52	43,77	45,04	35,55	11,63	38,46	7,68	24,03	16,85	73,27	22,57	30,85
261	1162,50	73,66	63,87	79,19	46,26	8,35	12,79	5,32	182,20	19,30	80,58	103,64	27,63	53,53	56,92	31,70	9,76	35,04	6,63	19,05	12,30	73,40	19,29	33,29
266	611,25	65,58	65,78	82,23	26,09	12,24	14,35	6,61	99,80	22,29	99,24	121,42	26,01	53,72	62,41	39,17	9,51	42,52	7,35	22,24	17,54	72,54	28,90	34,64
268	907,50	68,46	55,61	75,38	38,87	6,50	12,05	6,08	113,80	18,47	73,55	75,17	21,22	50,77	51,75	34,60	10,48	34,28	8,07	21,75	12,06	75,31	19,29	30,33
290	457,50	53,17	50,48	36,43	16,12	7,40	15,90	5,62	59,07	20,59	95,16	105,63	31,78	50,98	62,51	29,17	10,96	28,12	8,77	25,15	14,41	75,55	20,76	31,83
293	427,50	70,47	55,34	65,43	26,87	6,64	15,86	6,41	94,53	30,74	105,11	96,45	26,58	47,20	55,45	39,14	9,15	43,46	5,86	23,26	13,75	71,81	23,14	33,27
317	667,50	65,00	67,20	75,27	26,82	8,49	10,71	6,55	100,80	26,45	130,12	165,15	36,64	49,46	34,45	38,59	11,42	41,20	7,63	23,53	18,26	74,41	21,44	31,82
320	630,00	62,92	59,27	55,09	15,37	7,93	14,25	5,98	54,67	27,57	110,05	132,71	27,05	57,50	68,66	39,54	13,43	40,22	10,58	26,24	19,87	69,94	16,79	28,85
324	517,50	50,93	47,84	22,85	3,34	5,28	11,31	6,04	14,87	20,76	80,87	99,18	27,88	56,21	40,92	38,42	11,34	40,21	9,56	27,99	25,44	74,47	27,10	31,76
335	585,00	69,60	58,16	73,20	37,61	7,33	13,48	5,69	146,36	22,46	98,08	112,67	29,92	50,45	32,75	36,67	9,10	38,96	6,53	22,15	18,22	61,74	26,02	27,27
342	723,75	69,96	62,74	66,20	18,65	5,69	9,64	6,78	51,23	26,64	103,20	126,97	29,00	46,92	39,70	39,97	12,29	42,07	8,27	19,63	15,27	73,82	22,16	29,22

Tabela 8 - Cont.

Genótipo	AACPD	CFR	LFR	MFR	MPF	ECA	SST	TSE	NSE	DCA	CFO	LFO	CPC	CFL	CPD	CPE	LPE	CSE	LSE	CBC	LBC	DCO	CAN	CFC
355	461,25	77,56	63,24	91,77	31,39	9,88	14,49	7,02	74,08	30,28	101,65	120,24	30,78	55,39	48,05	36,40	12,57	38,69	7,16	26,78	16,04	73,21	24,83	30,69
363	540,00	87,09	69,26	108,19	27,18	7,78	12,06	6,63	83,40	48,91	110,73	138,63	46,70	66,04	75,04	46,82	11,35	48,96	7,10	25,94	20,30	84,99	25,65	36,64
386	772,50	56,44	57,55	52,54	19,72	7,28	13,47	6,43	66,73	31,72	111,84	131,28	30,06	46,92	61,71	35,02	12,05	37,85	8,68	31,77	23,61	81,56	23,69	32,89
387	693,75	69,03	60,13	62,54	24,53	6,30	13,41	6,64	81,33	28,33	100,00	120,82	30,51	44,05	56,32	31,07	9,24	35,17	6,84	28,23	22,32	73,59	21,38	30,48
391	667,50	88,91	71,99	178,08	82,21	8,97	16,13	6,13	293,67	40,97	120,10	115,75	29,45	44,79	38,69	41,46	11,99	43,52	8,71	25,57	17,60	78,87	20,80	33,56
399	513,75	56,60	50,49	48,68	20,60	7,45	13,88	5,87	93,53	31,61	110,01	126,41	41,29	49,37	32,82	32,73	8,95	36,07	6,29	16,04	9,85	75,97	23,56	32,87
412	960,00	72,22	64,70	79,40	29,20	8,80	13,88	5,92	107,77	18,55	104,89	133,12	28,73	53,47	41,85	39,85	8,78	42,39	6,42	16,93	13,39	69,04	27,37	28,61
421	551,25	64,16	472,85	46,27	14,39	6,99	14,06	5,95	61,15	33,15	82,20	114,51	31,32	54,71	88,94	41,52	12,91	41,45	9,06	24,97	19,10	69,07	19,73	30,33
448	446,25	65,84	52,59	52,29	16,88	7,82	15,16	5,89	55,00	20,86	84,63	98,94	21,43	54,08	30,05	42,55	9,92	48,00	5,99	13,18	8,98	81,67	29,39	34,24
461	723,75	63,86	65,27	78,69	33,62	7,41	13,82	5,45	142,45	27,65	84,56	111,76	24,40	45,99	23,71	35,93	11,65	39,71	6,65	18,76	17,34	64,98	22,33	26,80
464	480,00	66,27	62,09	77,40	31,64	6,58	14,44	5,95	106,87	28,88	109,37	135,54	28,91	43,25	35,68	37,34	9,05	38,65	7,23	21,16	17,73	63,41	21,29	25,37
484	450,00	52,72	58,74	48,23	13,04	6,85	12,39	5,59	67,80	27,78	74,79	100,04	19,72	61,44	53,28	41,13	10,99	46,26	8,01	25,50	21,72	74,66	29,80	33,20
501	401,25	71,36	53,19	57,73	16,88	9,35	14,03	6,21	51,67	25,98	124,89	158,24	38,12	44,63	30,75	35,59	10,16	39,54	7,75	22,19	12,40	66,65	21,49	31,55
545	615,00	63,11	55,38	63,27	31,90	8,05	12,23	6,19	126,80	21,38	96,98	112,37	29,51	38,82	39,28	39,02	10,04	41,75	7,30	24,08	13,21	79,72	24,48	35,73
553	472,50	49,30	46,07	34,25	14,13	7,55	12,63	6,02	46,40	31,12	113,91	134,81	42,77	47,79	32,00	36,01	8,90	38,97	6,22	18,59	12,80	70,87	27,92	31,67
554	502,50	63,20	56,86	59,50	27,34	6,08	14,12	6,26	85,10	19,60	117,65	121,44	44,59	46,64	53,50	36,92	9,63	39,10	6,11	24,23	18,06	66,53	27,41	30,45
555	596,25	57,66	53,64	57,13	20,71	8,86	16,27	6,64	89,50	31,96	120,40	133,13	33,58	45,63	36,62	34,85	10,19	37,22	7,60	18,76	13,19	68,63	24,18	30,78
586	791,25	67,28	70,15	86,05	31,82	10,04	14,93	5,38	142,00	27,63	104,33	107,76	28,12	42,89	22,22	34,67	9,15	37,77	7,93	22,03	12,76	72,57	20,04	31,15
595	555,00	57,00	56,27	67,78	35,88	7,95	15,59	6,35	119,86	39,62	102,74	124,07	23,34	46,43	62,26	33,49	10,07	31,60	6,26	21,97	13,79	79,94	16,02	37,73