



UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA – UESB
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA,
BIODIVERSIDADE E CONSERVAÇÃO**

**DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS MÍNIMOS PARA A
CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Passiflora cincinnata* Mast *in situ*
E SELEÇÃO GENOTÍPICA INDIVIDUAL VIA REML/BLUP**

JÉSSICA ALVES DUTRA

**Jequié-BA
2018**



JÉSSICA ALVES DUTRA

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

**DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS MÍNIMOS PARA A
CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Passiflora cincinnata* Mast *in situ*
E SELEÇÃO GENOTÍPICA INDIVIDUAL VIA REML/BLUP**



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, para obtenção do título de Mestre em Genética, Biodiversidade e Conservação.

Orientador: Prof. Dr. Antonio Carlos de Oliveira.



Jequié-BA
2018

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

D978d Dutra, Jéssica Alves.

Descritores morfoagronômicos mínimos para a caracterização de genótipos de *Passiflora cincinnata* Mast in situ e seleção genotípica individual via REML/BLUP / Jéssica Alves Dutra.- Jequié, 2018.

60f.

(Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética Biodiversidade e Conservação da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB, sob orientação do Prof. Dr. Antonio Carlos de

Rafaella Cândio Portela de Sousa - CRB 5/1710. Bibliotecária – UESB – Jequié

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA – UESB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA,
BIODIVERSIDADE E CONSERVAÇÃO – PPGGBC

Campus Jequié-BA

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO

Título: Descritores morfoagronômicos mínimos para a caracterização de genótipos de *Passiflora cincinnata* Mast *in situ* e seleção genotípica individual via REML/BLUP.

Autora: Jéssica Alves Dutra

Orientador: Prof. Dr. Antonio Carlos de Oliveira



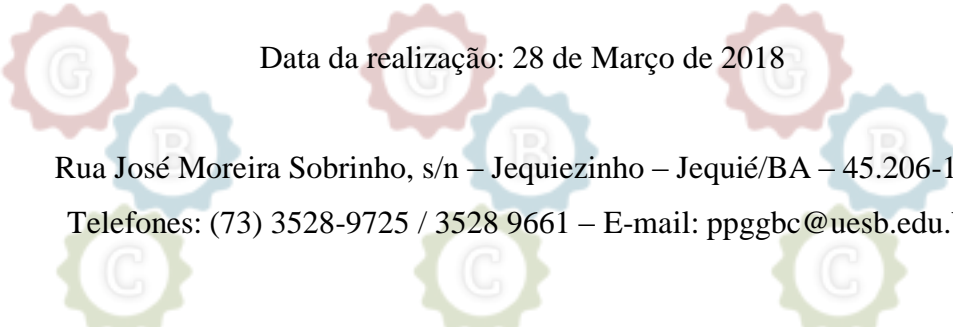
Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM GENÉTICA,
BIODIVERSIDADE E CONSERVAÇÃO pela Banca Examinadora:

Prof. Dr. Antonio Carlos Oliveira – UESB / Vitória da Conquista

Presidente

Prof. Dr. Onildo Nunes de Jesus – EMBRAPA/UFRB / Cruz das Almas-BA

Dr. Rulfe Tavares Ferreira – UFRRJ / Seropédica-RJ



Data da realização: 28 de Março de 2018

Rua José Moreira Sobrinho, s/n – Jequiezinho – Jequié/BA – 45.206-190

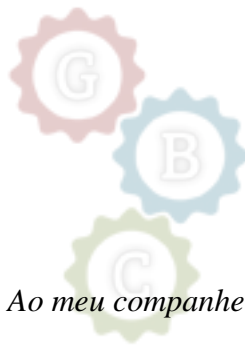
Telefones: (73) 3528-9725 / 3528 9661 – E-mail: ppggbc@uesb.edu.br



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Ao meu companheiro de vida, Henrique Marques, por tudo!

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



AGRADECIMENTOS

Primeiramente ao meu orientador, o professor Dr. Antonio Carlos de Oliveira, gratidão pela paciência, ensinamentos, conselhos e orientação.

À família GenPlanta, Jéssika Layanne, Fabiana Pacheco, Pedro Barros e Bruno Willian, por me ajudarem a executar este trabalho (inclusive nos finais de semana e feriados), serei eternamente grata.

Aos professores e equipe do Programa de Pós-graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação, por tornarem possível este trabalho.

À Antônio Carlos Mota, por ter participado em algumas das etapas deste trabalho, tanto na análise de dados quanto em auxiliou teórico.

Ao Dr. Rulfe Tavares Ferreira, pela oportunidade de ter realizado o curso do software SELEGEN na UFRRJ.

A todos os meus colegas do PPGGBC, em especial a minha amiga Jennifer, gratidão por dividir o apartamento, os momentos bons e as angústias da vida.

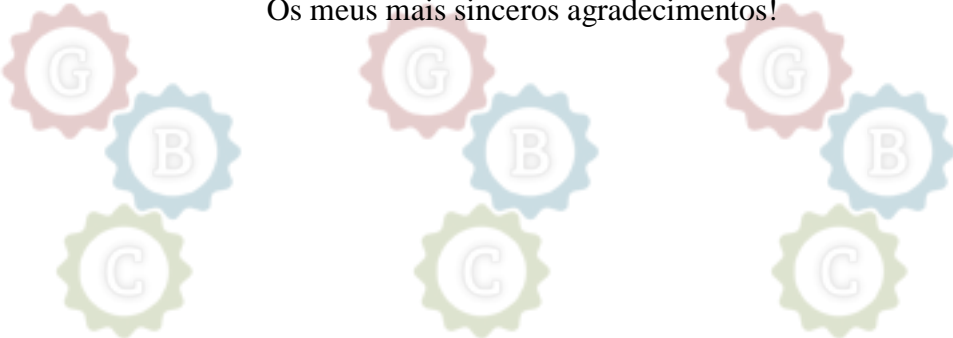
Ao meu noivo, Henrique Marques, gratidão por estar sempre presente e nunca me deixar desistir.

À minha família, gratidão pelo apoio e amor incondicional.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), gratidão pela concessão da bolsa de Mestrado.

À todos aqueles que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

Os meus mais sinceros agradecimentos!





Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



“[...] Somos privilegiados por ter recebido a oportunidade de compreender por que nossos olhos estão abertos, e por que eles veem o que veem, no curto espaço de tempo antes de se fecharem para sempre.”

Richard Dawkins

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



RESUMO

O presente trabalho trata da identificação de descritores morfoagronômicos mínimos e da utilização do REML/BLUP para se estimar parâmetros e valores genotípicos repetidos, estabelecer correlações genéticas entre os caracteres e classificar os melhores indivíduos quanto ao desempenho de crescimentos vegetativo e reprodutivo de genótipos de *Passiflora cincinnata in situ*. Foram utilizados 41 descritores morfoagronômicos quantitativos, divididos entre “Plantas e Folhas”, “Flores” e “Frutos”. Utilizou-se a análise de componentes principais com o objetivo de eliminar descritores que tivessem menor importância no estudo de dissimilaridade multivariada entre genótipos. Foi realizada a formação de grupos por meio do método de agrupamento hierárquico de Ward. Foi estimada a importância dos caracteres por meio da participação dos componentes pelo método de Singh (1981), com o intuito de verificar similaridade entre variáveis de menor participação dos componentes. Para o grupo de descritores “Plantas e Folhas” as características que apresentaram as maiores contribuições relativas foram: largura máxima da folha 76,1% e comprimento da lâmina foliar 17,2%. Para o grupo de descritores “Flores” as características que apresentaram as maiores contribuições relativas foram: comprimento do pedicelo 42,1%, diâmetro da ponta da corona 32,6% e comprimento da pétala 11,8%. Para o grupo de descritores “Frutos” a característica que apresentou a maior contribuição relativa foi: número de sementes por fruto 89,2%. A partir dos resultados obtidos, podemos inferir que dos 41 descritores, apenas 15 se mostraram relevantes para a avaliação da diversidade genética entre os indivíduos da população. Estes descritores foram: acidez titulável, comprimento da bráctea, comprimento da lâmina foliar, comprimento da pétala, comprimento da sépala, comprimento do pedicelo, comprimento dos anéis dos filamentos corona, diâmetro da ponta da corona, diâmetro longitudinal do fruto, largura da sépala, largura máxima da folha, número de frutos, número de sementes por fruto, peso da casca e massa do fruto. As estimativas de repetibilidade individual variaram entre média a alta para nove descritores avaliados, dentre elas, massa do fruto (0,62) massa da polpa (0,59) e produção de polpa (0,46). Obteve-se valores de acurácia alta para diâmetros longitudinal (0,92) e transversal do fruto (0,92), relação entre os diâmetros longitudinal e transversal do fruto (0,90), massa do fruto (0,94) e da polpa (0,94), produção de polpa (0,90), quantidade dos ramos (0,93), comprimento total dos ramos em desenvolvimento (0,91) e quantidade de folhas (0,94). Os dez genótipos que apresentaram melhor desempenho *in situ* foram: 29, 4, 3, 69, 41, 52, 43, 70, 30 e 16, proporcionando ganho de 1056,522% a 418,519% na seleção.

Palavras-chave: agrupamento hierárquico, componentes principais, índice de seleção, melhoramento genético, método de Singh, variabilidade genética.



ABSTRACT

The present work deals with the identification of minimal morphoagronomic descriptors and the use of REML/BLUP to estimate repeated genotypic parameters and values, to establish genetic correlations between the characters and to classify the best individuals regarding the performance of vegetative and reproductive growth of *Passiflora cincinnata* genotypes *in situ*. We used 41 quantitative morphoagronomic descriptors, divided between "Plants and Leaves", "Flowers" and "Fruits". Principal component analysis was used to eliminate descriptors that were less important in the study of multivariate dissimilarity among genotypes. The formation of groups was carried out using Ward's hierarchical grouping method. It was estimated the importance of the characters through the participation of the components by the method of Singh (1981), in order to verify similarity between variables of lower participation of the components. For the group of descriptors "Plants and Leaves" the characteristics that presented the greatest relative contributions were: maximum leaf width 76.1% and leaf blade length 17.2%. For the group of descriptors "Flowers" the characteristics that presented the greatest relative contributions were: length of the pedicel 42.1%, diameter of the crown tip 32.6% and length of the petal 11.8%. For the group of descriptors "Fruits" the characteristic that presented the largest relative contribution was: number of seeds per fruit 89.2%. From the results obtained, we can infer that of the 41 descriptors, only 15 were relevant for the evaluation of the genetic diversity among the individuals of the population. These descriptors were: titratable acidity, bract length, leaf blade length, petal length, sepal length, pedicel length, corona filament ring length, corona tip diameter, fruit longitudinal diameter, sepal width, maximum leaf width, number of fruits, number of seeds per fruit, bark weight and fruit mass. Estimates of individual repeatability ranged from mean to high for nine descriptors, including fruit mass (0.62), pulp mass (0.59) and pulp production (0.46). High accuracy values were obtained for longitudinal (0.92) and transverse (0.92), longitudinal and transverse diameters of fruit (0.90), fruit mass (0.94) and pulp (0.94), pulp production (0.90), number of branches (0.93), total length of branches in development (0.91) and number of leaves (0.94). The ten genotypes that showed the best *in situ* performance were: 29, 4, 3, 69, 41, 52, 43, 70, 30 and 16, giving a gain of 1056,522% to 418,519% in the selection.

Keywords: hierarchical grouping, main components, selection index, genetic improvement, Singh method, genetic variability.



LISTAS DE FIGURAS

- Figura 1** - *Passiflora cincinnata* – a. folhas pentalobadas e ramo em desenvolvimento; b. flor em vista frontal; c. fruto maduro; d. polpa e sementes..... 16
- Figura 1** - Dendrograma do padrão de dissimilaridade obtido pelo método de Ward, com base na distância Euclidiana para maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata*, Mast) utilizando descritores para “Plantas e Folhas” antes (Letra A) e depois (Letra B) do descarte de variáveis..... 35
- Figura 2** - Dendrograma do padrão de dissimilaridade obtido pelo método de Ward, com base na distância Euclidiana para maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata*, Mast) utilizando descritores para “Flores” antes (Letra A) e depois (Letra B) do descarte de variáveis..... 36
- Figura 3** - Dendrograma do padrão de dissimilaridade obtido pelo método de Ward, com base na distância Euclidiana para maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata*, Mast) utilizando descritores para “Frutos” antes (Letra A) e depois (Letra B) do descarte de variáveis..... 37
- Figura 1** - Precipitação pluviométrica e umidade relativa do ar mensal, no município de Vitória da Conquista - BA, no período de setembro de 2017 a janeiro de 2018..... 47
- Figura 2** - Médias mensais de temperatura máxima e mínima, no município de Vitória da Conquista - BA, no período de setembro de 2017 a janeiro de 2018..... 47





LISTAS DE TABELAS

Tabela 1 - Descritores morfoagronômicos quantitativos avaliados em maracujazeiros do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast) agrupados entre as partes da planta	30
Tabela 2 - Coeficientes dos seis Componentes Principais (autovetores) dos descritores morfoagronômicos "Plantas e Folhas".....	32
Tabela 3 - Coeficientes dos quinze Componentes Principais (autovetores) dos descritores morfoagronômicos "Flores".....	32
Tabela 4 - Coeficientes dos dezessete Componentes Principais (autovetores) dos descritores morfoagronômicos "Frutos".....	33
Tabela 5 - Estimativas das variâncias (autovalor) e variância acumulada (%) dos descritores morfoagronômicos mínimos dos grupos “Plantas e Folhas”, “Flores” e “Frutos” obtidos para maracujazeiro do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast).....	34
Tabela 6 - Contribuição relativa dos descritores “Plantas e Folhas”, avaliados em maracujazeiros do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast), pelo método proposto por Singh (1981).....	38
Tabela 7 - Contribuição relativa dos descritores “Flores”, avaliados em maracujazeiros do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast), pelo método proposto por Singh (1981).....	38
Tabela 8 - Contribuição relativa dos descritores “Frutos”, avaliados em maracujazeiros do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast), pelo método proposto por Singh (1981).....	39
Tabela 1 – Resultados médios, estimativas de componentes de variância (REML Individual) e teste da razão de verossimilhança dos descritores avaliados nas plantas de maracujazeiro do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast) <i>in situ</i> com cinco repetições.....	50
Tabela 2 - Coeficientes de correlações genéticas entre pares de descritores avaliados em plantas de maracujazeiros do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast).....	52
Tabela 3 - Predições dos valores genotípicos para os caracteres avaliados em plantas de maracujazeiro do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast).....	54
Tabela 4 - Seleção de indivíduos avaliados pelo Índice Mulamba-Rank, para os descritores avaliados em plantas de maracujazeiro do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast) <i>in situ</i>	56



SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	13
2. REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1 Passifloras no Brasil	15
2.2 <i>Passiflora cincinnata</i>	16
2.3 Variabilidade Genética e Pré-melhoramento	18
2.4 Descritores Morfoagronômicos	19
2.5 Metodologia REML/BLUP	20
3. OBJETIVOS	22
3.1. Objetivo Geral	22
3.2. Objetivos Específicos	22
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	23
CAPÍTULO 1	27
Seleção e descarte de descritores morfoagronômicos de maracujazeiro do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast) <i>in situ</i>	28
CAPÍTULO 2	44
Seleção individual de genótipos de maracujazeiro do mato (<i>Passiflora cincinnata</i> Mast) <i>in situ</i> mediante REML/BLUP	45
5. CONCLUSÕES GERAIS	61

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

1. INTRODUÇÃO

Plantas do gênero *Passiflora* apresentam frutos que são utilizados principalmente para o consumo *in natura* ou processado, quer seja humano, por animais domesticados ou silvestres. Além do uso alimentar, essas espécies apresentam uso medicinal e têm, ainda, elevado potencial ornamental, já que as suas flores apresentam formato exótico e único, diversidade de cores e padrões de desenhos.

O Brasil destaca-se como principal produtor mundial de maracujá, sendo a cultura disseminada em quase todos os Estados do país, ao longo de todo o ano. Em 2016 o país produziu 707.489 t, com um rendimento médio de 14.101 kg ha⁻¹. A Bahia é o estado brasileiro que apresenta a maior produção 342.780 t e uma média de 12.507 kg ha⁻¹.

Espécies silvestres do gênero *Passiflora*, o maior da família Passifloraceae, apresenta grande potencial para utilização em programas de melhoramento genético. Dentre as espécies silvestres do gênero, o maracujazeiro do mato (*Passiflora cincinnata* Mast) é uma importante alternativa em programas de melhoramento genético. Essa espécie é amplamente conhecida por ser resistente a longos períodos de seca, podendo ser utilizada, ainda, como porta enxerto. Além do mais, o maracujazeiro do mato é uma espécie com forte emprego em extrativismo frutícola, quer seja para o seu consumo alimentar *in natura* ou processado, quer pelas suas propriedades medicinais. Isto torna essa espécie de maracujazeiro, nativa da Bahia, uma excelente alternativa para geração de renda de pequenos agricultores.

Contudo, as pesquisas em maracujazeiros do mato que visem à análise, caracterização e seleção de genótipos *in situ* que podem vir a ser usados em programas de melhoramento genético, são escassas.

Por conta disto, a dissertação trata da caracterização e quantificação da variabilidade de genótipos de *Passiflora cincinnata in situ*, mediante emprego de descritores morfoagronômicos mínimos. A produção de uma lista reduzida de descritores morfoagronômicos, alcançada na presente pesquisa, deverá representar um importante instrumento de trabalho a melhoristas, pois o descarte de variáveis redundantes possibilita economia de tempo e recursos em diferentes ações de programas de melhoramento de maracujazeiro do mato, sem que haja perda de informação.

