Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”

Melhoramento de maracujá doce: avaliação de progênies derivadas do
cruzamento entre genótipos selecionados para a produção e qualidade de
frutos

Anderson Roberto Benedetti

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2021

Anderson Roberto Benedetti
Licenciado e Bacharel em Ciências Biológicas

**Melhoramento de maracujá doce: avaliação de progênies derivadas do cruzamento
entre genótipos selecionados para a produção e qualidade de frutos**

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientadora:
Profa. Dra. **MARIA LUCIA CARNEIRO VIEIRA**

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP

Benedetti, Anderson Roberto

Melhoramento de Maracujá doce: avaliação de progênies derivadas do cruzamento de genótipos selecionados para a produção e qualidade de frutos / Anderson Roberto Benedetti. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011 - - Piracicaba, 2021.

66 p.

Dissertação (Mestrado) - - USP / Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. Maracujazeiro doce 2. *Passiflora alata* 3. Famílias de irmãos completos
4. Cruzamentos recíprocos 5. Fenologia do florescimento 6. Seleção I. Título

DEDICATÓRIA

Ao meu pai, Elias Roberto Benedetti,

Minha expiração de vida, meu herói, exemplo de determinação e de humildade.

Agradeço

A minha mãe, Rosineia Nogueira,
minha fonte de persistência e amor.

A minha irmã Kellem Benedetti,
por sempre me lembrar de nunca desistir e sempre persistir.

A minha sobrinha, Ana Ketlin Benedetti,
minha fonte de alegria.

A minha madrinha, Maria Antônia Benedetti,
minha fonte de fé e estímulo.

E por último, ao meu amigo e companheiro Luis Alberto Paiva,
que sempre me apoiou mesmo nas adversidades durante essa caminhada.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Chego ao fim dessa jornada, além de orgulhoso por achar que não iria conseguir e consegui, me sinto grato pela oportunidade ímpar e pelo crescimento, uma conquista que não é só minha, mais ainda, essa conquista pertence a um pequeno agricultor familiar, pobre, humilde e sonhador, que me apoiou, batalhou e se sacrificou para proporcionar a melhor educação possível para o seu filho. Essa conquista pertence ao meu pai, Elias Benedetti, meu herói, companheiro e parceiro dos momentos mais difíceis. Você tem o filho mais feliz do mundo e é o pai mais feliz. **Muito obrigado!**

Agradeço à Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP), pelo acolhimento na Vila Estudantil, e ao Departamento de Genética, pelo suporte acadêmico.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação de Estudos Agrários Luiz de Queiroz (FEALQ), pelas bolsas concebidas.

À Dra. Maria Lucia Carneiro Vieira, pela excelente orientação e confiança, pela oportunidade e pelo crescimento intelectual e profissional que me proporcionou durante a minha permanência em seu laboratório.

Ao Dr. Antônio Augusto F. Garcia e ao Dr. Kaio Olímpio das Graças Dias, pelas sugestões, auxílio e colaboração durante a análise dos experimentos.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos conhecimentos transmitidos.

Aos colegas do Laboratório de Genética Molecular de Plantas Cultivadas, que além de parceiros de trabalho, foram amigos, agradeço pela amizade e auxílios nos experimentos. Ao Carlos Alberto de Oliveira, pelo auxílio técnico, incontáveis ajudas no campo e laboratório. Aos amigos e parceiros da ESALQ, pela amizade, companheirismo, risadas, conversas descontraídas e convivência.

Ao Dr. Claudio Segatelli, aos funcionários João Pires, Francisco e demais funcionários de campo, pelo apoio e auxílio técnico na condução do experimento e todos os conhecimentos práticos compartilhados. A todos os funcionários do Departamento de Genética que nunca mediram esforços para colaborar com o meu trabalho.

Aos meus amigos de Piracicaba, pela confiança, amizade, e muitas conversas nos momentos bons e ruins. À Maristela Lima, amiga de longa data, pelos conselhos, companheirismo, jantares, gargalhadas, passeios e principalmente pela grande amizade.

Aos meus familiares que sempre me ouviram, aconselharam, que me ajudaram nas horas difíceis e me motivaram, sempre expressando preocupação e carinho.

Finalmente ao Luis por ter ficado ao meu lado, acompanhando, escutando, motivando, por me tirar do sério quase todos os dias, pelas tantas conversas acaloradas sobre assuntos diversos, por me ajudar a plantar e agora colher os frutos da dedicação que tanto me motivou, por toda atenção e carinho.