A dissertação também retrata o uso da estratégia de máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada (REML/BLUP) na estimativa de parâmetros e valores genotípicos repetidos a partir de genótipos de *Passiflora cincinnata in situ*, bem como

no estabelecimento de correlações genéticas entre os caracteres e classificação dos melhores indivíduos com base nas características dos frutos e no desempenho vegetativo.

A descrição da estratégia de seleção genotípica individual *in situ* via REML/BLUP, inédita para a espécie, e a disponibilização de sementes de plantas selecionadas para pesquisas futuras, alcançadas pela presente pesquisa, pode constituir em mais uma alternativa de seleção de genótipos por melhoristas, já que aproveita de populações de plantas adaptadas *in situ* para inferir os indivíduos que apresentam melhor capacidade de adaptação ao conjunto de estresse abióticos que ocorrem em ambientes não controlados, à exemplo de estresse hídrico.



2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Passifloras no Brasil

O gênero *Passiflora* é o maior da família Passifloraceae, com cerca de 500 espécies (Cervi, 1997). O Brasil é considerado por diferentes autores como sendo o centro de origem e de diversidade genética (Borges & Lima, 2009; Oliveira *et al.*, 2013).

Apesar da grande variedade de espécies atribuída à família Passifloraceae (Pires *et al.*, 2011), as espécies mais cultivadas no Brasil e no mundo são: maracujazeiro amarelo ou azedo (*Passiflora edulis* Sims.), roxo (*P. edulis* f. *edulis* Sims.) e doce (*P. alata* Curtis) (Junqueira *et al.*, 2006; Pires *et al.*, 2011). Estima-se que, juntos, o maracujazeiro amarelo e o maracujazeiro roxo ocupem mais de 90% da área cultivada no mundo (Junqueira *et al.*, 2006).

O Brasil destaca-se como principal produtor mundial de maracujá. A produção da fruta é disseminada em quase todos os Estados do país, ao longo de todo o ano. Em 2016 o Brasil produziu 707.489 t, com um rendimento médio de 14.101 kg ha⁻¹. O Estado da Bahia apresenta uma produção média de 12.507 kg ha⁻¹ (IBGE, 2016).

Na segunda metade da década de 1970, a produção de maracujá se tornou crescente ano após ano no Brasil. Até então existiam poucos países produtores e a concorrência internacional era praticamente incipiente. Já na década de 1980, surgem novos países produtores, como Colômbia, Equador, Austrália, África do Sul, dentre outros, o que provoca um acirramento da concorrência no mercado internacional (José & Pires, 2011).

O maracujazeiro é cultivado e se desenvolve em diversas classes de solos, desde os arenosos até os franco argilosos (Borges & Lima, 2009). As flores se abrem uma única vez; assim, se não forem fecundadas, murcham e caem. A autoincompatibilidade, em que o pólen de uma determinada flor não fecunda a própria flor ou outra flor de uma mesma planta é um fator importante no processo de polinização. Devido ao tamanho das flores, as mamangavas e abelhas do gênero *Xylocopa*, são os agentes polinizadores eficientes na cultura do maracujazeiro (Costa *et al.*, 2008).

O maracujazeiro tem grande importância no Brasil e é utilizado para diversas finalidades. Os frutos são utilizados principalmente para o consumo *in natura* ou processado sob a forma de suco concentrado, polpa, geleia e néctar (Pires *et al.*, 2011). Os sucos são ricos em sais minerais e vitaminas, sobretudo A e C, e apresentam aroma e sabor bastante agradáveis. O suco, além de ser consumido no mercado interno, é também exportado (Borges & Lima, 2009).

Além do uso alimentar, essas espécies estão associadas ao uso medicinal, outra face interessante da utilidade das passifloras que vêm ganhando atenção da comunidade médica. E também pelo potencial ornamental, pois as suas flores apresentam formato exótico e único, diversidade de cores e padrões de desenhos, além de perfume suave e marcante (Braga *et al.*, 2006).

O Brasil, como centro de diversidade do maracujazeiro, apresenta condições excelentes para o seu cultivo (Borges & Lima, 2009). Dos elementos do clima de maior influência para o crescimento e desenvolvimento das plantas de maracujazeiro estão a umidade do solo, a temperatura, a altitude, a umidade relativa e a luminosidade (Borges & Lima, 2009; Costa *et al.*, 2008).

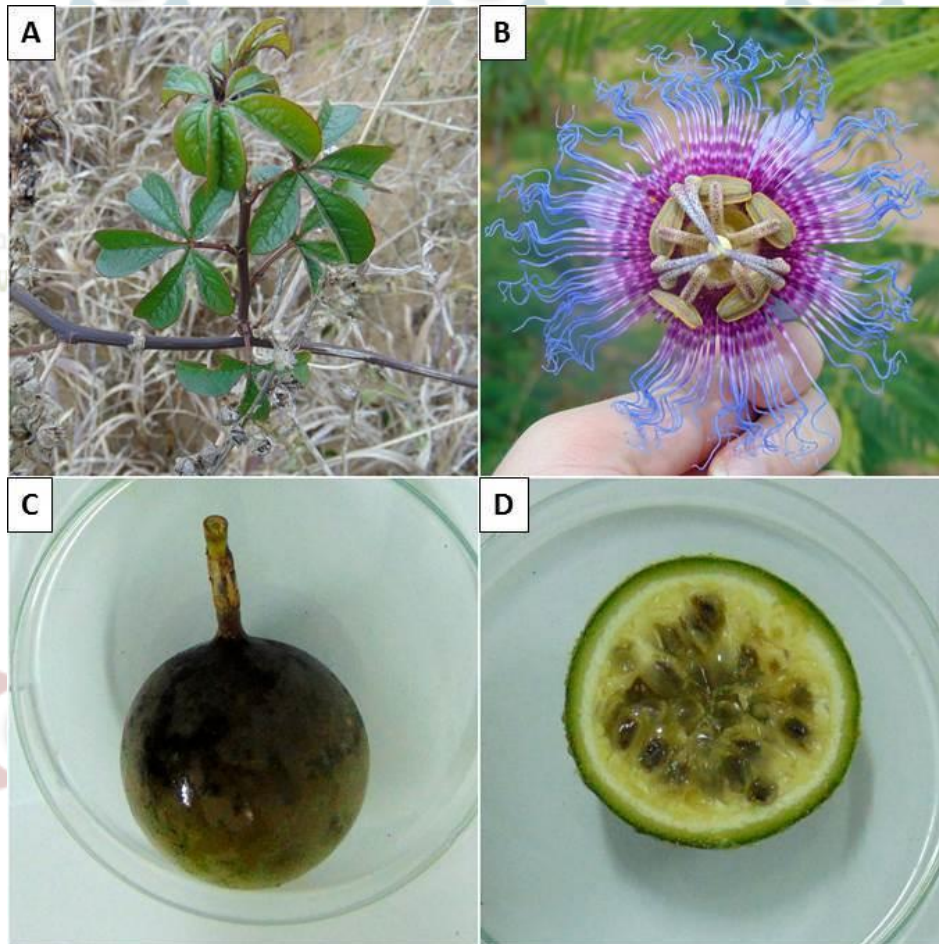
O maracujazeiro é muito exigente quanto às condições hídricas. Uma deficiência hídrica prolongada pode provocar paralisação das atividades vegetativas, atraso no florescimento, queda de flores e de frutos, com redução significativa de produtividade e qualidade de frutos. Em casos mais intensos pode provocar queda de folhas. Excesso de chuvas no período de floração pode provocar rompimento dos grãos de pólen pelo contato com a umidade, reduzindo a formação de frutos (Borges & Lima, 2009; Costa *et al.*, 2008).

As Regiões Semiáridas brasileiras, com fotoperíodo acima de 11 horas de luz dia, associado às altas temperaturas e elevada luminosidade durante todo o ano, permitem florescimento e produção contínuos em todos os meses do ano, desde que haja suprimento adequado de água (Borges & Lima, 2009).

2.2 *Passiflora cincinnata*

Existe uma grande variedade de plantas frutíferas de ocorrência no Bioma Caatinga e/ou adaptadas às condições de sequeiro, de sabores exóticos, que atendam às tendências atuais de consumo de produtos naturais, coleta, caracterização e cultivo em escala comercial dessas fruteiras (Kiill *et al.*, 2008). Dentre as espécies frutícolas silvestres da caatinga que apresentam interesse de extrativismo encontra-se a *Passiflora cincinnata* Mast., conhecida popularmente por maracujá do mato ou ainda maracujá de boi (Nunes & Queiroz, 2006).

A Figura 1, abaixo, retrata diferentes aspectos vegetativos e reprodutivos da planta.



Fonte: Elaborada pela autora.

Figura 2- *Passiflora cincinnata* – a. folhas pentalobadas e ramo em desenvolvimento; b. flor em vista frontal; c. fruto maduro; d. polpa e sementes.

O maracujazeiro do mato é encontrado em abundância nos estados de Goiás, Minas Gerais e Bahia (Pereira *et al.*, 2012). Essa fruteira vem sendo cultivada predominantemente em pequenos pomares, em média de 1,0 a 4,0 hectares, podendo constituir-se numa alternativa de produção e de elevação de renda para pequenos e médios produtores (Borges & Lima, 2009; Lima *et al.*, 2006). Na região Nordeste o maracujá do mato é comercializado na entressafra (Junior *et al.*, 2010; Pereira *et al.*, 2012). Na Bahia é encontrada nos campos rupestres, caatinga, floresta estacional e cerrado. É frequente em locais antropofizados. Floresce e frutifica durante quase todo o ano (Nunes & Queiroz, 2006).

O maracujazeiro do mato apresenta um fruto de sabor apreciado, resistente a longos períodos de estiagem (Pereira *et al.*, 2012). É utilizado como regulador da pressão, como calmante, em casos de quentura, hemorroidas (Silva *et al.*, 2012), inflamações externas e problemas cardíacos (Cordeiro & Félix, 2014). Também utilizado como porta enxerto (Zucareli *et al.*, 2014) e em cruzamentos com espécies comerciais (Araujo *et al.*, 2012).

Os estudos com frutíferas nativas no Semiárido ainda são pouco comuns e, quando existem, quase sempre estão mais voltados para aproveitamento de forma extrativista (Kiill *et al.*, 2008). O maracujazeiro do mato, conforme enfatizado por Pereira *et al.* (2012) precisa deixar de ser explorado apenas de forma extrativista e ocupar áreas de cultivo em escala comercial. Desta forma, é de suma importância desenvolver estratégias de pesquisa relacionadas à realidade dos agricultores de base familiar, visando ao aumento da qualidade e produtividade, com custos de produção reduzidos (Lima *et al.*, 2006).

2.3 Variabilidade Genética e Pré-melhoramento

O principal pré-requisito para dar início a um programa de melhoramento genético de uma determinada espécie vegetal é a caracterização da variabilidade (Faleiro *et al.*, 2006a; Lopes & Carvalho, 2008). A maior concentração de diversidade de germoplasma pode ser encontrada, para a maioria das espécies, em seus centros de diversidade e principalmente nos centros de origem (Lopes & Carvalho, 2008).

A variabilidade genética é fundamental para a identificação de recursos genéticos valiosos. Recursos genéticos vêm a ser a parte da biodiversidade que tem previsão de uso atual ou potencial. Seu emprego em melhoramento genético voltado a geração de variedades mais produtivas, resistente a pragas, com boa qualidade física e química de frutas e adaptação a diferentes regiões e sistemas de produção ou pela exploração de compostos bioativos (Jesus *et al.*, 2017). Recursos genéticos podem constituir desde linhas avançadas, variedades tradicionais, variedades melhoradas e até espécies nativas e silvestres, pois portam genes de grande importância para o melhoramento genético de espécies comerciais afins (Lopes & Carvalho, 2008).

Em linhas gerais, os recursos genéticos são estudados em diversas etapas bem estabelecidas, a saber: coleta ou introdução; multiplicação; conservação; avaliação e caracterização; e uso (Lopes & Carvalho, 2008).

Define-se pré-melhoramento como o processo inicial de coleta ou introdução de germoplasma em programas de melhoramento, tendo em vista a identificação e transferência de caracteres de importância econômica (Lopes & Carvalho, 2008).

Pelo menos duas fases envolve o sucesso do pré-melhoramento – a primeira, o conhecimento de genes ou características potencialmente úteis de espécies silvestres, populações não-melhoradas ou de germoplasma exótico; e a segunda, o seu emprego prático

com a incorporação em materiais-elite agronomicamente adaptados com características comerciais desejáveis. O sucesso do pré-melhoramento é também dependente da integração do mesmo (Faleiro *et al.*, 2008).

As espécies silvestres de maracujazeiros já vêm sendo empregadas em programas de melhoramento genético, ou como porta-enxerto. As espécies silvestres constituem ainda em importantes alternativas para diversificar os sistemas produtivos com novos alimentos funcionais para consumo *in natura* e para o uso como plantas ornamentais e medicinais (Faleiro *et al.*, 2006b). A caracterização de germoplasma vem recebendo atenção especial no que tange a identificação de resistência a doenças e a tolerância a estresses abióticos merece uma atenção especial (Faleiro *et al.*, 2006a).

As espécies selvagens que estão associadas com plantas comercialmente cultivadas constituem exemplo de recursos genéticos que devem ser caracterizados e conservados (Jesus *et al.*, 2017). É sabido que espécies silvestres estão ameaçadas no Semiárido do Nordeste brasileiro, pela fragmentação de habitats que tem ocasionado perda da diversidade genética na região (Araújo *et al.*, 2008). Portanto, esforços de conservação ajudam a apoiar projetos de melhoramento genético, permitindo a troca de germoplasma e a preservação da variabilidade genética (Ferreira *et al.*, 2006).

2.4 Descritores Morfoagronômicos

Descritores são características fisiológicas, bioquímicas, moleculares ou morfológicas herdadas e empregadas na caracterização de coleções de germoplasma e na identificação de determinada cultivar (Machado *et al.*, 2006). Descritores de aspectos morfológicos e agronômicos formam meios importantes para caracterizar e quantificar a variabilidade existente, tornando-se necessários a programas de conservação e de melhoramento genético de plantas, sendo essenciais nos procedimentos de registro e proteção de cultivares (Jesus *et al.*, 2017).

Uma vez produzido o manual de descritores, estes deverão ser aplicados às diversas coleções, obedecendo à mesma metodologia de avaliação (Ferreira *et al.*, 2006).

O gênero *Passiflora* é considerado muito diverso devido sua ampla variabilidade intra e interespecífica mostrando uma variação morfoagronômica extensa. Estudos de caracterização de *Passiflora* estão focados no uso de relatos apresentado na literatura, devido

o fato de até o momento não haver uma padronização e caracterização através da utilização de descritores que tenha sido definida pela Bioversity International (Jesus *et al.*, 2017).

Por falta de uma caracterização precisa dos materiais, apesar do maracujazeiro apresentar uma ampla variabilidade, pouco dos seus recursos têm sido utilizados efetivamente (Jesus *et al.*, 2013). Tendo em vista essa importância, potencial e variabilidade, um manual de descritores morfoagronômicos foi produzido e vindo sendo implementado desde então (Jesus *et al.*, 2015; Jesus *et al.*, 2017).

Desde então, alguns trabalhos foram realizados com o intuito de identificar e descartar descritores morfoagronômicos redundantes. Castro (2012), buscou selecionar e definir descritores mínimos para a caracterização de *Passiflora edulis*. Fonseca (2017), validou descritores mínimos utilizados nos processos de proteção de cultivares de *P. edulis* e outras espécies e híbridos interespecíficos do gênero *Passiflora*. Porém, inexistem trabalhos que visem o descarte de descritores morfoagronômicos redundantes em *Passiflora cincinnata*.

2.5 Metodologia REML/BLUP

Selecionar materiais genéticos *in situ*, a fim de se classificar aqueles superiores não é tarefa fácil. A seleção deve ser baseada em valores genéticos e não fenotípicos, já que são os valores genotípicos que farão a diferença (Borges *et al.*, 2010). Os valores fenotípicos em experimentação *in situ* podem apresentar desbalanceamento de dados, diferentes números de repetições por experimento, diferentes delineamentos experimentais, não avaliação de todas as combinações genótipos-ambiente, dentre outros (Resende, 2004).

Para contornar estes problemas e aumentar a acurácia dos dados, deve-se adotar o método que contém efeitos fixos além da média geral e efeitos aleatórios além do erro como, por exemplo, o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada). O BLUP é o procedimento ótimo que indica os valores genéticos e o REML é o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância (Resende, 2004). Essa estratégia permite a estimação de diversos parâmetros genéticos, dentre os quais os mais importantes são a herdabilidade e a repetibilidade (Bruna *et al.*, 2012).

A estimativa de máxima verossimilhança foi iniciada por Anderson e Bancroft (1952) e Thompson (1962) para dados balanceados que não incluíam a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos do modelo de análise (Verdoorn, 1988). Então em

1971 Patterson e Thompson realizaram modificações no método, resultando na metodologia conhecida como REML (Falcão *et al.*, 2009). O REML fornece estimativas que são livres do viés inerente dos quadrados mínimos ou métodos similares, ao se estimar os parâmetros da população (Gianola & Hammond, 1990).

O BLUP foi desenvolvido por Henderson em 1949 para permitir a predição de valores de grandes conjuntos de dados (Stringer, 1996), pelo qual efeitos fixos e valores de reprodução podem ser estimados simultaneamente (Mrode, 2014). Este procedimento representou uma importante contribuição para a teoria dos componentes de variância (Verdoorn, 1988).

As principais vantagens práticas do REML/BLUP são o de permitir comparar indivíduos ou variedades através do tempo e espaço; permitir a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; com estruturas complexas de dados; ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais (Resende, 2004).

Em passifloras, emprego da estratégia de REML/BLUP em experimentos com balanceamento de dados, com número igual de repetições por experimento é relatado na literatura. Ferreira *et al.* (2016), utilizaram o procedimento REML/BLUP em uma população de *Passiflora edulis* sob seleção recorrente intrapopulacional, para estimar parâmetros e valores genotípicos em nível de progênie. Experimentos baseados somente com repetições de observações dos mesmos indivíduos e avaliados sob REML/BLUP já foram descritas para passifloras. Assunção *et al.* (2015), realizaram a estimativa de ganho de seleção de plantas individuais de *P. edulis* quanto à qualidade de frutos. No entanto, a metodologia REML/BLUP nunca foi utilizada para a seleção de genótipos em *Passiflora cincinnata* ou *in situ*.



3. OBJETIVOS

3.1. Objetivo Geral

O objetivo geral deste trabalho foi seleção e descartes de descritores morfoagronômicos, e a utilização do REML/BLUP para de estimar parâmetros e valores genotípicos repetidos.

3.2. Objetivos Específicos

Avaliar genótipos de *Passiflora cincinnata*, utilizando descritores morfoagronômicos; identificar e descartar variáveis redundantes; aplicar a metodologia REML/BLUP; estabelecer correlações genéticas entre os caracteres; e classificar os melhores indivíduos com base nas características dos genótipos de *Passiflora cincinnata in situ*.

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, FPD.; MELO, NF.; FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV.; QUEIROZ, MA. & VALERIANO, JC. 2012. Determinação da compatibilidade genética na obtenção de híbridos interespecíficos de maracujazeiro. In: XXII Congresso Brasileiro de Fruticultura, Bento Gonçalves, Brasil. p. 4629–4632.

ARAÚJO, FPD.; SILVA, ND. & QUEIROZ, MAD. 2008. Divergência genética entre genótipos de *Passiflora cincinnata* Mast com base em descritores morfoagronômicos. Revista Brasileira de Fruticultura, vol. 30, no. 3, p. 723–730.

ASSUNÇÃO, MP.; KRAUSE, W.; DALLACORT, R.; SANTOS, PRJ. & NEVES, LG. 2015. Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP. Revista Caatinga, vol. 28, no. 2, p. 57-63.

BORGES, AL. & LIMA, AA. 2009. Maracujazeiro. In: CRISÓSTOMO, LA. & NAUMOV, A. Adubando para alta produtividade e qualidade: fruteiras tropicais do Brasil. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, p. 166-180.

BORGES, V.; FERREIRA, PV.; SOARES, L.; SANTOS, GM. & SANTOS, AMM. 2010. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. Acta Scientiarum. Agronomy, vol. 32, no. 4, p. 643-649.

BRAGA, MF.; SILVA, JR.; RUGGIERO, C.; BARROS, AM.; VASCONCELOS, MAS.; BATISTA, AD.; DUTRA, GAP. & PEIXOTO, M. 2006. Demandas para as Pesquisas Visando à Exploração Diversificada. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: Demandas para a pesquisa. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 37-40.

BRUNA, ED.; MORETO, AL. & DALBÓ, MA. 2012. Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina. Revista Brasileira de Fruticultura, vol. 34, no. 1, p. 206–215.

CASTRO, JA. 2012. Conservação dos recursos genéticos de *Passiflora* e seleção de descritores mínimos para caracterização de maracujazeiro. Cruz das Almas: Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Dissertação de Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais. 84 p.

CERVI, AC. 1997. Passifloraceae do Brasil. Estudo do gênero *Passiflora* L., subgênero. Madri: FONTQUERIA XLV. 95 p.

CORDEIRO, JMP. & FÉLIX, LP. 2014. Conhecimento botânico medicinal sobre espécies vegetais nativas da caatinga e plantas espontâneas no agreste da Paraíba, Brasil. Revista Brasileira de Plantas Mediciniais, vol. 16, no. 3, p. 685–692.

COSTA, AFS.; COSTA, ANC.; VENTURA, JA.; FANTON, CJ.; LIMA, IM.; CAETANO, LCS. & SANTANA, EN. 2008. Recomendações técnicas para o cultivo do maracujazeiro. Vitória: Incaper. 56 p.

FALCÃO, AJS.; MARTINS, EN.; COSTA, CN. & MAZUCHELI, J. 2009. Efeitos do número de animais na matriz de parentesco sobre as estimativas de componentes de variância

para produção de leite usando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e Bayesiano. *Revista Brasileira de Zootecnia*, vol. 38, no. 8, p. 1478–1487.

FALEIRO, FG.; PEIXOTO, JR.; VIANA, AP.; BRUCKNER, CH.; LARANJEIRA, FF.; DAMASCENO, F.; MELETTI, LMM.; CONSOLI, L.; SOUSA, MAF.; SILVA, MS.; PEREIRA, MG.; STENZEL, N & SHARMA, RD. 2006a. Demandas para as Pesquisas Relacionadas ao Melhoramento Genético. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: demandas para a pesquisa. Planaltina: Embrapa Cerrados. p. 27-34.

FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. 2006b. Importância e Avanços do Pré-melhoramento de *Passiflora*. In: LOPES, MA.; FÁVERO, AP.; FERREIRA, MAJF. & FALEIRO, FG. Curso Internacional de Pré-melhoramento de Plantas. Brasília: Embrapa. p. 138-141.

FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV.; FÁVERO, AP. & LOPES, MA. 2008. Pré-melhoramento de Plantas: experiências de sucesso. In: FALEIRO, FG.; NETO, ALF. & JUNIOR, WQR. Pré-melhoramento, melhoramento e pós-melhoramento: estratégias e desafios. Planaltina: Embrapa Cerrados. p. 45–63.

FERREIRA, FR.; JUNQUEIRA, NTV.; SOARES-SCOTT, MD.; PASSOS, IRS. & SANTOS, I. 2006. Demandas para as Pesquisas em Recursos Genéticos. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: demandas para a pesquisa. Planaltina: Embrapa Cerrados. p. 19-24.

FERREIRA, RT.; VIANA, AP.; SILVA, FHL.; SANTOS, EA. & SANTOS, JO. 2016. Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, vol.38, no. 1, p. 158-166.

FONSECA, KG. 2017. Validação de descritores, caracterização e diversidade genética de cultivares de espécies comerciais e silvestres de maracujazeiro. Brasília: Universidade de Brasília. Tese de Doutorado em Agronomia. 195 p.

GIANOLA, D. & HAMMOND, K. 1990. *Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock*. 1ª ed. Berlin: Springer-Verlag. 534 p.

IBGE. Área destinada à colheita, área colhida, quantidade produzida, rendimento médio e valor da produção das lavouras permanentes. 2016. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1613>>. Acesso em 15 de março de 2018.

JESUS, ON.; MACHADO, CF.; SOARES, TL.; JUNGHANS, TG.; OLIVEIRA, EJ. & FALEIRO, FG. 2013. Recursos genéticos de *Passiflora* em Embrapa Mandioca e Fruticultura. In: Congresso Latinoamericano de *Passiflora*, Neiva, Colombia. p. 24-25.

JESUS, ON.; OLIVEIRA, EJ.; SOARES, TL. & FALEIRO, FG. 2015. Aplicadores de descritores morfoagronômicos utilizados em ensaios de DHE de cultivares de maracujazeiro-doce, ornamental, medicinal, incluindo espécies silvestres e híbridos interespecíficos (*Passiflora* spp.). Brasília: Embrapa. 47 p.

JESUS, ON.; OLIVEIRA, EJ.; FALEIRO, FG.; SOARES, TL. & GIRARDI, EA. 2017. Illustrated morpho-agronomic descriptors for *Passiflora* spp. Brasília: Embrapa. 126 p.

JOSÉ, ARS. & PIRES, MM. 2011. Aspectos gerais da cultura do maracujá no Brasil. In: PIRES, MM.; JOSÉ, ARS. & CONCEIÇÃO, AO. Maracujá: avanços tecnológicos e sustentabilidade. Ilhéus: Editus. p. 13-20.

JUNIOR, MXO.; JOSÉ, ARS.; REBOUÇAS, TNH.; MORAIS, OM. & DOURADO, FWN. 2010. Superação de dormência de maracujá-do-mato (*Passiflora cincinnata* MAST.). Revista Brasileira de Fruticultura, vol. 32, no. 2, p. 584–590.

JUNQUEIRA, NTV.; FALEIRO, FG.; BRAGA, MF. & PEIXOTO, JR. 2006. Uso de Espécies Silvestres de Passifloras no Pré-melhoramento do Maracujazeiro. In: LOPES, MA.; FÁVERO, AP.; FERREIRA, MAJF. & FALEIRO, FG. Curso Internacional de Pré-melhoramento de Plantas. Brasília: Embrapa, p. 133-137.

KIILL, LHP.; ALVAREZ, IA.; RESENDE, GM.; YANO-MELO, AM.; ARAÚJO, FP. & OLIVEIRA, AR. 2008. Flora, fauna e microrganismos. In: ALBUQUERQUE, ACS. & SILVA, AG. Agricultura tropical: quatro décadas de inovações tecnológicas, institucionais e políticas. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. p. 431-452.

LIMA, AA.; VERZIGNASSI, JR.; ATAÍDE, EM.; OLIVEIRA, HJ. & RONCATTO, G. 2006. Demandas para as Pesquisas Relacionadas aos Aspectos Fitotécnicos. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: demandas para a pesquisa. Planaltina: Embrapa Cerrados. p. 43-48.

LOPES, JF. & CARVALHO, SIC. 2008. A Variabilidade Genética e o Pré-melhoramento. In: FALEIRO, FG.; NETO, ALF. & JUNIOR, WQR. Pré-melhoramento, melhoramento e pós-melhoramento: estratégias e desafios. Planaltina: Embrapa Cerrados. p. 65-74.

MACHADO, VLS.; GRILLI, GVG.; FERREIRA, FR.; JUNQUEIRA, NTV.; FALEIRO, FG.; BERNACCI, LC.; CERVI, AC. & RUGGIERO, C. 2006. Estado Atual e Perspectivas para a Obtenção dos Descritores do Maracujazeiro. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: demandas para a pesquisa. Planaltina: Embrapa Cerrados. p. 51-54.

MRODE, RA. 2014. Linear models for the prediction of animal breeding values. 3^a ed. Londres: CABI. 360 p.

NUNES, TS. & QUEIROZ, LP. 2006. Flora da Bahia: Passifloraceae. Sitientibus Série Ciências Biológicas, vol. 6, no. 3, p. 194–226.

OLIVEIRA, EJD.; SOARES, TL.; BARBOSA, CJ.; SANTOS-FILHO, HP. & JESUS, ON. 2013. Severidade de doenças em maracujazeiro para identificação de fontes de resistência em condições de campo. Revista Brasileira de Fruticultura, vol. 35, no. 2, p. 485–492.

PEREIRA, JS.; TELES, VO.; SILVA, JMF. & PARENTE, JD. 2012. Avaliação do crescimento do caule do maracujá-do-mato (*Passiflora cincinnata* Mast.) através de três formas de manejo. In: IV Encontro Universitário da UFC no Cariri, Juazeiro do Norte, Brasil. p. 1-5.

PIRES, MM.; GOMES, AS.; MIDDLEJ, MMBC.; JOSÉ, ARS.; ROSADO, PL. & PASSOS, HDB. 2011. Caracterização do mercado de maracujá. In: PIRES, M M.; JOSÉ, ARS. & CONCEIÇÃO, AO. Maracujá: avanços tecnológicos e sustentabilidade. Ilhéus: Editus. p. 21-68.

RESENDE, MDV. 2004. Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo. Colombo: Embrapa Florestas. 57 p.

SILVA, NCBD.; REGIS, ACD.; ESQUIBEL, MA.; SANTOS, JES. & ALMEIDA, MZ. 2012. Uso de plantas medicinais na comunidade quilombola da Barra II – Bahia, Brasil. Boletín Latinoamericano y del Caribe de Plantas Medicinales y Aromáticas, vol. 11, no. 5, p. 435–453.

STRINGER, JK. 1996. Evaluation of methods of estimating breeding value of sugarcane parental clones: SRDC final project report BS75S. Australia: Sugar Research and Development Corporation. 51 p.

VERDOOREN, LR. 1988. Statistical inference on variance components. Guéldria: Wageningen Agricultural University. PH.D. Tese. 232 p.

ZUCARELI, V.; ONO, EO.; BOARO, CSF. & BRAMBILLA, WP. 2014. Desenvolvimento inicial de maracujazeiros (*Passiflora edulis f. flavicarpa*, *P. edulis f. edulis* e *P. alata*) enxertados sobre *Passiflora cincinnata*. Semina: Ciências Agrárias, vol. 35, no. 5, p. 2325–2339.



CAPÍTULO 1

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

**Seleção e descarte de descritores morfoagronômicos de maracujazeiro do mato
(*Passiflora cincinnata* Mast) *in situ***

Selection and disposal of morphagonomic descriptors of passion fruit (*Passiflora cincinnata* Mast) *in situ*

RESUMO

O presente trabalho trata da identificação de descritores morfoagronômicos mínimos em genótipos de *Passiflora cincinnata in situ*. Foram utilizados 41 descritores morfoagronômicos quantitativos, divididos entre “Plantas e Folhas”, “Flores” e “Frutos”. Utilizou-se a análise de componentes principais com o objetivo de eliminar descritores que tivessem menor importância no estudo de dissimilaridade multivariada entre genótipos. Foi realizada a formação de grupos por meio do método de agrupamento hierárquico de Ward. Foi estimada a importância dos caracteres por meio da participação dos componentes pelo método de Singh (1981), com o intuito de verificar similaridade entre variáveis de menor participação dos componentes. Para o grupo de descritores “Plantas e Folhas” as características que apresentaram as maiores contribuições relativas foram: largura máxima da folha 76,1% e comprimento da lâmina foliar 17,2%. Para o grupo de descritores “Flores” as características que apresentaram as maiores contribuições relativas foram: comprimento do pedicelo 42,1%, diâmetro da ponta da coroa 32,6% e comprimento da pétala 11,8%. Para o grupo de descritores “Frutos” a característica que apresentou a maior contribuição relativa foi: número de sementes por fruto 89,2%. A partir dos resultados obtidos, podemos inferir que dos 41 descritores, apenas 15 se mostraram relevantes para a avaliação da diversidade genética entre os indivíduos da população. Estes descritores foram: acidez titulável, comprimento da bráctea, comprimento da lâmina foliar, comprimento da pétala, comprimento da sépala, comprimento do pedicelo, comprimento dos anéis dos filamentos coroa, diâmetro da ponta da coroa, diâmetro longitudinal do fruto, largura da sépala, largura máxima da folha, número de frutos, número de sementes por fruto, peso da casca e massa do fruto.

Palavras-chave: Componentes principais, agrupamento hierárquico, método de Singh.

ABSTRACT

The present work deals with the identification of minimal morphoagronomic descriptors in *Passiflora cincinnata* genotypes *in situ*. We used 41 quantitative morphoagronomic

descriptors, divided between "Plants and Leaves", "Flowers" and "Fruits". Principal component analysis was used to eliminate descriptors that were less important in the study of multivariate dissimilarity among genotypes. The formation of groups was carried out using Ward's hierarchical grouping method. It was estimated the importance of the characters through the participation of the components by the method of Singh (1981), in order to verify similarity between variables of lower participation of the components. For the group of descriptors "Plants and Leaves" the characteristics that presented the greatest relative contributions were: maximum leaf width 76.1% and leaf blade length 17.2%. For the group of descriptors "Flowers" the characteristics that presented the greatest relative contributions were: length of the pedicel 42.1%, diameter of the crown tip 32.6% and length of the petal 11.8%. For the group of descriptors "Fruits" the characteristic that presented the largest relative contribution was: number of seeds per fruit 89.2%. From the results obtained, we can infer that of the 41 descriptors, only 15 were relevant for the evaluation of the genetic diversity among the individuals of the population. These descriptors were: titratable acidity, bract length, leaf blade length, petal length, sepal length, pedicel length, corona filament ring length, corona tip diameter, fruit longitudinal diameter, sepal width, maximum leaf width, number of fruits, number of seeds per fruit, bark weight and fruit weight.

Key words: Principal components, hierarchical grouping, Singh method.

INTRODUÇÃO

Existe uma grande variedade de plantas frutíferas de ocorrência no Bioma Caatinga e/ou adaptadas às condições de sequeiro, de sabores exóticos, que atendam às tendências atuais de consumo de produtos naturais, o que reforça as iniciativas de coleta, caracterização e cultivo em escala comercial dessas fruteiras (Kiill *et al.*, 2008). Existem por volta de apenas 70 espécies de passiflora efetivamente comestíveis (Cunha *et al.*, 2002). Dentre elas, destaca-se o maracujazeiro do mato (*Passiflora cincinnata* Mast), conhecida popularmente por maracujá do mato ou ainda maracujá de boi (Nunes & Queiroz, 2006). Dentre de populações de maracujazeiros do mato, têm-se plantas vigorosas, muito diversas, apresentando variação no colorido da flor, tamanho dos frutos, cor e gosto do suco (Oliveira & Ruggiero, 2005).

Essa espécie passiflora silvestre apresenta forte emprego em extrativismo frutícola, que gera emprego e renda sazonais no campo (Junior *et al.*, 2010; Pereira *et al.*, 2012) e se caracteriza pela sua resistência a longos períodos de seca (Pereira *et al.*, 2012). Esta

característica, aliada a rusticidade geral em condições de campo, poderiam ser incorporadas ao maracujazeiro comercial (Junqueira *et al.*, 2005).

O principal pré-requisito para dar início a um programa de melhoramento genético de uma determinada espécie vegetal é a caracterização da variabilidade genética (Faleiro *et al.*, 2006a; Lopes & Carvalho, 2008). Isso pode se dar mediante emprego de descritores fisiológicos, bioquímicos, moleculares ou morfológicos herdados geneticamente (Machado *et al.*, 2006).