Sou eternamente grato a todos!

EPÍGRAFE

*“Mas o sonho falou mais alto, e quanto mais
alto parecia ser, mais alta estava a vontade de
vencer”.*

(Alexander Carlo)

SUMÁRIO

RESUMO	7
ABSTRACT	8
1. INTRODUÇÃO	9
REFERÊNCIAS	12
2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	15
3. MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1. Cruzamento entre os genótipos selecionados e obtenção das progênes	19
3.1.1. Cruzamentos.....	19
3.1.1.1. Compatibilidade entre genitores	19
3.1.1.2. Obtenção das progênes	20
3.1.2. Obtenção das mudas.....	21
3.2. Área experimental	22
3.2.1. Preparação da área de plantio.....	22
3.2.2. Tratos culturais.....	23
3.3. Delineamento experimental e análise fenotípica	24
3.4. Análises estatísticas.....	26
3.4.1. Fenologia da floração.....	26
3.4.2. Qualidade do fruto	27
4. RESULTADOS.....	31
4.1. Compatibilidade entre genitores e obtenção das progênes	31
4.2. Fenologia do florescimento	33
4.3. Análises fenotípicas para qualidade do fruto	42
4.4. Performance das famílias e potencial de seleção	45
5. DISCUSSÃO	49
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	55
REFERÊNCIAS	57
ANEXOS	61

RESUMO

Melhoramento de maracujá doce: avaliação de progênes derivadas do cruzamento de genótipos selecionados para a produção e qualidade de frutos.

Apesar de sua importância econômica, algumas frutíferas tropicais são amplamente negligenciadas, principalmente do ponto de vista do melhoramento genético. Portanto, estudos focados no manejo dessas culturas e análises genéticas e fenotípicas e sobre o comportamento reprodutivo ainda são necessários, especialmente para o maracujá doce (*Passiflora alata*), uma cultura que vem conquistando novos clientes e mercado, devido ao aroma e sabor típico de seus frutos. Assim, o presente trabalho teve como objetivo a estimação de parâmetros genéticos relacionados à qualidade de fruto e produtividade em 24 famílias de irmãos completos de maracujá doce. Adicionalmente foi analisado o período de florescimento de cada família. Em estudos prévios, uma população segregante composta de 100 irmãos completos foi avaliada, e 30 foram selecionados. Sequencialmente, os 30 genótipos foram reavaliados e 6 deles selecionados para caracteres de qualidade de frutos. No presente estudo, esses genótipos foram intercruzados em dialelo completo (6x6), resultando em 24 famílias de irmãos completos e avaliadas em campo experimental. Foi usado o delineamento de blocos casualizados, com 4 repetições e parcelas compostas de 3 plantas (15 m²/planta), amarradas e dispostas em treliças de arame. Os seguintes caracteres foram avaliados: peso (PF, em g), diâmetro (DF, em mm) e comprimento (CF, em mm) do fruto, espessura (EC, em mm) e peso (PC, em g) da casca, peso (PP, em g) e rendimento (RP, em %) da polpa e teor de sólidos solúveis totais (SST, em °Brix); e produtividade. Diferenças significativas foram encontradas entre as famílias para todos os caracteres, com exceção de SST; e igualdade nas variâncias de famílias e de recíprocas foi detectada para todos os caracteres, com exceção de EC. Os coeficientes de variação variaram de 0,02% (SST) até 27,35% (Produtividade); e as estimativas de herdabilidade oscilaram entre zero (SST) até 0,75 (DF). Utilizando os valores genéticos preditos por BLUP, foram aplicados dois índices de seleção e assim 8 famílias indicadas como superiores, quais sejam: ♀49♂21, ♀49♂140, ♀21♂122, ♀125♂122 e as recíprocas ♀21♂49, ♀140♂49, ♀122♂21 e ♀122♂125. Oportunamente, as famílias selecionadas apresentam um pico de florescimento coincidente, em maio, com exceção da família ♀125♂122 e a recíproca ♀122♂21, ambas com o pico de florescimento em novembro. Nossos resultados indicam que se deve considerar a fenologia de floração das famílias visando conduzir cruzamentos em *P. alata* de maneira a disponibilizar sementes aos produtores.