Os descritores morfoagronômicos mostram-se importantes para programas de conservação, uso de germoplasma, melhoramento genético das plantas, registro e proteção de cultivares, além de ser um meio valioso de caracterização de plantas e espécies do gênero *Passiflora* e quantificação da variabilidade existente (Jesus *et al.*, 2017). A caracterização e quantificação da variabilidade genética desta espécie de maracujazeiro, mediante emprego de descritores morfoagronômicos não contam com estudos *in situ*.

A caracterização de passifloras fazendo uso de descritores morfoagronômicos não vem sendo acompanhada com a descrição de descritores mínimos. A importância de se identificar, dentre os descritores, aqueles 'mínimos' se deve a demanda de se identificar quais são necessárias e quais podem ser descartadas (Beale *et al.*, 1967). O descarte de variáveis é fundamental, pois podem existir variáveis que não fornecem informações extras, além de reduzir os custos e o tempo em futuras análises, visto que será necessário medir menos variáveis (Jolliffe, 1972).

A avaliação de genótipos desta espécie de maracujazeiro, mediante emprego de descritores morfoagronômicos, visando se identificar, dentre os descritores, variáveis redundantes não contam com estudos *in situ*.

O presente trabalho trata da identificação de descritores morfoagronômicos mínimos em genótipos de *Passiflora cincinnata in situ*.

MATERIAL E MÉTODOS

Material genético vegetal. Foram amostrados 53 indivíduos de maracujazeiro do mato (*P. cincinnata*), sob condições não irrigadas *in situ*, em uma estrada vicinal, de cerca de 50 km, que liga os municípios de Vitória da Conquista e Belo Campo, ambos localizados no estado da Bahia, situado a uma altitude de 840 a 892m acima do nível do mar, com latitude entre 14 ° 95 ' 38,7'S e 15 ° 01 ' 59,6'S, longitude entre 40 ° 97 ' 97,8'W e 41 ° 17 ' 21,1'W, clima do

tipo Cwa (tropical de altitude), com precipitação pluviométrica média anual de 712 mm (CLIMATE-DATA.ORG, 2018).

A área onde ocorreram as coletas foi determinada através de viagens prospectivas e também mediante contatos com moradores da região que trabalham com o extrativismo frutícola de maracujá do mato e cuja comercialização se dá na Central de Abastecimento de Vitória da Conquista (CEASA).

Para definir quais plantas fariam parte da pesquisa, na área onde ocorreram as coletas, foi delimitado um perímetro de no mínimo de 30m entre cada planta selecionada. Evitando assim, selecionar plantas que se encontravam muito próximas.

Descritores morfoagronômicos. Foram utilizados 41 descritores morfoagronômicos quantitativos (Tabela 1), divididos entre “Plantas e Folhas”, “Flores” e “Frutos” descritos por Jesus *et al.* (2017). Para avaliar todas as características foi necessário ir ao campo duas vezes, uma no mês de setembro e outra no mês de novembro do ano de 2017. Na primeira ida ao campo foram selecionadas todas as plantas que apresentavam frutos maduros e na segunda ida ao campo foram selecionadas todas as plantas que apresentavam flores completamente abertas. Sendo assim, nem todos os descritores foram avaliados para os mesmos genótipos.

Tabela 1 - Descritores morfoagronômicos quantitativos avaliados em maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata* Mast) agrupados entre as partes da planta.

DESCRITORES DAS PLANTAS E FOLHAS			
CLF	Comprimento da lâmina foliar	NFR	Número de frutos
CPE	Comprimento do pecíolo	NNE	Número de nectários foliares
LMF	Largura máxima da folha	NNP	Número de nectários no pecíolo
DESCRITORES DAS FLORES			
CAFC	Comprimento dos anéis dos filamentos corona	DOV	Diâmetro do ovário
CANG	Comprimento do androginóforo	DTC	Diâmetro da ponta da corona
CANT	Comprimento da antera	IDCC	Diâmetro interno da cavidade corona
CBR	Comprimento da bráctea	LANT	Largura da antera
COV	Comprimento do ovário	LSE	Largura da sépala
CPED	Comprimento do pedicelo	NAC	Número de anéis coloridos nos filamentos corona
CPET	Comprimento da pétala	NFN	Número de flores por nó
CSE	Comprimento da sépala	NNB	Número de nectários na bráctea
DECC	Diâmetro externo da cavidade corona	NNS	Número de nectários na sépala
DESCRITORES DOS FRUTOS			
DLF	Diâmetro longitudinal do fruto	PESE	Peso da semente
DLS	Diâmetro longitudinal das sementes	pH	Potencial hidrogeniônico
DTF	Diâmetro transversal do fruto	PP	Peso de polpa
DTS	Diâmetro transversal das sementes	PRP	Produção de polpa
ESC	Espessura da casca	RLT	Relação do diâmetro longitudinal e transversal do fruto
ESSE	Espessura da semente	SS	Sólidos solúveis
MF	Massa do fruto	SS/TA	Ratio
NSF	Número de sementes por fruto	TA	Acidez titulável
PCAS	Peso da casca		

Métodos e análises. Para cada grupo de descritores, a diversidade genética entre genótipos foi avaliada pela formação de grupos por meio do método de agrupamento hierárquico de Ward (Ward, 1963), tendo a distância euclidiana como medida de dissimilaridade. Com o mesmo grupo de descritores, utilizou-se a análise de componentes principais (ACP) com o objetivo de eliminar descritores que tem menor importância no estudo de dissimilaridade multivariada entre genótipos, tendo como critério principal a manutenção de descritores com maior autovetor nos primeiros componentes e a retirada de descritores com maior autovetor nos componentes finais, até que os dois primeiros componentes principais explicassem ao menos 70% da variação dos dados. Após descarte de variáveis, realizou-se novas ACPs e de agrupamento hierárquico com o objetivo de avaliar graficamente a manutenção dos grupos de genótipos obtidos.

Adicionalmente, foi estimada a importância relativa dos caracteres por meio da participação dos componentes da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), relativos a cada característica, no total da dissimilaridade observada (Singh, 1981). Essa metodologia foi empregada com o intuito de verificar similaridade entre variáveis de menor participação dos componentes D^2 e as variáveis descartadas pela análise de componentes principais. As análises foram realizadas com o auxílio do *software* R (R Core Team, 2014).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para o conjunto de descritores denominados “Plantas e Folhas” foram avaliados em 35 indivíduos; para “Flores” foram avaliados em 16 indivíduos; para “Frutos” foram avaliados em 29 indivíduos.

Inicialmente estimou-se a variância dos valores aferidos entre os genótipos para cada um dos 41 descritores e o grau de multicolinearidade na matriz de variância e covariância entre todos os descritores. Três descritores pertencentes ao grupo de “Flores” foram desprovidos de variância (NAC, NFN e NNS) e, portanto, foram descartadas da ACP.

Em seguida, os 38 descritores morfoagronômicos remanescentes foram submetidos a análise de dissimilaridade multivariada entre os indivíduos. Procedeu-se ao teste de descarte de variáveis até que os dois primeiros componentes na matriz de autovetores explicassem mais de 70% da variância total. Neste procedimento foram eliminados 24 descritores de menor importância (Tabelas 2, 3 e 4).

Tabela 2 - Coeficientes dos seis Componentes Principais (autovetores) dos descritores morfoagronômicos "Plantas e Folhas".

Descritores	Coeficientes					
	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6
CLF	0,567	0,053	-0,105	0,056	0,249	0,774
CPE	0,495	0,209	-0,284	0,071	-0,772	-0,172
LMF	0,549	0,072	-0,129	0,019	0,556	-0,606
NFR	-0,174	0,696	0,108	0,682	0,097	0,013
NNF	-0,209	0,607	-0,427	-0,623	0,117	0,061
NNP	0,241	0,310	0,835	-0,373	-0,098	-0,025

CLF: comprimento da lâmina foliar; CPE: comprimento do pecíolo; LMF: largura máxima da folha; NFR: número de frutos; NNF: Número de nectários foliares; NNP: número de nectários no pecíolo; CP: componente principal.

Tabela 3 - Coeficientes dos quinze Componentes Principais (autovetores) dos descritores morfoagronômicos "Flores".

Descritores	Coeficientes							
	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8
CAFC	0,037	0,449	-0,284	0,068	0,136	-0,235	0,380	-0,028
CANG	-0,030	0,449	0,189	0,267	-0,217	0,043	-0,014	0,632
CANT	-0,307	0,057	0,193	-0,079	-0,492	-0,252	0,444	-0,183
CBR	-0,213	-0,216	0,345	-0,356	-0,120	-0,211	-0,076	0,193
COV	-0,339	-0,185	-0,147	0,326	0,027	-0,315	-0,031	-0,177
CPED	0,016	-0,458	0,022	-0,080	-0,009	0,501	0,449	0,361
CPET	-0,421	0,064	0,012	-0,064	0,191	-0,045	0,128	0,178
CSE	-0,406	-0,024	-0,044	-0,078	0,345	0,042	0,095	0,022
DECC	-0,032	0,000	0,482	0,336	-0,075	0,319	0,183	-0,506
DOV	-0,287	-0,143	-0,345	0,160	-0,069	0,256	-0,375	-0,064
DTC	-0,427	-0,092	-0,055	-0,114	0,010	-0,076	-0,044	0,066
IDCC	-0,091	-0,125	0,393	0,552	0,149	-0,149	-0,234	0,210
LANT	-0,105	0,315	0,332	-0,448	-0,003	0,146	-0,401	-0,137
LSE	-0,235	0,164	-0,282	0,103	-0,578	0,331	-0,125	0,000
NNB	0,250	-0,358	-0,065	-0,025	-0,394	-0,394	-0,132	0,087

Descritores	Coeficientes						
	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	CP14	CP15
CAFC	-0,466	-0,092	0,324	-0,140	-0,040	0,289	-0,239
CANG	-0,099	0,309	-0,106	0,333	-0,014	-0,050	0,107
CANT	0,209	0,086	0,109	-0,022	0,322	-0,326	-0,223
CBR	-0,569	0,043	-0,244	-0,378	0,024	0,100	0,146
COV	-0,169	-0,214	-0,424	0,501	0,171	0,236	-0,037
CPED	-0,117	-0,182	0,102	0,208	0,117	0,156	-0,249
CPET	0,346	0,036	-0,293	-0,186	-0,565	0,107	-0,395
CSE	0,231	0,444	0,221	-0,047	0,353	0,390	0,344
DECC	-0,197	0,233	0,039	0,050	-0,348	0,171	0,094
DOV	-0,309	0,423	0,118	-0,087	0,068	-0,260	-0,412
DTC	-0,119	-0,256	0,501	0,286	-0,401	-0,300	0,344
IDCC	0,108	-0,308	0,328	-0,305	0,182	0,037	-0,178
LANT	0,019	-0,163	0,160	0,326	0,138	0,266	-0,360
LSE	0,112	-0,317	-0,039	-0,294	0,001	0,345	0,223
NNB	0,133	0,298	0,294	0,133	-0,261	0,420	-0,122

CAFC: comprimento dos anéis dos filamentos corona; CANG: comprimento do androginóforo; CANT: comprimento da antera; CBR: comprimento da bráctea; COV: comprimento do ovário; CPED: comprimento do pedicelo; CPET: comprimento da pétala; CSE: comprimento sépala; DECC: diâmetro externo da cavidade corona; DOV: diâmetro do ovário; DTC: diâmetro da ponta da corona; IDCC: diâmetro interno da cavidade corona; LANT: largura da antera; LSE: largura da sépala; NNB: número de nectários na bráctea; CP: componente principal.

Tabela 4 - Coeficientes dos dezessete Componentes Principais (autovetores) dos descritores morfoagronômicos "Frutos".

Descritores	Coeficientes								
	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9
DLF	0,351	-0,017	-0,033	-0,271	0,121	-0,143	-0,281	0,068	0,129
DLS	0,220	-0,293	0,161	0,171	0,132	-0,391	0,125	-0,393	-0,394
DTF	0,333	0,137	-0,104	0,089	-0,304	0,174	-0,175	-0,196	0,113
DTS	0,146	-0,352	0,087	0,464	-0,027	-0,135	-0,262	-0,300	0,465
ESC	0,169	-0,367	-0,387	-0,085	0,029	0,084	-0,072	-0,054	0,120
ESSE	0,206	-0,287	0,168	0,263	0,169	0,038	0,526	0,407	-0,083
MF	0,375	0,106	-0,023	0,046	-0,107	0,102	-0,135	0,088	-0,310
NSF	0,234	0,331	-0,094	-0,262	-0,183	-0,162	0,406	-0,175	0,361
PCAS	0,347	-0,094	-0,138	-0,095	-0,154	0,263	-0,123	0,084	-0,357
PESE	0,321	0,209	-0,054	0,026	-0,068	-0,326	0,383	-0,051	0,068
pH	-0,224	-0,022	0,288	-0,299	-0,272	-0,312	-0,100	-0,308	-0,313
PP	0,286	0,325	0,152	0,228	-0,009	-0,075	-0,203	0,089	-0,203
PRP	-0,027	0,427	0,273	0,324	0,216	-0,153	-0,249	0,190	0,112
RLT	0,179	-0,137	0,047	-0,443	0,428	-0,361	-0,232	0,268	0,112
SS	-0,153	0,116	-0,552	0,163	0,104	-0,224	-0,032	0,103	-0,173
SS,TA	-0,141	-0,040	-0,400	0,207	-0,333	-0,485	-0,091	0,251	-0,063
TA	-0,014	0,241	-0,312	0,074	0,588	0,123	0,059	-0,460	-0,145

Descritores	Coeficientes							
	CP10	CP11	CP12	CP13	CP14	CP15	CP16	CP17
DLF	-0,076	-0,190	-0,044	0,059	0,012	-0,156	-0,771	-0,002
DLS	-0,368	0,156	0,289	0,265	-0,007	-0,045	-0,002	0,000
DTF	-0,071	-0,251	0,015	0,184	0,237	-0,622	0,319	0,000
DTS	0,161	-0,036	-0,367	0,004	-0,131	0,239	0,039	0,000
ESC	0,460	0,340	0,533	-0,164	0,088	-0,059	0,004	0,000
ESSE	0,349	-0,287	-0,091	0,176	0,169	-0,148	-0,063	0,000
MF	0,088	0,039	-0,082	-0,046	-0,079	0,227	0,060	-0,789
NSF	0,118	0,021	0,092	0,454	0,046	0,375	0,031	0,000
PCAS	0,060	-0,136	-0,069	0,134	-0,501	0,217	0,108	0,496
PESE	-0,010	0,133	-0,144	-0,609	-0,325	-0,253	0,027	0,070
pH	0,592	-0,134	-0,134	0,003	0,008	-0,129	-0,028	0,000
PP	0,112	0,250	-0,058	-0,169	0,587	0,250	-0,029	0,356
PRP	0,243	0,008	0,420	0,193	-0,404	-0,141	0,029	0,000
RLT	-0,034	-0,051	-0,132	0,018	0,070	0,006	0,523	0,001
SS	0,121	0,378	-0,419	0,373	-0,049	-0,226	-0,064	0,000
SS,TA	-0,093	-0,478	0,238	-0,117	0,085	0,196	0,029	0,000
TA	0,150	-0,430	0,001	-0,138	0,060	0,106	0,019	0,000

DLF: diâmetro longitudinal do fruto; DLS: Diâmetro longitudinal das sementes; DTF: diâmetro transversal do fruto; DTS: diâmetro transversal das sementes; ESC: espessura da casca; ESSE: espessura da semente; MF: massa do fruto; NSF: número de sementes por fruto; PCAS: peso da casca; PESE: peso da semente; pH: potencial hidrogeniônico; PP: peso de polpa; PRP: produção de polpa; RLT: Relação do diâmetro longitudinal e transversal do fruto; SS: sólidos solúveis; SS/TA: ratio; TA: acidez titulável; CP: componente principal.

Foram descartados para o grupo “Plantas e Folhas” os descritores CPE, NNF e NNP; para o grupo “Flores” os descritores CANG, CANT, COV, DECC, DOV, IDCC, LANT, LSE e NNB; para o grupo “Frutos” os descritores DLS, DTF, DTS, ESC, ESE, PESE, pH, PP, PRP, RLT, SS e SS/TA.

Nos três grupos de descritores de “Plantas e Folhas”, “Flores” e “Frutos”, depois do descarte das variáveis acima citadas, os dois primeiros componentes principais acumulam 97,8%, 80,5% e 82,0%, respectivamente, de toda a variação disponível (Tabela 5).

Tabela 5 - Estimativas das variâncias (autovalor) e variância acumulada (%) dos descritores morfoagronômicos mínimos dos grupos “Plantas e Folhas”, “Flores” e “Frutos” obtidos para maracujazeiro do mato (*Passiflora cincinnata* Mast).

Plantas e Folhas						
Componente	Antes do Descarte			Depois do Descarte		
	Desvio Padrão	Variância	Proporção acumulada	Desvio Padrão	Variância	Proporção acumulada
CP1	1,705	0,484	0,484	1,422	0,674	0,674
CP2	1,120	0,209	0,693	0,955	0,304	0,978
CP3	0,944	0,149	0,842	0,256	0,022	1,000
Flores						
Componente	Antes do Descarte			Depois do Descarte		
	Desvio Padrão	Variância	Proporção acumulada	Desvio Padrão	Variância	Proporção acumulada
CP1	2,213	0,327	0,327	1,751	0,511	0,511
CP2	1,659	0,184	0,510	1,327	0,294	0,805
CP3	1,589	0,168	0,679	0,795	0,105	0,910
Frutos						
Componente	Antes do Descarte			Depois do Descarte		
	Desvio Padrão	Variância	Proporção acumulada	Desvio Padrão	Variância	Proporção acumulada
CP1	2,527	0,376	0,376	1,745	0,609	0,609
CP2	1,654	0,161	0,536	1,027	0,211	0,820
CP3	1,460	0,125	0,662	0,764	0,117	0,936

CP: componente principal.

A análise dos resultados sugere que o conjunto de 15 descritores restante (CAFC, CBR, CLF, CPED, CPET, CSE, DLF, DTC, LMF, LSE, MF, NFR, NSF, PCAS e TA) constitui os descritores mínimos para avaliar a diversidade genética morfoagronômica entre maracujazeiros do mato. E, adicionalmente, que os 26 descritores eliminados constituem aspectos morfoagronômicos redundantes que não auxiliariam no estudo de diversidade genética e tornaria a coleta e análise de dados mais trabalhosa.

Resultados semelhantes foram encontrados por Santos *et al.* (2011), no estudo visando estimar parâmetros genéticos por análise multivariada de duas espécies de *Passiflora* e seus híbridos, considerados de potencial ornamental, com base nas características morfológicas, no qual através da análise de componentes principais eles reduziram os 14 descritores para dois componentes principais que explicaram os 84% da variância total. O componente 1 explicou 48,9% da variância total e o componente 2 explicou 35,12%.

O correto descarte dos 26 descritores redundantes e seleção dos 15 descritores mínimos foram validados pela análise de agrupamentos hierárquicos de Ward. Ao se comparar os pares de dendrogramas gerados por essa análise, para cada grupo de descritores, antes e depois do descarte dos descritores, verifica-se a manutenção dos grupos formados, para dois dos três grupos de descritores. Somente, exceto para os descritores de “Plantas e

Folhas”, em que se verificou sutil diferença no agrupamento, pois os genótipos 1, 5 e 8 que a princípio estavam no terceiro grupo, depois do descarte acabaram sendo realocados no primeiro grupo (Figuras 1, 2 e 3). Ou seja, este resultado indica que o descarte de variáveis através da utilização de ACP foi efetiva, pois o agrupamento continuou o mesmo, não prejudicando na classificação dos genótipos dentro dos grupos.

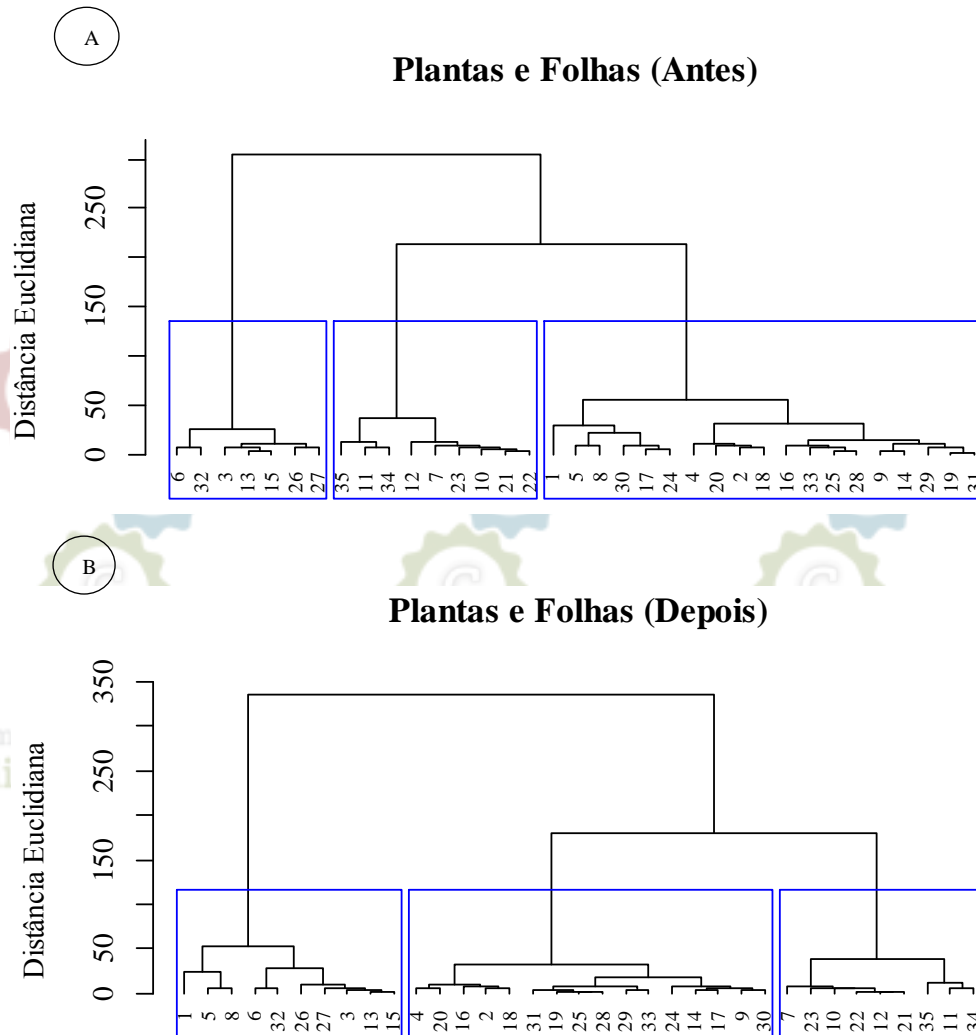
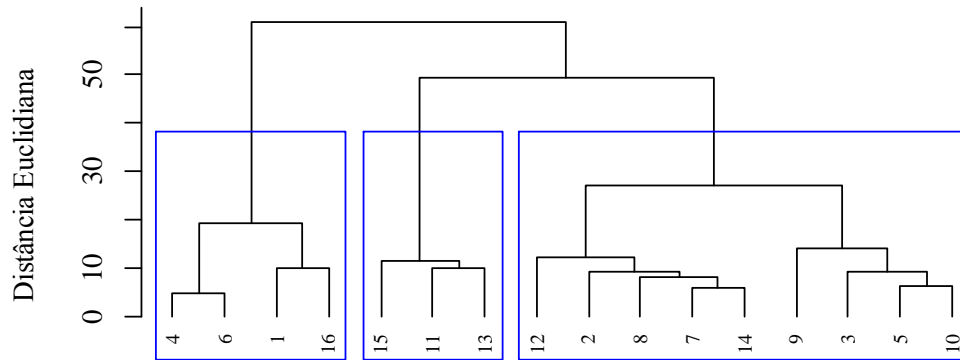


Figura 1 - Dendrograma do padrão de dissimilaridade obtido pelo método de Ward, com base na distância Euclidiana para maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata*, Mast) utilizando descritores para “Plantas e Folhas” antes (Letra A) e depois (Letra B) do descarte de variáveis.



A

Flores (Antes)



B

Flores (Depois)

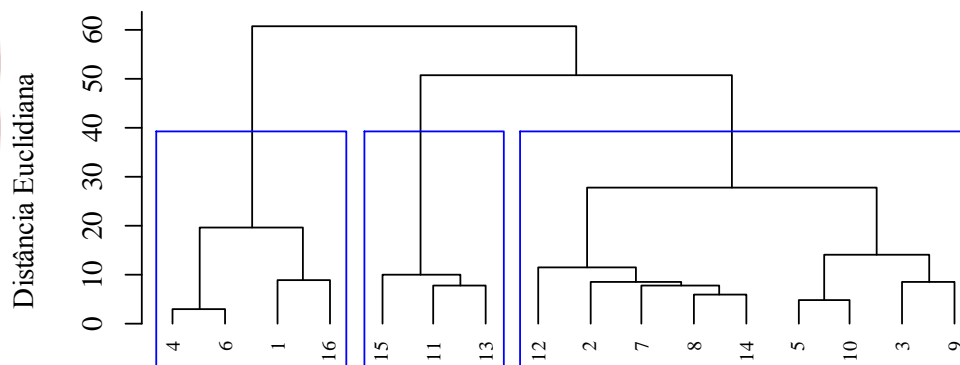


Figura 2 - Dendrograma do padrão de dissimilaridade obtido pelo método de Ward, com base na distância Euclidiana para maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata*, Mast) utilizando descritores para “Flores” antes (Letra A) e depois (Letra B) do descarte de variáveis.



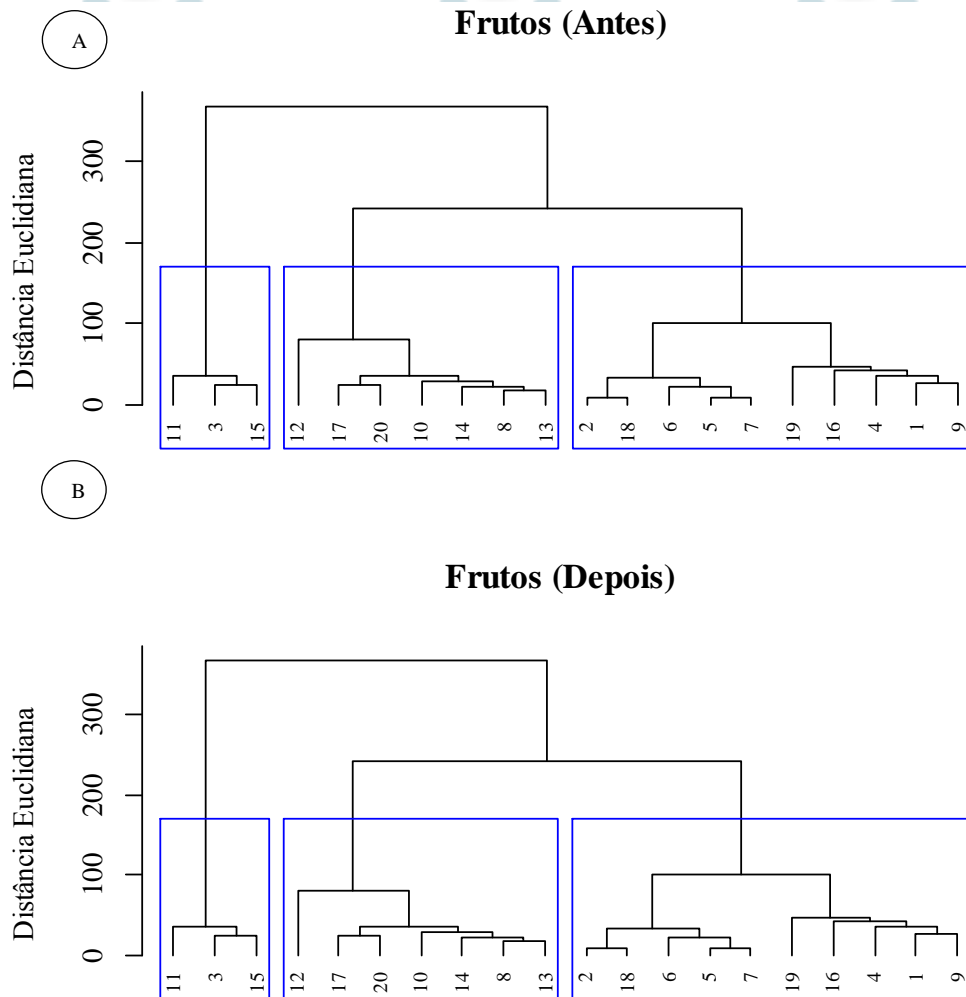


Figura 3 - Dendrograma do padrão de dissimilaridade obtido pelo método de Ward, com base na distância Euclidiana para maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata*, Mast) utilizando descritores para “Frutos” antes (Letra A) e depois (Letra B) do descarte de variáveis.

Resultados semelhantes foram encontrados por Campos *et al.* (2015), no estudo para a obtenção dos descritores mínimos eficientes para mangaueira (*Mangifera indica L.*), também utilizaram o método de Ward para verificar os agrupamentos antes e após o descarte de variáveis. E a partir da comparação entre os agrupamentos, concluíram que o uso de somente 34 características de fruto foi suficiente para distinguir os genótipos avaliados neste estudo, otimizado os 64 descritores recomendados para a caracterização dessa fruteira.

Através da análise de contribuição relativa dos descritores morfoagronômicos, estimada pela metodologia de Singh (1981), utilizada para avaliar a importância dos 41 descritores, determinou-se as características que mais contribuíram para a divergência genética entre os genótipos em cada grupo de descritores (Tabelas 6, 7 e 8).

Tabela 6 - Contribuição relativa dos descritores “Plantas e Folhas”, avaliados em maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata* Mast), pelo método proposto por Singh (1981).

Descritor	Plantas e Folhas			
	S.j	Proporção	Proporção acumulada	Descarte (ACP)
LMF	189942900,000	0,761	76,1%	N
CLF	42857320,000	0,172	93,3%	N
CPE	16051370,000	0,064	99,7%	S
NFR	513406,900	0,002	99,9%	N
NNF	172507,200	0,001	100%	S
NNP	3420,479	0,000	100%	S

CLF: comprimento da lâmina foliar; CPE: comprimento do pecíolo; LMF: largura máxima da folha; NFR: número de frutos; NNF: Número de nectários foliares; NNP: número de nectários no pecíolo; S.j: análise de Singh; ACP: análise de componentes principais; N: variável não descartada pela análise de componentes principais; S: variável descartada pela análise de componentes principais.

Tabela 7 - Contribuição relativa dos descritores “Flores”, avaliados em maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata* Mast), pelo método proposto por Singh (1981).

Descritor	Flores			
	S.j	Proporção	Proporção acumulada	Descarte (ACP)
CPED	1039896,000	0,422	42,2%	N
DTC	801724,400	0,326	74,8%	N
CPET	290660,500	0,118	86,6%	N
CSE	149597,600	0,061	92,7%	N
CAFC	73179,780	0,030	95,6%	N
CBR	57749,280	0,023	98,0%	N
CANT	14667,280	0,006	98,6%	S
LSE	11995,110	0,005	99,1%	S
CANG	8605,322	0,003	99,4%	S
COV	6488,218	0,003	99,7%	S
DOV	2819,501	0,001	99,8%	S
LANT	2714,684	0,001	99,9%	S
DECC	1161,347	0,000	100%	S
NNB	800,209	0,000	100%	S
IDCC	365,866	0,000	100%	S

CAFC: comprimento dos anéis dos filamentos corona; CANG: comprimento do androginóforo; CANT: comprimento da antera; CBR: comprimento da bráctea; COV: comprimento do ovário; CPED: comprimento do pedicelo; CPET: comprimento da pétala; CSE: comprimento sépala; DECC: diâmetro externo da cavidade corona; DOV: diâmetro do ovário; DTC: diâmetro da ponta da corona; IDCC: diâmetro interno da cavidade corona; LANT: largura da antera; LSE: largura da sépala; NNB: número de nectários na bráctea; S.j: análise de Singh; ACP: análise de componentes principais; N: variável não descartada pela análise de componentes principais; S: variável descartada pela análise de componentes principais.

Tabela 8 - Contribuição relativa dos descritores “Frutos”, avaliados em maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata* Mast), pelo método proposto por Singh (1981).

Descritor	Frutos			
	S.j	Proporção	Proporção acumulada	Descarte (ACP)
NSF	1779174000,000	0,892	89,2%	N
MF	129498500,000	0,065	95,7%	N
PCAS	33522820,000	0,017	97,4%	N
PP	20647430,000	0,010	98,5%	S
DLF	15375360,000	0,008	99,2%	N
DTF	7748771,000	0,004	99,6%	S
TA	6088972,000	0,003	99,9%	N
PESE	1484393,000	0,001	100%	S
SS	153372,900	0,000	100%	S
ESC	22186,300	0,000	100%	S
DLS	4256,817	0,000	100%	S
DTS	3515,067	0,000	100%	S
pH	1132,761	0,000	100%	S
ESSE	1054,558	0,000	100%	S
RLT	472,513	0,000	100%	S
PRP	157,854	0,000	100%	S
SS/TA	33,164	0,000	100%	S

DLF: diâmetro longitudinal do fruto; DLS: Diâmetro longitudinal das sementes; DTF: diâmetro transversal do fruto; DTS: diâmetro transversal das sementes; ESC: espessura da casca; ESSE: espessura da semente; MF: massa do fruto; NSF: número de sementes por fruto; PCAS: peso da casca; PESE: peso da semente; pH: potencial hidrogeniônico; PP: peso de polpa; PRP: produção de polpa; RLT: Relação do diâmetro longitudinal e transversal do fruto; SS: sólidos solúveis; SS/TA: ratio; TA: acidez titulável; S.j: análise de Singh; ACP: análise de componentes principais; N: variável não descartada pela análise de componentes principais; S: variável descartada pela análise de componentes principais.

O correto descarte dos 26 descritores redundantes e seleção dos 15 descritores mínimos foram revalidados pela análise de contribuição relativa dos descritores estimada conforme Singh (1981). Os descritores redundantes na ACP apresentaram pouca contribuição relativa para todos os grupos de descritores.

Para o grupo de descritores “Plantas e Folhas” as características que apresentaram as maiores contribuições relativas foram: largura máxima da folha 76,1% e comprimento da lâmina foliar 17,2%. Para o grupo de descritores “Flores” as características que apresentaram as maiores contribuições relativas foram: comprimento do pedicelo 42,1%, diâmetro da ponta da corona 32,6% e comprimento da pétala 11,8%. Para o grupo de descritores “Frutos” a característica que apresentou a maior contribuição relativa foi: número de sementes por fruto 89,2%.

Resultados semelhantes foram encontrados por Fonseca *et al.* (2017), em seu trabalho para validar os descritores morfoagronômicos utilizados nos processos de proteção de cultivares de plantas no Brasil, caracterizando seis cultivares de maracujá ornamental, no qual identificaram a largura máxima da foliar (aproximadamente 34%) e o comprimento da pétala

(26,17%) como os descritores que mais contribuíram para a diferenciação das cultivares analisadas. Lawinsky *et al.* (2014), no trabalho de caracterização morfológica e diversidade genética em *Passiflora alata* Curtis e *P. cincinnata* Mast, para os 16 descritores morfológicos medidos, o diâmetro da corona com 43,46%, largura da pétala com 9,81% e comprimento do pedicelo com 7,49% foram os principais contribuintes para a divergência entre as duas espécies.