Palavras-chave: Maracujazeiro doce, *Passiflora alata*, Famílias de irmão completos, Cruzamentos recíprocos, Fenologia do florescimento, Seleção

ABSTRACT

Sweet passion fruit breeding: evaluation of progenies from crosses between genotypes selected for yield and fruit quality

Despite their economic importance, some tropical fruit species are largely neglected, mainly from the point of view of genetic breeding. Therefore, studies focused on the management of these crops, and genetic, phenotypic and reproductive behavior analysis are still necessary, especially for the sweet passion fruit (*Passiflora alata*), a crop that is gaining new customers and market due to the typical aroma and flavor of its fruits. Thus, the present work aimed to estimate genetic parameters and response to selection for eight traits related to fruit quality and yield in 24 full-sib families of sweet passion fruit. In addition, the flowering period of each family was analyzed. In previous studies, a segregating population consisted of 100 full-sibs was evaluated and 30 of them were selected. Sequentially, the 30 genotypes have been re-evaluated and six of them were selected for fruit quality traits. In the present study, these superior genotypes have been intercrossed in a complete diallel design (6x6), resulting in 24 full-sib families, which were evaluated in an experimental field. A randomized block design was used, with 4 replicates, and plots consisting of 3 plants (15 m²/plant), tied and supported on wire trellises. The following traits were evaluated: weight (PF, in g), diameter (DF, in mm) and length (CF, in mm) of the fruit, thickness (EC, in mm) and weight (PC, in g) of the skin, weight (PP, in g) and yield (RP, in%) of the pulp, total soluble solids content (SST, in °Brix); and yield. Significant differences between families for all traits were found, excepting SST; an equality of variances of families and their reciprocals were detected for all traits, excepting EC. The coefficients of variation ranged from 0.02% (SST) to 27.35% (Yield); and heritability estimates ranged from zero (SST) to 0.75 (DF). Using genetic values predicted by BLUP, two selection indices were applied and 8 families were indicated as superior: ♀49♂21, ♀49♂140, ♀21♂122, ♀125♂122 and the reciprocals ♀21♂49, ♀140♂49, ♀122♂21 and ♀122♂125. Opportunely, the selected families show a coincident flowering peak in May, with the exception of the ♀125♂122 family and its reciprocal ♀122♂21, both with a flowering peak in November. Our results indicate that the flowering phenology should be considered to conducting crosses in *P. alata* in order to make seeds available to producers.

Keywords: Sweet passion fruit, *Passiflora alata*, Full-sib families, Reciprocal crosses, Flowering phenology, Selection

1. INTRODUÇÃO

Segundo a Organizações das Nações Unidas (ONU), a população mundial chegou a 7,70 bilhões em 2019, e prevê-se que chegará a 11 bilhões até o fim do século XXI (ONU, 2019). Com essa perspectiva, torna-se frequente a preocupação com um futuro desabastecimento de alimentos, pois, mesmo com os notáveis esforços para o aumento da produtividade nas últimas décadas, será necessária uma produção 70% maior em 2030 em relação ao que se produz atualmente. Com o iminente cenário, a Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO) enfatiza o importante papel do Brasil para suprir o aumento da demanda alimentícia, tornando-se o principal fornecedor de alimentos e commodities para o mundo, principalmente em produtos-chave como: açúcar, café, frutas tropicais, suínos e aves (FAO, 2017).

É indiscutível o destaque brasileiro na agricultura mundial, ocupando o topo do ranking na produção de diversas culturas e/ou derivados agrícolas. Pertinentemente, somente em 2019, o setor foi responsável por 21,4% do Produto Interno Bruto (PIB) brasileiro (veja MAPA, 2020). No agronegócio, uma área que se destaca é a fruticultura. O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de frutas, produzindo cerca de 44 milhões de toneladas em 2019, ficando atrás da China e da Índia, com uma produção de 265 milhões e 93,07 milhões de toneladas, respectivamente (veja ABRAFRUTAS, 2020). Destacam-se em produtividade as seguintes culturas: laranja (~43,2%), banana (~16,3%), melancia (~5,7%) e abacaxi (~3,8%), com destaque para os estados de São Paulo, Bahia, Pará e Rio Grande do Sul, representando aproximadamente 58,5% da área total de colheita (CARVALHO et al., 2019).

A tendência mundial na procura por um estilo de vida saudável e dieta balanceada tem gerado uma alta procura pela qualidade das frutas brasileiras e, conseqüentemente, vem impulsionando o setor. Isso motiva as principais instituições de pesquisa agrícola a se envolverem com trabalhos que levem ao aumento da produtividade e, como consequência, promover uma redução de custos, permitindo o maior acesso a esse tipo de alimento por parte da população.

Entretanto, a fruticultura ainda precisa vencer muitos obstáculos. Acredita-se que o país desperdiça cerca de 15% do total de frutas produzidas. Entre os fatores que influenciam esse número, podem ser citados: desconhecimento do produtor sobre o manejo pós-colheita (20%); ausência de estruturas de armazenamento (10%); processamento e embalagens inadequadas (20%); falta de logística de distribuição (12%); plantio e consumo doméstico (10%) (CEDES, 2018); e carência de oferta de variedades geneticamente melhoradas, sobretudo de fruteiras nativas.

Entre a gama de espécies frutíferas de mesa cultivadas no Brasil, apenas uma pequena fração é de nativas, como a goiaba, o caju, o abacaxi e o maracujá, que são cultivadas e conhecidas pelo consumidor. Em vista disso, os programas de melhoramento de fruteiras têm objetivos variados de acordo com a espécie e o ambiente estudado. Dentre as tendências principais, estão: o desenvolvimento de cultivares que apresentem um manejo simplificado, diminuindo os custos de produção; cultivares que apresentem um aumento da resistência aos estresses bióticos e abióticos; a ampliação das zonas de adaptação das culturas; e a melhoria da qualidade dos frutos (VIANA e RESENDE, 2014).

Dentre as frutíferas nativas cultivadas está o maracujazeiro (*Passiflora* spp.), que tem contribuído para a geração de renda na agricultura familiar. No Brasil, o cultivo do maracujá começou relativamente há pouco tempo e garantiu ao país uma posição de destaque, como o maior produtor mundial.

O maracujazeiro pertence ao gênero *Passiflora* (Passifloraceae), é originário da América tropical e subtropical sendo a grande maioria das espécies encontrada no Brasil (veja REFLORA, 2020). Destas, apenas uma

fração de espécies é cultivada comercialmente como frutíferas, incluindo *Passiflora edulis* Sims (maracujá-azedo, maracujá amarelo), *P. alata* Curtis (maracujá-doce, maracujá-açu, maracujá mamão), *P. setacea* DC (maracujá do sono, maracujá do cerrado, maracujá pérola, maracujá sururuca, maracujá cobra) e *P. cincinnata* Mast. (maracujá do mato, maracujá da caatinga). Outras, como *P. edulis* Sims f. *edulis* (maracujá roxo nativo), *P. nítida* Kunth (maracujá suspiro, maracujá do cerrado) e *P. quadrangularis* L. (maracujá gigante, maracujá de quilo) são cultivadas de maneira local ou regional.

Um outro mercado que vem ganhando força entre as passifloras no Brasil é a utilização de híbridos interespecíficos para fins ornamentais (CONCEIÇÃO et al., 2011; BELO et al., 2018) e já tem tradição no mercado europeu (veja ABREU et al., 2009; FALEIRO et al., 2019). O óleo de sementes de *Passiflora* também é adequado para o uso como ingrediente regenerativo em produtos cosméticos (FERRARI et al., 2004). Mais tradicionalmente, algumas passifloras são usadas como fitoterápicos, como *P. incarnata* L. e *P. alata* Curtis para a extração de passiflorina, um sedativo natural (FONSECA et al., 2020).

Existe uma perspectiva de expansão para o cultivo do maracujá azedo e doce no país, considerado como principal produtor e consumidor dos frutos de *Passiflora*. Há muitas áreas com boas condições de solo e clima adequados para o cultivo e desenvolvimento de maracujá em todos os territórios fitogeográficos do Brasil (CARVALHO et al., 2019). No ano de 2019, foram cultivados 41.800 hectares, com uma produção de 593.429 toneladas de fruto, com a grande maioria da produção (~80%) destinada à indústria de suco concentrado e o restante consumido como fruto de mesa (IBGE, 2019).

A maior parte dos pomares comerciais é ocupado pelo maracujá azedo (~90%) (MELETTI e BRUCKNER, 2001; CERQUEIRA-SILVA et al., 2014), entretanto o fruto do maracujá-doce alcança o triplo do valor do azedo nos mercados. Este é um dos principais motivos para a expansão dos pomares de maracujá doce. A fruta tem um sabor exótico, o que é um atrativo para o consumo *in natura* e também na forma de produtos processados. Devido ao seu alto valor comercial e à procura nas prateleiras, é desejável cultivá-lo em maior escala.