Os resultados de Sousa *et al.* (2012) e Araújo *et al.* (2008), referente à contribuição relativa do número de sementes por fruto foram de 2,52% e 1,65% respectivamente. Diferentemente dos resultados obtidos aqui, já que no presente trabalho o número de sementes por fruto foi o descritor que mais contribuiu para a divergência genética entre os genótipos estudados.

A partir dos resultados obtidos, podemos inferir que dos 41 descritores, apenas 15 se mostraram relevantes para a avaliação da diversidade genética entre os indivíduos da população. Estes descritores foram: acidez titulável, comprimento da bráctea, comprimento da lâmina foliar, comprimento da pétala, comprimento da sépala, comprimento do pedicelo, comprimento dos anéis dos filamentos corona, diâmetro da ponta da corona, diâmetro longitudinal do fruto, largura da sépala, largura máxima da folha, número de frutos, número de sementes por fruto, peso da casca e massa do fruto.

Esta lista reduzida de descritores morfoagronômicos deverá representar um importante instrumento de trabalho para pesquisas focadas na variabilidade genética e fenotípica de populações *in situ*, ou não, de maracujazeiro do mato, pois o descarte de variáveis redundantes possibilita economia de tempo e recursos materiais, sem perda significativa de informação.

CONCLUSÕES

Tendo em vista os resultados obtidos, através da análise de componentes principais e validados pelos métodos Ward (1963) e Singh (1981) foi possível identificar e descartar variáveis redundantes de descritores morfoagronômicos, sem prejudicar a estimativa de diversidade e o agrupamento dos genótipos, além de propor uma lista reduzida de descritores morfoagronômicos. Estes descritores foram: acidez titulável, comprimento da bráctea, comprimento da lâmina foliar, comprimento da pétala, comprimento da sépala, comprimento do pedicelo, comprimento dos anéis dos filamentos corona, diâmetro da ponta da corona,

diâmetro longitudinal do fruto, largura da sépala, largura máxima da folha, número de frutos, número de sementes por fruto, peso da casca e massa do fruto.

REFERÊNCIAS

ARAÚJO, FPD.; SILVA, ND. & QUEIROZ, MAD. 2008. Divergência genética entre genótipos de *Passiflora cincinnata* Mast com base em descritores morfoagronômicos. Revista Brasileira de Fruticultura, vol. 30, no. 3, p. 723–730.

BEALE, EML.; KENDALL, MG. & MANN, DW. 1967. The discarding of variables in multivariate analysis. Biometrika, vol. 54, no. 3, p. 357–366.

CAMPOS, AL.; PREISIGKE, SC.; NEVES, LG.; LUZ, PB.; BARELLI, MAA. & KRAUSE, W. 2015. Obtenção dos descritores mínimos eficientes para mangueira pelo método de Ward. Magistra, vol. 27, no. 2, p. 266–273.

CLIMATE-DATA.ORG. Clima: Vitória da Conquista: Climograma, Temperatura e Tabela climática Vitória da Conquista - Climate-Data.org. Disponível em: <<https://pt.climate-data.org/location/293/>>. Acesso em: 12 mar. 2018.

CUNHA, MAP.; BARBOSA, LV. & JUNQUEIRA, NT. 2002. Espécies de maracujazeiro. In: LIMA, AA. Maracujá produção: aspectos técnicos. Brasília, DF: Embrapa-SCT, p. 15-22.

FALEIRO, FG.; PEIXOTO, JR.; VIANA, AP.; BRUCKNER, CH.; LARANJEIRA, FF.; DAMASCENO, F.; MELETTI, LMM.; CONSOLI, L.; SOUSA, MAF.; SILVA, MS.; PEREIRA, MG.; STENZEL, N & SHARMA, RD. 2006a. Demandas para as Pesquisas Relacionadas ao Melhoramento Genético. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: demandas para a pesquisa. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 27-34.

FONSECA, KG.; FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV.; BARTH, M. & FELDBERG, NP. 2017. Morphoagronomic and molecular characterization of ornamental passion fruit cultivars. Pesquisa Agropecuária Brasileira, vol.52, no.10, p.849-860.

JESUS, ON.; OLIVEIRA, EJ.; FALEIRO, FG.; SOARES, TL. & GIRARDI, EA. 2017. Illustrated morpho-agronomic descriptors for *Passiflora* spp. Brasília: Embrapa. 126 p.

JOLLIFFE, IT. 1972. Discarding variables in a principal component analysis: I. Artificial data. Appl. Statist. Journal of the Royal Statistical Society, vol. 21, no. 1, p. 160–173.

JUNIOR, MXO.; JOSÉ, ARS.; REBOUÇAS, TNH.; MORAIS, OM. & DOURADO, FWN. 2010. Superação de dormência de maracujá-do-mato (*Passiflora cincinnata* MAST.). Revista Brasileira de Fruticultura, vol. 32, no. 2, p. 584–590.

JUNQUEIRA, NTV.; BRAGA, MF.; FALEIRO, FG.; PEIXOTO, JR. & BERNACCI, LC. 2005. Potencial de espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 79–108.

KIILL, LHP.; ALVAREZ, IA.; RESENDE, GM.; YANO-MELO, AM.; ARAÚJO, FP. & OLIVEIRA, AR. 2008. Flora, fauna e microrganismos. In: ALBUQUERQUE, ACS. & SILVA, AG. Agricultura tropical: quatro décadas de inovações tecnológicas, institucionais e políticas. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. p. 431-452.

LAWINSCKY, PR.; SOUZA, MM.; BELO, GO.; VIANA, AJC.; MELO, CAF. & OLIVEIRA, CSL. 2014. Morphological characterization and genetic diversity in *Passiflora alata* Curtis and *P. cincinnata* Mast. (Passifloraceae). *Brazilian Journal of Botany*, vol. 37, no. 3, p. 261–272.

LOPES, JF. & CARVALHO, SIC. 2008. A Variabilidade Genética e o Pré-melhoramento. In: FALEIRO, FG.; NETO, ALF. & JUNIOR, WQR. Pré-melhoramento, melhoramento e pós-melhoramento: estratégias e desafios. Planaltina: Embrapa Cerrados. p. 65-74.

MACHADO, VLS.; GRILLI, GVG.; FERREIRA, FR.; JUNQUEIRA, NTV.; FALEIRO, FG.; BERNACCI, LC.; CERVI, AC. & RUGGIERO, C. 2006. Estado Atual e Perspectivas para a Obtenção dos Descritores do Maracujazeiro. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: demandas para a pesquisa. Planaltina: Embrapa Cerrados. p. 51-54.

NUNES, TS. & QUEIROZ, LP. 2006. Flora da Bahia: Passifloraceae. *Sitientibus Série Ciências Biológicas*, vol. 6, no. 3, p. 194–226.

OLIVEIRA, JC. & RUGGIERO, C. 2005. Espécies de maracujá com potencial agrônomo. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 142–158.

PEREIRA, JS.; TELES, VO.; SILVA, JMF. & PARENTE, JD. 2012. Avaliação do crescimento do caule do maracujá-do-mato (*Passiflora cincinnata* Mast.) através de três formas de manejo. In: IV Encontro Universitário da UFC no Cariri, Juazeiro do Norte, Brasil. p. 1-5.

R CORE TEAM. 2014. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Viena, Austria.

SANTOS, EA.; SOUZA, MM.; VIANA, AP.; ALMEIDA, AAF.; FREITAS, JCO. & LAWINSCKY, PR. 2011. Multivariate analysis of morphological characteristics of two species of passion flower with ornamental potential and of hybrids between them. *Genetics and Molecular Research*, vol. 10, no. 4, p. 2457-2471.

SINGH, D. 1981. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding*, vol. 41, no. 1, p. 237–245.

SOUZA, LD.; SILVA, EM.; GOMES, RLF.; LOPES, ACA. & SILVA, ICV. 2012. Caracterização e divergência genética de genótipos de *Passiflora edulis* e *P. cincinnata* com base em características físicas e químicas de frutos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, vol. 34, no. 3, p. 832–839.

WARD, JHJ. 1963. Hierarchical Grouping to Optimize an Objective Function. *Journal of the American Statistical Association*, vol. 58, no. 1, p. 236–244.



CAPÍTULO 2

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

**Seleção individual de genótipos de maracujazeiro do mato (*Passiflora cincinnata* Mast)
in situ mediante REML/BLUP**

Individual selection of wild passion fruit genotypes (*Passiflora cincinnata* Mast) *in situ* using
REML/BLUP

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi utilizar o REML/BLUP para se estimar parâmetros e valores genotípicos repetidos, estabelecer correlações genéticas entre os caracteres e classificar os melhores indivíduos quanto ao desempenho de crescimentos vegetativo e reprodutivo de genótipos de maracujazeiro do mato *in situ*. Foram avaliados 75 indivíduos para doze descritores. O procedimento REML/BLUP foi utilizado para estimar parâmetros de variabilidade fenotípica e genética, e seleção dos melhores indivíduos. As estimativas de repetibilidade individual variaram entre média a alta para nove descritores avaliados, dentre elas, massa do fruto (0,62) massa da polpa (0,59) e produção de polpa (0,46). Obteve-se valores de acurácia alta para diâmetros longitudinal (0,92) e transversal do fruto (0,92), relação entre os diâmetros longitudinal e transversal do fruto (0,90), massa do fruto (0,94) e da polpa (0,94), produção de polpa (0,90), quantidade dos ramos (0,93), comprimento total dos ramos em desenvolvimento (0,91) e quantidade de folhas (0,94). Os dez genótipos que apresentaram melhor desempenho *in situ* foram: 29, 4, 3, 69, 41, 52, 43, 70, 30 e 16, proporcionando ganho de 1056,522% a 418,519% na seleção.

Palavras chave: variabilidade genética, melhoramento genético, índice de seleção, ganho genético.

ABSTRACT

The objective of this work was to use REML/BLUP to estimate repeated genotypic parameters and values, to establish genetic correlations between the characters and to classify the best individuals regarding the performance of vegetative and reproductive growth of genotypes of passion fruit genotypes *in situ*. We evaluated 75 individuals for 12 descriptors. The REML/BLUP procedure was used to estimate parameters of phenotypic and genetic variability, and selection of the best individuals. Estimates of individual repeatability ranged from mean to high for nine descriptors, including fruit mass (0.62), pulp mass (0.59) and pulp production (0.46). High accuracy values were obtained for longitudinal (0.92) and transverse (0.92), longitudinal and transverse diameters of fruit (0.90), fruit mass (0.94) and pulp (0.94),

pulp production (0.90), number of branches (0.93), total length of branches in development (0.91) and number of leaves (0.94). The ten genotypes that showed the best in situ performance were: 29, 4, 3, 69, 41, 52, 43, 70, 30 and 16, giving a gain of 1056,522% to 418,519% in the selection.

Key words: genetic variability, genetic breeding, selection index, genetic gain.

INTRODUÇÃO

Populações naturais de maracujazeiro do mato (*Passiflora cincinnata* Mast), conhecida popularmente por maracujá do mato ou ainda maracujá de boi (Nunes & Queiroz, 2006) são dotadas de plantas muito diversas, com frutos de diferentes tamanhos e suco com cor e gostos distintos (Oliveira & Ruggiero, 2005), além de serem resistentes a longos períodos de seca (Pereira *et al.*, 2012).

O maracujazeiro do mato é encontrado em abundância nos estados de Goiás, Minas Gerais e Bahia (Pereira *et al.*, 2012). Essa fruteira vem sendo cultivada predominantemente em pequenos pomares, em média de 1,0 a 4,0 hectares, podendo constituir-se numa alternativa de produção e de elevação de renda para pequenos e médios produtores (Borges & Lima, 2009; Lima *et al.*, 2006).

Na região Nordeste o maracujá do mato é comercializado na entressafra (Junior *et al.*, 2010; Pereira *et al.*, 2012). Na Bahia é encontrada praticamente em todas fitofisionomias: campo rupestre, caatinga, floresta estacional e cerrado. É frequente em locais antropofizados. Floresce e frutifica durante quase todo o ano (Nunes & Queiroz, 2006). Em diferentes localidades do Nordeste o maracujazeiro do mato é submetido a extrativismo frutícola, que gera emprego e renda sazonais no campo (Junior *et al.*, 2010; Pereira *et al.*, 2012).

O maracujazeiro do mato, conforme enfatizado por Pereira *et al.* (2012) precisa deixar de ser explorada apenas pelo extrativismo e ocupar áreas de cultivo em escala comercial em condições de sequeiro. Em face desta demanda, é de suma importância desenvolver estratégias de pesquisa relacionadas à realidade dos agricultores de base familiar, visando ao aumento da qualidade e produtividade, com custos de produção reduzidos (Lima *et al.*, 2006).

Selecionar materiais genéticos *in situ*, a fim de se classificar aqueles superiores não é tarefa fácil. A seleção deve ser baseada em valores genéticos e não fenotípicos, já que são os valores genotípicos que farão a diferença quando o(s) genótipo(s) superior(es) for(em) comercialmente cultivado(s) (Borges *et al.*, 2010). Os valores fenotípicos aferidos em

experimentação *in situ* têm problemas atrelados a desbalanceamento de dados, diferentes números de repetições por experimento, diferentes delineamentos experimentais, não avaliação de todas as combinações genótipos-ambiente, dentre outros (Resende, 2004).

Para contornar estes problemas e aumentar a acurácia dos dados, deve-se adotar o método que contém efeitos fixos além da média geral e efeitos aleatórios além do erro como, por exemplo, o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada) (Resende, 2004). O BLUP é o procedimento ótimo que indica os valores genéticos (Stringer, 1996) e o REML é o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância (Gianola & Hammond, 1990). Essa estratégia permite a estimação de diversos parâmetros genéticos, dentre os quais os mais importantes são a herdabilidade e a repetibilidade (Bruna *et al.*, 2012).

Em passifloras, emprego da estratégia de REML/BLUP em experimentos com balanceamento de dados, com número igual de repetições por experimento é relatado na literatura. Ferreira *et al.* (2016), utilizaram o procedimento REML/BLUP em uma população de *Passiflora edulis* sob seleção recorrente intrapopulacional, para estimar parâmetros e valores genotípicos em nível de progênie. Experimentos baseados somente com repetições de observações dos mesmos indivíduos e avaliados sob REML/BLUP já foram descritas para passifloras. Assunção *et al.* (2015), realizaram a estimativa de ganho de seleção de plantas individuais de *P. edulis* quanto à qualidade de frutos. No entanto, a metodologia REML/BLUP nunca foi utilizada para a seleção de genótipos em *Passiflora cincinnata* e sequer *in situ*.

Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi utilizar o REML/BLUP para se estimar parâmetros e valores genotípicos repetidos, estabelecer correlações genéticas entre os caracteres e classificar os melhores indivíduos quanto ao desempenho de crescimentos vegetativo e reprodutivo de genótipos de maracujazeiro do mato *in situ*.

MATERIAL E MÉTODOS

Material genético vegetal. Foram amostrados 75 indivíduos de maracujazeiro do mato (*P. cincinnata*), frutificantes, sob condições não irrigadas *in situ*, em um perímetro de 10.000 m² no Distrito de Iguá do município de Vitória da Conquista, situado a uma altitude de 840 m acima do nível do mar, com latitude de 14 ° 95 ' 38,77013'S, longitude de 40 ° 97 ' 97,82910'W, clima do tipo Cwa (Tropical de altitude).

A área onde ocorreram as coletas de dados foi determinada através de viagens prospectivas e também mediante contatos com moradores da região que trabalham com o extrativismo frutícola de maracujá do mato e cuja comercialização se dá na Central de Abastecimento de Vitória da Conquista (CEASA). Para a realização do trabalho, foram selecionados todos os maracujazeiros do mato que apresentavam fruto, no primeiro dia de coleta, dentro da área de coleta.

Condições climáticas e caracterização do solo. A precipitação pluviométrica média anual de Vitória da Conquista é 712 mm (Climate-Data.Org, 2018). Nas Figuras 1 e 2 são apresentados os dados climáticos obtidos no decorrer do período de avaliação, referentes à precipitação pluviométrica, umidade relativa do ar, temperaturas média, máxima e mínima.

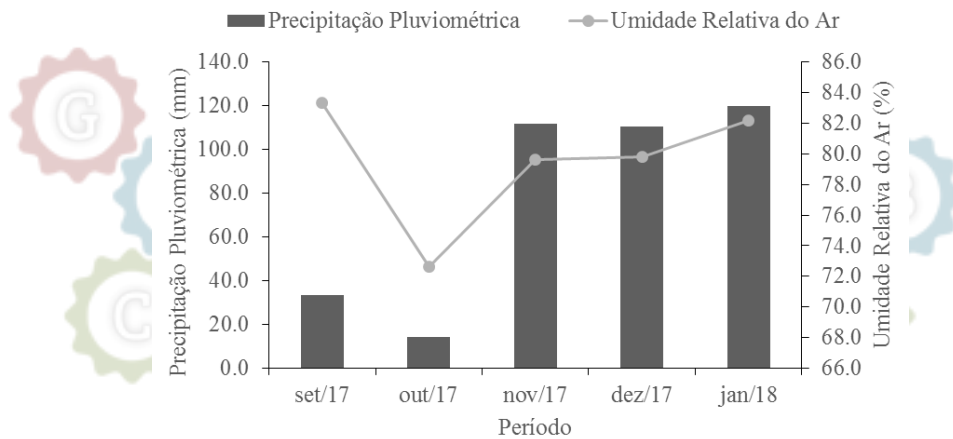


Figura 1 - Precipitação pluviométrica e umidade relativa do ar mensal, no município de Vitória da Conquista - BA, no período de setembro de 2017 a janeiro de 2018 (Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia – INMET/Vitória da Conquista, BA, 2018).

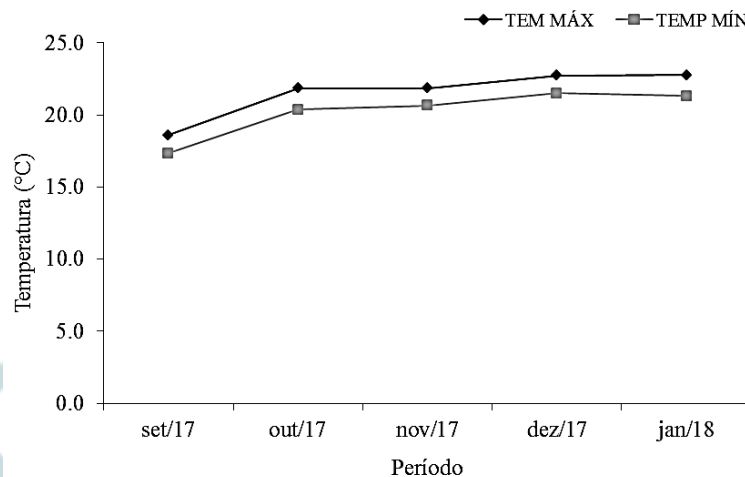


Figura 2 - Médias mensais de temperatura máxima e mínima, no município de Vitória da Conquista - BA, no período de setembro de 2017 a janeiro de 2018. (Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia – INMET/Vitória da Conquista, BA, 2018).

Análise de amostra de solo realizado pelo Laboratório de Solos da UESB (Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia) diagnosticou o mesmo como sendo latossolo amarelo distrófico típico, com textura franco argilo arenosa.

Descritores avaliados e período de avaliação. Foram coletados em média três frutos por planta, sobre os quais avaliaram-se os seguintes descritores: diâmetros longitudinal (DLF) e transversal (DTF) do fruto, expressa em mm; relação entre os diâmetros longitudinal e transversal do fruto (DLF/DTF), medida pela razão de DLF/DTF; massa do fruto (MF), expressa em g; massa da polpa (MP) em g, e produção de polpa (PRP) medida pela razão de MP/MF.

Ainda sobre estas plantas que tiveram frutos destacados, acompanharam-se, por cinco meses, com intervalos mensais, a mensuração dos seguintes descritores morfoagronômicos que exprimissem a capacidade de crescimento e desenvolvimento vegetativos das mesmas sob as condições de estresse climático *in situ* a que elas foram submetidas: quantidade dos ramos (QRD); comprimento total dos ramos em desenvolvimento (CTRD), expresso em mm; quantidades de folhas (QFO), de botões florais (QBFL), de flores (QFL) e de frutos (QFR), expressos em unidades.

O acompanhamento das plantas prosseguiu no período de setembro/2017 a janeiro/2018, no qual foram realizadas cinco mensurações *in situ*, com um intervalo de quatro semanas entre elas.

Análises genético-estatísticas. Para a análise dos dados utilizou-se o modelo básico de repetibilidade sem delineamento (Modelo 63 do *software* SELEGEN) denotado na forma matricial por $y = Xm + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos de medição (assumidos como fixos) somados à média geral, p é o vetor dos efeitos permanentes de plantas (efeitos genotípicos + efeitos de ambiente permanente) (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios) e X e W representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (Resende, 2007).

As equações de modelos mistos para aferir os efeitos fixos e prever os efeitos aleatórios pelo método BLUP, de acordo com Resende (2002), são:

$$\begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{g} \\ \hat{i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

Em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{(1-r)}{r}$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_i^2} = \frac{(1-r)}{c^2 gm}$$

Para obtenção dos componentes de variância, discriminados a seguir, empregou-se o *software* SELEGEN (Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada) - REM/BLUP (REML Individual) (Resende, 2002):

$$Vfp: \text{variância fenotípica permanente: } Vfp = \frac{m\hat{p}}{1+(m-1)\hat{p}}$$

$$Vet: \text{variância de ambiente temporário: } Vet = \frac{(y'y - \hat{b}'x'y - \hat{a}'z'y - \hat{p}'w'y)}{[npbm - r(X)]}$$

$$Vf: \text{variância fenotípica individual: } Vf = Vg + Vet$$

$$r: \text{coeficiente de repetibilidade individual: } r = \frac{Vg}{Vf}$$

Acm: acurácia da seleção baseada na média de m épocas de avaliação ou medidas

$$\text{repetidas no mesmo indivíduo: } r_{\hat{a}a_1} = \left[\frac{mh_a^2}{1+(m-1)p} \right]^{1/2}$$

Por se tratar de dados desbalanceados, realizou-se análise de deviance, pois de acordo com Resende (2007), a análise de modelos mistos com dados desbalanceados os efeitos do modelo não são testados via testes F tal como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios o teste cientificamente recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT). A obtenção do logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito a ser testado foi através da deviance $D = -2 \log L$ para modelos com e sem o efeito a ser testado. E posteriormente foi realizada a diferença entre as deviances para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR). Para testar a LRT a significância dessa diferença usou-se o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Após analisar cada um dos doze descritores, as correlações entre os valores genotípicos foram estimadas pelo Modelo 101 do *software* SELEGEN. Os índices de seleção visando ganho em um agregado genotípico formado por vários caracteres foram obtidos por meio do índice, adaptado de Mulamba e Mock, conhecido por Mulamba-Rank (Modelo 101 do *software* SELEGEN), em que os valores genotípicos são classificados de acordo com sua relevância, para cada caráter como maior, menor ou nulo de acordo com o interesse da seleção. Com isso, gera-se a média dos rankings de cada genótipo para todos os caracteres. Todos os dados foram analisados no *software* SELEGEN - REML/BLUP (Resende, 2007).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1, são apresentadas as estimativas dos componentes de variância o resultado do teste LRT para cada um dos descritores avaliados.

Tabela 1 – Resultados médios, estimativas de componentes de variância (REML Individual) e teste da razão de verossimilhança dos descritores avaliados nas plantas de maracujazeiro do mato (*Passiflora cincinnata* Mast) *in situ* com cinco repetições.

	MG	Vfp	Vet	Vf	R	Acm	LRT
CTRD	267,915	34005,510	36010,810	70016,320	0,485 ± 0,105	0,908	113,170**
DLF	23,060	216,659	206,540	423,199	0,511 ± 0,108	0,916	119,830**
DLF/DTF	0,513	0,088	0,100	0,188	0,469 ± 0,103	0,903	101,070**
DTF	22,167	205,301	196,899	402,201	0,510 ± 0,108	0,916	119,320**
MF	21,757	484,111	295,356	779,467	0,621 ± 0,119	0,944	179,420**
MP	9,582	108,756	74,169	182,925	0,594 ± 0,116	0,938	160,900**
PRP	0,207	0,016	0,019	0,035	0,462 ± 0,103	0,901	95,630**
QBFL	4,066	9,878	82,509	92,387	0,106 ± 0,049	0,612	6,970**
QFL	0,130	0,018	0,250	0,268	0,068 ± 0,039	0,518	2,990 ^{ns}
QFO	91,225	4647,150	3314,443	7961,593	0,583 ± 0,115	0,936	160,440**
QFR	0,638	0,006	1,336	1,342	0,004 ± 0,010	0,153	0,020 ^{ns}
QRA	11,504	73,523	52,607	126,130	0,582 ± 0,115	0,935	161,960**

CTRD: comprimento total dos ramos em desenvolvimento, em mm; DLF: diâmetro longitudinal do fruto, expresso em mm; DTF: diâmetro transversal do fruto, em mm; DLF/DTF: relação do diâmetro longitudinal e transversal do fruto, medida pela razão de DLF/DTF; MF: massa do fruto, expresso em g; MP: massa da polpa, em g; PRP: produção de polpa, medida pela razão de MP/MF; QBFL: quantidade de botões florais, expresso em unidade; QFL: quantidade de flores, em unidade; QFO: quantidade de folhas, em unidade; QFR: quantidade de frutos, em unidade; QRA: quantidade de ramos em desenvolvimento, em unidade; MG: média geral do experimento; Vfp: variância fenotípica permanente entre os genótipos; Vet: variância de ambiente temporário; Vf: variância fenotípica individual; r: repetibilidade individual; Acm: acurácia da seleção baseada na média de m épocas de avaliação ou medidas repetidas no mesmo indivíduo; LRT: teste da razão de verossimilhança; **significativo a 1% de probabilidade de erro pelo teste do Qui-quadrado para os descritores; ^{ns} não significativo.

Uma grande utilidade do coeficiente de repetibilidade (r) é a possibilidade de, por meio do mesmo, se determinar quantas observações fenotípicas devem ser feitas em cada indivíduo para que a seleção fenotípica entre genótipos seja feita com eficiência e um mínimo de custo de mão-de-obra (Cruz & Regazzi, 1994).

As estimativas de coeficiente de repetibilidade individual (r) apresentaram, segundo classificação de Resende (2002), magnitude alta (maior que 0,60) para o descritor MF, demonstrando que a quantidade de medições foi efetiva e que não seria vantajoso realizar mais medições em cada indivíduo. E magnitude média (entre 0,30 e 0,60) para os descritores DLF, DTF, DLF/DTF, MP, PRP, QFO, QRD e CTRD. Para estes descritores, o acréscimo entre as medições resultaria em um pequeno aumento na precisão. Resultados similares foram encontrados por MAIA *et al.*, (2014), no seu trabalho com seleção precoce com base nas

características agroindustriais dos genótipos que compõem a população base do programa de melhoramento da manga rosa.

As estimativas de repetibilidade quanto à QBFL (0,11), QFL (0,07) e QFR (0,004) foram baixas (menores que 0,30), ainda de acordo com a classificação de Resende (2002). Para estes descritores a quantidade de repetições não foi efetiva, sendo assim, o aumento do número de medições poderia resultar num acréscimo significativo de ganho de precisão.

A acurácia seletiva (A_{cm}) refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material genético e aquele estimado ou predito a partir das informações coletadas (Maia *et al.*, 2014).

Assim como as estimativas de repetibilidade, os valores da acurácia seletiva para quase todos os descritores avaliados, segundo a classificação de Resende & Duarte (2007), foram muito altos (Tabela 1), indicando que houve precisão nos valores genotípicos preditos. Segundo esses autores, acurácia seletiva superior a valor 0,90 têm acurácia seletiva muito alta e, no presente experimento, foram detectadas em CTRD, DLF, DTF, DLF/DTF, MF, MP, PRP, QBFL, QFL, QFO e QRA. E acurácia seletiva inferior ao valor 0,40 é tido baixo, o que foi aferido para o descritor QFR (0,15).

Assunção *et al.* (2015), em seu trabalho que visou estimar o ganho de seleção de plantas individuais de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP, encontraram resultados semelhantes para a acurácia dos seguintes descritores: diâmetro longitudinal e transversal do fruto e massa do fruto. Já para o descritor produção de polpa, eles encontraram uma acurácia muito abaixo do que foi observada neste trabalho.

O teste da razão de verossimilhança (LRT) apresentou resultados significativos a 1% para quase todas as características avaliadas, exceto para QFL (2,990) e para QFR (0,020). Os resultados significativos indicam que há variação genética, o que pode possibilitar a identificação de materiais promissores para a utilização futura em programas de melhoramento.

Para quase todos os descritores avaliados, a variância fenotípica permanente (V_{fp}) representou em termos percentuais a maior parte da variância fenotípica (V_f), sendo eles CTRD, DLF, DTF, DLF/DTF, MF, MP, PRP, QFO e QRA, indicando a possibilidade de sucesso ao se selecionar os genótipos avaliados. Enquanto que para os descritores QBFL, QFL e QFR, a variância fenotípica permanente (V_{fp}) representou em termos percentuais a menor parte da variância fenotípica (V_f).

A partir dos resultados obtidos através das estimativas de r , A_{cm} e o resultado do LRT, para a maioria dos descritores analisados, em especial aqueles relacionados aos frutos,

que é o produto comercial de interesse em fruteiras, à exemplo dos descritores massa da polpa (MP) e produção de polpa (PRP), ficou evidenciada o alto controle genético existente nos mesmos, grande estabilidade, repetição e precisão disponíveis para a seleção de genótipos para esses descritores, mesmo avaliados sob condições *in situ*.

Para o maior entendimento das relações entre os descritores avaliados, foram estimados os coeficientes de correlações genéticas mensuradas entre pares de descritores. Os coeficientes de correlações genéticas podem ser visualizados na Tabela 2.

Tabela 2 - Coeficientes de correlações genéticas entre pares de descritores avaliados em plantas de maracujazeiros do mato (*Passiflora cincinnata* Mast).

	QBF	QFL	QFR	QFO	QRA	CTRD	DLF	DTF	DLF/DTF	MF	MP	PRP
QBF	1,000	0,665	0,340	0,621	0,514	0,671	0,081	0,075	0,065	0,112	0,108	0,052
QFL		1,000	0,359	0,344	0,197	0,535	0,067	0,068	0,069	0,064	0,065	0,082
QFR			1,000	0,199	0,235	0,247	0,795	0,786	0,770	0,672	0,616	0,728
QFO				1,000	0,896	0,878	0,031	0,014	0,041	0,017	-0,005	-0,008
QRA					1,000	0,730	0,079	0,039	0,112	-0,006	-0,040	0,020
CTRD						1,000	0,011	0,001	0,013	0,019	-0,001	-0,016
DLF							1,000	0,985	0,965	0,847	0,802	0,928
DTF								1,000	0,926	0,885	0,847	0,941
DLF/DTF									1,000	0,701	0,651	0,912
MF										1,000	0,985	0,783
MP											1,000	0,783
PRP												1,000

CTRD: comprimento total dos ramos em desenvolvimento, em mm; DLF: diâmetro longitudinal do fruto, expresso em mm; DTF: diâmetro transversal do fruto, em mm; DLF/DTF: relação do diâmetro longitudinal e transversal do fruto, medida pela razão de DLF/DTF; MF: massa do fruto, expresso em g; MP: massa da polpa, em g; PRP: produção de polpa, medida pela razão de MP/MF; QBF: quantidade de botões florais, expresso em unidade; QFL: quantidade de flores, em unidade; QFO: quantidade de folhas, em unidade; QFR: quantidade de frutos, em unidade; QRA: quantidade de ramos em desenvolvimento, em unidade.

As estimativas dos coeficientes de correlações genéticas entre caracteres são indispensáveis em programas de melhoramento, pois permitem ao melhorista avaliar descritores de natureza genética complexa e bastante influenciadas pelo ambiente, que podem ser selecionadas indiretamente a partir de descritores tomados com medidas mais fáceis e menos passíveis de erros de mensuração (Maia *et al.*, 2014).

As correlações genéticas entre os caracteres variaram muito. Correlações genéticas baixas e negativas foram observadas entre os descritores quantidade de folhas (QFO), quantidade de ramos em desenvolvimento (QRA) e comprimento total dos ramos em desenvolvimento (CTRD), e os descritores de maior interesse comercial, massa do fruto (MF), massa da polpa (MP) e produção de polpa (PRP).

O descritor produção de polpa (PRP) apresentou altas correlações positivas com os descritores DLF (0,928), DTF (0,941) e DLF/DTF (0,912). Este resultado assemelha-se ao que foi obtido por Silva *et al.* (2009), em um estudo para obter estimativas de parâmetros genéticos e correlações associadas a características agronômicas do maracujazeiro amarelo.

Este tipo de correlação viabiliza aos melhoristas selecionar *in situ*, de forma indireta, indivíduos que produzem mais polpa, que é uma das características de maior interesse comercial no maracujazeiro.

As predições dos valores genotípicos, como o ganho genético e nova média (BLUP Individual), para os descritores avaliados dos frutos e do desempenho vegetativo das plantas *in situ* são apresentadas na Tabela 3.



Tabela 3 - Predições dos valores genotípicos para os caracteres avaliados em plantas de maracujazeiro do mato (*Passiflora cincinnata* Mast).