Mesmo com o evidente potencial da cultura do maracujá doce como frutífera tropical, são raros os estudos genéticos e as iniciativas de melhoramento dirigidos para melhorar tal cultura. A única iniciativa foi desenvolvida pela Embrapa Cerrados, que lançou em 2017 a cultivar “BRS Mel do Cerrado” (EMBRAPA, 2017). Tal carência é derivada do alto custo para o estabelecimento de populações em condições de campo, além de existir pouco conhecimento sobre os tratos culturais para o desenvolvimento dos pomares, sendo este aspecto entendido pelo agricultor como um investimento de risco. Além dos custos da lavoura, a carência de variedades melhoradas é responsável pela evidente heterogeneidade dentro dos pomares, tanto em produtividade quanto para a qualidade dos frutos.

Nesse cenário, nosso grupo de pesquisa tem focado esforços para conhecer as melhores práticas para conduzir a lavoura e realizar estudos que possam levar ao desenvolvimento de cultivares e consequentemente propiciar a expansão do cultivo no país. Cabe mencionar que *P. alata* é uma espécie diploide ($2n = 18$) e de cruzamento obrigatório devido à ocorrência de um mecanismo de autoincompatibilidade (FERREIRA et al. 2010).

Assim, inicialmente, a partir de um cruzamento contrastante bi-parental dos acessos SV3 (genitor masculino) e 2(12) (genitor feminino), foi obtida uma população F_1 segregante que foi empregada como população de estudo (NUNES, 2010; LAPERUTA, 2011; PEREIRA et al., 2013; PEREIRA et al., 2017; CHAVARRÍA-PÉREZ et al., 2020). O acesso SV3 foi disponibilizado por um agricultor de uma área de produção na região de Piracicaba, SP. O acesso 2(12) foi cedido à ESALQ pela Embrapa Cerrados e pertence a uma progênie cuja planta-

mãe foi coletada na região Amazônica, sendo que os detalhes da origem do 2(12) podem ser consultados em Ferreira et al. (2010).

Os progenitores apresentam características de interesse agrônomo contrastantes. O genitor masculino (SV3) mostra maior vigor, com uma formação da cortina produtiva precoce comparativamente ao genitor feminino [2(12)], bem como são superiores a produção de biomassa e o tamanho de suas folhas. Para as características de fruto, o SV3 apresenta frutos de formato ligeiramente ovalado com tamanho considerado de pequeno a médio (130 a 150 gramas, aproximadamente), com uma casca mais fina em comparação aos frutos do 2(12) e um conteúdo de polpa com coloração alaranjado escuro e aromática.

O genitor 2(12) possui frutos arredondados, de tamanho superior aos do SV3 e o peso variando entre 200 a 230 gramas e, por outro lado, seus frutos apresentam cascas mais pesadas e com maior espessura. Ao comparar o conteúdo de polpa e peso, neste genitor são inferiores, o que faz apresentar menor rendimento de polpa e coloração amarelada quase imperceptível (CHAVARRÍA-PÉREZ, 2018).

A análise dessa população F_1 , constituída por 180 irmãos completos, permitiu a construção do primeiro mapa genético da espécie (PEREIRA et al., 2013). Além disso, indivíduos dessa população (100 dos 180) foram avaliados para a qualidade de frutos, utilizando para tal o delineamento em látice quadrado 10×10 com duas repetições, em dois locais, durante dois anos consecutivos (NUNES, 2010; LAPERUTA, 2011). Em ambos os trabalhos, constatou-se uma ampla variabilidade genética, sugerindo a possibilidade de exploração da população de irmãos completos visando à seleção.

Complementando, Pereira et al. (2017) estimaram parâmetros genéticos utilizando análises estatísticas apuradas, além de mapearem locos quantitativos (Quantitative Trait Loci – QTLs) associados com o controle da qualidade de frutos. Para a estimação dos principais parâmetros fenotípicos, a abordagem de modelos mistos foi empregada, além da metodologia de mapeamento por intervalo composto (CIM) para a geração do mapa. As magnitudes das correlações genéticas entre os caracteres relacionados à qualidade de frutos também foram estimadas.

Desta forma, foi possível selecionar 30 genótipos superiores (dos 100) com um índice de seleção multiplicativo visando à diminuição do peso e da espessura da casca e o aumento do conteúdo de polpa, levando em conta a correlação entre os caracteres.