DLF				DTF			DLF/DTF		
Ordem	Indiv	Ganho	NM	Indiv	Ganho	NM	Indiv	Ganho	NM
1	41	30,873	53,934	29	32,331	54,498	41	0,645	1,159
2	29	30,495	53,556	4	30,871	53,038	32	0,635	1,148
3	4	28,774	51,834	3	30,234	52,401	16	0,587	1,101
4	3	27,770	50,830	30	28,463	50,630	43	0,564	1,077
5	16	27,037	50,097	69	27,371	49,538	52	0,544	1,057
6	52	26,497	49,558	34	26,561	48,728	10	0,527	1,040
7	69	26,103	49,163	28	25,916	48,083	69	0,512	1,026
8	34	25,698	48,758	52	25,359	47,526	34	0,501	1,014
9	30	25,084	48,144	61	24,793	46,960	29	0,486	1,000
10*	43	24,574	47,635	16	24,330	46,497	28	0,474	0,988
MF				MP			PRP		
Ordem	Indiv	Ganho	NM	Indiv	Ganho	NM	Indiv	Ganho	NM
1	29	85,384	107,141	29	42,554	52,136	30	0,257	0,464
2	4	80,981	102,739	4	40,539	50,121	29	0,244	0,451
3	3	74,701	96,458	3	35,532	45,114	4	0,235	0,442
4	69	64,769	86,527	70	32,172	41,754	32	0,230	0,437
5	70	58,738	80,496	69	28,257	37,839	43	0,224	0,431
6	41	53,836	75,593	30	25,604	35,186	70	0,219	0,427
7	28	49,532	71,290	28	23,495	33,076	28	0,216	0,423
8	59	46,215	67,973	2	21,884	31,466	52	0,211	0,419
9	52	43,505	65,262	59	20,606	30,188	3	0,207	0,415
10*	2	41,186	62,944	52	19,446	29,028	10	0,203	0,411
QBF				QFL			QFR		
Ordem	Indiv	Ganho	NM	Indiv	Ganho	NM	Indiv	Ganho	NM
1	14	8,887	12,953	14	0,394	0,524	14	0,037	0,675
2	23	7,426	11,492	10	0,314	0,444	16	0,032	0,670
3	45	6,690	10,756	45	0,251	0,381	43	0,030	0,668
4	25	6,116	10,182	54	0,220	0,350	10	0,029	0,666
5	10	5,517	9,583	75	0,201	0,331	69	0,027	0,665
6	53	5,093	9,158	21	0,180	0,310	3	0,026	0,664
7	17	4,704	8,770	29	0,164	0,294	29	0,025	0,662
8	52	4,366	8,431	34	0,153	0,283	41	0,024	0,662
9	4	4,069	8,135	65	0,144	0,274	70	0,023	0,661
10*	54	3,802	7,868	69	0,137	0,267	4	0,022	0,660
QFO				QRA			CTRD		
Ordem	Indiv	Ganho	NM	Indiv	Ganho	NM	Indiv	Ganho	NM
1	25	227,170	318,395	25	22,304	33,808	10	551,312	819,227
2	7	215,442	306,668	43	20,992	32,496	14	538,479	806,394
3	10	211,125	302,350	10	20,438	31,942	7	527,885	795,800
4	45	188,094	279,319	45	19,854	31,359	53	514,497	782,412
5	23	173,575	264,800	23	19,399	30,904	25	489,775	757,690
6	1	163,513	254,739	7	18,979	30,484	45	460,632	728,547
7	53	154,029	245,254	12	18,580	30,084	65	428,847	696,761
8	14	145,756	236,981	71	18,236	29,740	56	402,610	670,525
9	52	137,960	229,185	52	17,910	29,415	26	378,432	646,347
10*	26	131,513	222,738	26	17,352	28,857	47	355,514	623,429

CTRD: comprimento total dos ramos em desenvolvimento, em mm; DLF: diâmetro longitudinal do fruto, expresso em mm; DTF: diâmetro transversal do fruto, em mm; DLF/DTF: relação do diâmetro longitudinal e transversal do fruto, medida pela razão de DLF/DTF; MF: massa do fruto, expresso em g; MP: massa da polpa, em g; PRP: produção de polpa, medida pela razão de MP/MF; QBF: quantidade de botões florais, expresso em unidade; QFL: quantidade de flores, em unidade; QFO: quantidade de folhas, em unidade; QFR: quantidade de frutos, em unidade; QRA: quantidade de ramos em desenvolvimento, em unidade; Indiv: indivíduo; NM: nova média (BLUP Individual); *os dez primeiros indivíduos que apresentaram os maiores ganhos em cada uma das características avaliadas.

Os resultados mostraram que ocorreu uma alteração no ordenamento dos genótipos para cada uma das características avaliadas. Resultado semelhante foi observado no estudo de Maia *et al.* (2017), na cultura da mangueira, ao se estudar 12 descritores em experimento em condições controladas e com repetições.

Os descritores que apresentaram os maiores índices de correlação, como por exemplo, MF e MP (0,985), apresentaram alto grau de concordância, sendo os indivíduos com maiores ganho genéticos, MF 29, 4, 3, 69, 70, 41, 28, 59, 52 e 2; e MP 29, 4, 3, 70, 69, 30, 28, 2, 59 e 52. Isso atesta a existência de grande correlação entre essas características e que elas podem ser usadas pelos melhoristas para uma possível seleção indireta.

Em razão da existência de correlações genéticas entre as características de interesse, a seleção de genótipos superiores deve ocorrer por meio da seleção simultânea de características. Uma forma de aumentar o êxito da seleção é através da utilização dos índices de seleção, pois permitem a seleção com base em várias características de interesse (Gonçalves *et al.*, 2007).

No presente estudo, o índice de Mulamba-Rank foi utilizado para a seleção de indivíduos que apresentam frutos com características de interesse e indivíduos que apresentam melhor desempenho vegetativo em condições não irrigadas *in situ*. Foram realizadas várias tentativas, atribuindo-se pesos variados utilizando como base os resultados obtidos através das estimativas do coeficiente de repetibilidade, da acurácia, do teste de verossimilhança, das variâncias fenotípica e ambiental, dos valores das matrizes de correlação genética e levando em consideração as características de maior interesse, até que se chegasse a um patamar de ganhos preditos como satisfatórios. Sendo assim, os descritores DLF, DTF, DLF/DTF, MF, MP, PRP e QFR foram classificados como 'maior' e CTRD, QBFL, QFL, QFO e QRA, foram classificados como 'nulo'.

Foi possível obter ganhos percentuais favoráveis na seleção de genótipos que apresentaram frutos com características de interesse no melhoramento. Os dez genótipos que apresentaram melhor desempenho *in situ* foram: 29, 4, 3, 69, 41, 52, 43, 70, 30 e 16, proporcionando ganho de 1056,522% a 418,519% na seleção (Tabela 4).

Tabela 4 - Seleção de indivíduos avaliados pelo Índice Mulamba-Rank, para os descritores avaliados em plantas de maracujazeiro do mato (*Passiflora cincinnata* Mast) *in situ*.

Ordem	Genitor	Mulamba-Rank	Ganho	Ganho %
1	29	3,286	3,286	1056,522
2	4	4,857	4,071	833,333
3	3	5,857	4,667	714,286
4	69	6,429	5,107	644,056
5	41	8,143	5,714	565,000
6	52	8,286	6,143	518,605
7	43	8,714	6,510	483,699
8	70	9,000	6,821	457,068
9	30	9,286	7,095	435,571
10	16	9,429	7,329	418,519
11	28	9,571	7,533	404,483
12	10	12,143	7,917	380,000
13	61	13,000	8,308	357,407
14	34	13,714	8,694	337,089
15	59	14,714	9,095	317,801
16	27	16,429	9,554	297,757
17	32	18,286	10,067	277,462
18	2	19,286	10,579	259,190
19	14	20,000	11,075	243,109
20	55	21,571	11,600	227,586
21	6	22,143	12,102	213,997
22	64	22,714	12,584	201,961
23	21	23,000	13,037	191,472
24	67	25,000	13,536	180,739
25	60	26,143	14,040	170,655
26	11	28,571	14,599	160,294
27	68	28,571	15,116	151,383
28	5	28,857	15,607	143,478
29	49	29,000	16,069	136,481
30	25	31,714	16,591	129,047
31	24	32,857	17,115	122,025
32	51	32,857	17,607	115,822
33	13	33,429	18,087	110,101
34	23	34,143	18,559	104,754
35	57	34,286	19,008	99,914
36	26	35,714	19,472	95,150
37	47	36,714	19,938	90,589
38	15	40,571	20,481	85,536
39	62	41,000	21,007	80,889
40	65	41,429	21,518	76,598
41	39	43,714	22,059	72,264
42	42	44,143	22,585	68,253
43	63	44,571	23,096	64,528
44	56	46,143	23,620	60,880
45	17	46,429	24,127	57,500
46	19	47,429	24,634	54,261
47	54	49,286	25,158	51,045
48	20	49,571	25,667	48,052
49	31	49,571	26,155	45,290
50	58	51,000	26,651	42,582
51	46	52,143	27,151	39,957
52	71	52,429	27,637	37,495
53	75	52,857	28,113	35,168
54	72	54,571	28,603	32,852
55	53	55,143	29,086	30,648

(continua)

Tabela 4 - Seleção de indivíduos avaliados pelo Índice Mulamba-Rank, para os descritores avaliados em plantas de maracujazeiro do mato (*Passiflora cincinnata* Mast) *in situ*. (continuação)

Ordem	Genitor	Mulamba-Rank	Ganho	Ganho %
56	73	55,286	29,554	28,580
57	22	55,714	30,013	26,614
58	44	57,286	30,483	24,661
59	7	59,000	30,966	22,715
60	36	59,571	31,443	20,854
61	12	60,714	31,923	19,038
62	66	61,857	32,406	17,264
63	74	62,000	32,875	15,588
64	48	62,286	33,335	13,995
65	37	62,714	33,787	12,470
66	9	62,857	34,227	11,023
67	33	63,857	34,670	9,606
68	50	64,714	35,111	8,227
69	45	64,857	35,542	6,914
70	35	65,143	35,965	5,657
71	1	65,857	36,386	4,435
72	38	65,857	36,796	3,273
73	40	66,571	37,204	2,141
74	8	66,857	37,604	1,052
75	18	67,286	38,000	0,000

O maracujazeiro do mato, conforme enfatizado por Pereira *et al.* (2012) precisa deixar de ser explorada apenas pelo extrativismo e ocupar áreas de cultivo em escala comercial em condições de sequeiro. Desta forma, estratégias como a desta presente pesquisa podem constituir em uma mais uma alternativa por agricultores de base familiar, visando ao aumento da qualidade e produtividade de plantas.

A seleção individual de genótipos de maracujazeiro do mato (*Passiflora cincinnata* Mast) mediante REML/BLUP, tendo por base populações de plantas adaptadas *in situ* tem potencial de distinguir genótipos de melhor capacidade de adaptação ao conjunto de estresse abióticos que ocorrem em ambientes não controlados, à exemplo de estresse hídrico.

CONCLUSÕES

Este foi o primeiro trabalho a utilizar a metodologia REML/BLUP em genótipos de *Passiflora cincinnata* e em condições *in situ*.

Os valores observados para o teste de razão da verossimilhança, coeficiente de repetibilidade individual, acurácia seletiva e a variância fenotípica permanente dos descritores CTRD, DLF, DTF, DLF/DTF, MF, MP, PRP, QFO e QRA, foram satisfatórios. Evidenciando o alto controle genético, grande estabilidade repetição e precisão de seleção das variáveis, que

podem ser explorados em programas de melhoramento genético. Indicando a possibilidade de sucesso ao se selecionar os genótipos avaliados.

O diâmetro do fruto está altamente correlacionado com a massa do fruto, abrindo a possibilidade de selecionar indiretamente indivíduos no campo para ganho na produção de suco. Os dez genótipos que apresentaram melhor desempenho *in situ* foram: 29, 4, 3, 69, 41, 52, 43, 70, 30 e 16, proporcionando ganho de 1056,522% a 418,519% na seleção.

Estes resultados abrem a possibilidade para futuros trabalhos de seleção individual destes genótipos de *Passiflora cincinnata* que visem o ganho na produção fruto e suco desta espécie, ou através de cruzamentos, com vistas a obter ganhos para as espécies de maracujazeiro comerciais.

REFERÊNCIAS

ASSUNÇÃO, MP.; KRAUSE, W.; DALLACORT, R.; SANTOS, PRJ. & NEVES, LG. 2015. Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP. Revista Caatinga, vol. 28, no. 2, p. 57-63.

BORGES, AL. & LIMA, AA. 2009. Maracujazeiro. In: CRISÓSTOMO, LA. & NAUMOV, A. Adubando para alta produtividade e qualidade: fruteiras tropicais do Brasil. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, p. 166-180.

BORGES, V.; FERREIRA, PV.; SOARES, L.; SANTOS, GM. & SANTOS, AMM. 2010. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. Acta Scientiarum. Agronomy, vol. 32, no. 4, p. 643-649.

BRUNA, ED.; MORETO, AL. & DALBÓ, MA. 2012. Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina. Revista Brasileira de Fruticultura, vol. 34, no. 1, p. 206-215.

CLIMATE-DATA.ORG. Clima: Vitória da Conquista: Climograma, Temperatura e Tabela climática Vitória da Conquista - Climate-Data.org. Disponível em: <<https://pt.climate-data.org/location/293/>>. Acesso em: 12 mar. 2018.

CRUZ, CD. & REGAZZI, AJ. 1994. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Imprensa Universitária. 514 p.

FERREIRA, RT.; VIANA, AP.; SILVA, FHL.; SANTOS, EA. & SANTOS, JO. 2016. Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. Revista Brasileira de Fruticultura, vol.38, no. 1, p. 158-166.

GIANOLA, D. & HAMMOND, K. 1990. Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock. 1ª ed. Berlin: Springer-Verlag. 534 p.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, AP.; NETO, FVB.; PEREIRA, MG. & PEREIRA, TNS. 2007. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. Pesquisa Agropecuária Brasileira, vol. 42, no. 2, p. 193-198.

INMET. Instituto nacional de meteorologia. Disponível em: < <http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=bdmep/bdmep> >. Acesso em: 12 mar. 2018.

JUNIOR, MXO.; JOSÉ, ARS.; REBOUÇAS, TNH.; MORAIS, OM. & DOURADO, FWN. 2010. Superação de dormência de maracujá-do-mato (*Passiflora cincinnata* MAST.). Revista Brasileira de Fruticultura, vol. 32, no. 2, p. 584–590.

LIMA, AA.; VERZIGNASSI, JR.; ATAÍDE, EM.; OLIVEIRA, HJ. & RONCATTO, G. 2006. Demandas para as Pesquisas Relacionadas aos Aspectos Fitotécnicos. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: demandas para a pesquisa. Planaltina: Embrapa Cerrados. p. 43-48.

MAIA, MCC.; RESENDE, MDV.; OLIVEIRA, LC.; VASCONCELOS, LFL. & NETO, JFPL. 2014. ANÁLISE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE MANGA ROSA VIA REML/BLUP. Revista Agrotecnologia, vol. 5, no. 1, p. 01-16.

MAIA, MCC.; OLIVEIRA, LC.; VASCONCELOS, LFL.; NETO, JFPL.; YOKOMIZO, GK. & ARAÚJO, LB. 2017. Repetibilidade de características quantitativas de frutos em seleções elite de manga rosa. Revista Agroambiente, vol. 11, no. 1, p. 56–62.

NUNES, TS. & QUEIROZ, LP. 2006. Flora da Bahia: Passifloraceae. Sitientibus Série Ciências Biológicas, vol. 6, no. 3, p. 194–226.

OLIVEIRA, JC. & RUGGIERO, C. 2005. Espécies de maracujá com potencial agrônomo. In: FALEIRO, FG.; JUNQUEIRA, NTV. & BRAGA, MF. Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina: Embrapa Cerrados, p. 142–158.

PEREIRA, JS.; TELES, VO.; SILVA, JMF. & PARENTE, JD. 2012. Avaliação do crescimento do caule do maracujá-do-mato (*Passiflora cincinnata* Mast.) através de três formas de manejo. In: IV Encontro Universitário da UFC no Cariri, Juazeiro do Norte, Brasil. p. 1-5.

RESENDE, MDV. 2002. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 972 p.

RESENDE, MDV. 2004. Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo. Colombo: Embrapa Florestas. 57 p.

RESENDE, MDV. 2007. Software SELEGEN-REML/BLUP : sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas. 360 p.

RESENDE, MDV. & DUARTE, JB. 2007. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. Pesquisa Agropecuária Tropical, vol. 37, no. 3, p. 182–194.

SILVA, MGM.; VIANA, AP.; GONÇALVES, GM.; JÚNIOR, ATA & PEREIRA, MG. 2009. Seleção recorrente intrapopulacional no maracujazeiro amarelo: alternativa de capitalização de ganhos genéticos. Ciência agrotecnica, vol. 33, no. 1, p. 170-176.

STRINGER, JK. 1996. Evaluation of methods of estimating breeding value of sugarcane parental clones: SRDC final project report BS75S. Australia: Sugar Research and Development Corporation. 51 p.

5. CONCLUSÕES GERAIS

Tendo em vista os resultados obtidos, através da análise de componentes principais e validados pelos métodos Ward (1963) e Singh (1981) foi possível identificar e descartar variáveis redundantes de descritores morfoagronômicos, sem prejudicar a estimativa de diversidade e o agrupamento dos genótipos, além de propor uma lista reduzida de descritores morfoagronômicos.

Estes descritores foram: acidez titulável, comprimento da bráctea, comprimento da lâmina foliar, comprimento da pétala, comprimento da sépala, comprimento do pedicelo, comprimento dos anéis dos filamentos corona, diâmetro da ponta da corona, diâmetro longitudinal do fruto, largura da sépala, largura máxima da folha, número de frutos, número de sementes por fruto, peso da casca e massa do fruto.

Este foi o primeiro trabalho a utilizar a metodologia REML/BLUP em genótipos de *Passiflora cincinnata* e em condições *in situ*.

Os valores observados para o teste de razão da verossimilhança, coeficiente de repetibilidade individual, acurácia seletiva e a variância fenotípica permanente dos descritores CTRD, DLF, DTF, DLF/DTF, MF, MP, PRP, QFO e QRA, foram satisfatórios. Evidenciando o alto controle genético, grande estabilidade repetição e precisão de seleção das variáveis, que podem ser explorados em programas de melhoramento genético. Indicando a possibilidade de sucesso ao se selecionar os genótipos avaliados.

O diâmetro do fruto está altamente correlacionado com a massa do fruto, abrindo a possibilidade de selecionar indiretamente indivíduos no campo para ganho na produção de suco. Os dez genótipos que apresentaram melhor desempenho *in situ* foram: 29, 4, 3, 69, 41, 52, 43, 70, 30 e 16, proporcionando ganho de 1056,522% a 418,519% na seleção.

Estes resultados abrem a possibilidade para futuros trabalhos de seleção individual destes genótipos de *Passiflora cincinnata* que visem o ganho na produção fruto e suco desta espécie, ou através de cruzamentos, com vistas a obter ganhos para as espécies de maracujazeiro comerciais.

Genótipos que concentrem variações atípicas quanto aos descritores morfoagronômicos, decorrente da pesquisa descrita no capítulo I e que foram identificados como putativamente superiores quanto a condições de produção em sequeiro (capítulo II) serão mantidos e submetidos, respectivamente, em telado (propagação vegetativa) e em pesquisas básicas laboratoriais (validação da capacidade de crescimento e desenvolvimento vegetativos em condições ambiente adversas).