Sequencialmente, essa amostra de 30 indivíduos foi reavaliada por Chavarría-Pérez et al. (2020) para os mesmos caracteres fenotípicos e produtividade (Figura 1) adotados por Pereira et al. (2017), em três condições ambientais, utilizando o delineamento em blocos casualizados (DBC), com 6 repetições em um dos ambientes e 3 repetições nos restantes, sendo cada parcela constituída por 3 plantas (clones). Assim, foram estimados parâmetros genéticos e fenotípicos, herdabilidade, correlações genéticas e resposta esperada à seleção, tendo por base a adoção de modelos mistos para a predição dos valores genéticos (REML/BLUPS).

Tais resultados demonstraram haver altas correlações genéticas (Figura 1) entre os principais caracteres do fruto, e valores elevados para a herdabilidade dos caracteres, valores que favorecem a prática de seleção. Por fim, com aplicação de um índice multiplicativo para fins de seleção, foi possível selecionar 6 genótipos (dos 30) indicados como superiores (CHAVARRÍA-PÉREZ et al., 2020).

A partir dessa subamostra de 6 genótipos pré-selecionados, torna-se promissor evidenciar, por cruzamento, todas as combinações que possuem potencial genético para originar progênes com boa produção e qualidade de frutos.

Figura 1. Histograma (diagonal), gráficos de dispersão (abaixo da diagonal) e correlações genotípicas (acima da diagonal) para nove caracteres de uma população segregante de irmão completos de maracujazeiro-doce: peso de fruto (WF), diâmetro de fruto (DF), comprimento do fruto (LF), espessura de casca (TS), peso da casca (WS), peso de polpa (WP), rendimento de polpa (YP), sólidos solúveis totais (SS) e Produtividade (Yield). Fonte: Chavarría-Pérez et al. (2020).

Neste cenário, o objetivo desta pesquisa foi avaliar em campo experimental a performance agrônômica das famílias de maracujá doce, oriundas do inter cruzamento em dialelo completo, incluindo os recíprocos, dos 6 genótipos previamente selecionados (PEREIRA et al., 2017; CHAVARRÍA-PÉREZ et al., 2020), com o interesse de indicar as melhores famílias para a qualidade de frutos, produtividade e época de florescimento coincidentes, possibilitando, assim, ranquear as famílias quanto à melhor performance e indicar os melhores pais inter cruzantes.

Referências

- ABRAFRUTAS. Os rumos da produção de frutas no Brasil. **Associação Brasileira do Produtores, Exportadores de Frutas e Derivados**, 04 de nov. 2019. Disponível em: <<https://abrafrutas.org/2019/11/04/os-ru-mos-da-producao-de-frutas-no-brasil/>>. Acesso em: 15 de set. 2020.
- ABREU, P.P; SOUZA, M.M; SANTOS, E.A; PIRES, M.V; PIRES, M.M; ALMEIDA, A.F. Passion flower hybrids and their use in the ornamental plant market: perspectives for sustainable development with emphasis on Brazil. **Euphytica**, v. 166, p. 307-315, 2009.
- BELO, G. O.; SOUZA, M. M.; SILVA, G. S.; LAVINSCKY, M. P. Hybrids of *Passiflora*: *P. gardneri* versus *P. gibertii*, confirmation of paternity, morphological and cytogenetic characterization. **Euphytica**, n. 214, v. 2, 2018.
- CARVALHO, C; KIST, B.B; BELING, R.R. **Brazilian Horti&Fruit yearbook**. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta, 96 p., 2019.

- CEDES – Centro de Estudos e Debates Estratégicos. Consultoria Legislativa da Câmara dos Deputados. **Perdas e desperdício de alimentos – estratégias para redução**. Série de cadernos de trabalhos e debates 3. Brasília, DF, p. 260, 2018.
- CERQUEIRA-SILVA, C.B.M; CONCEIÇÃO, L.D.H.C.S; SOUZA, A.P; CORRÊA, R.X. A history of passion fruit woodiness disease with emphasis on the current situation in Brazil and prospects for Brazilian passion fruit cultivation. **European Journal of Plant Pathology**, n. 139, p. 261-270, 2014.
- CHAVARRÍA-PÉREZ, L.M. **Estudos genéticos em uma população segregante de maracujá doce selecionada para qualidade de fruto**. 2018. 93 p. Tese (Douto em Ciências). Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. 2018.
- CHAVARRÍA-PÉREZ, L.M; GIORDANI, W; DIAS, K.O.G; COSTA, Z.P; RIBEIRO, C.A.M; BENEDETTI, A.R; CAUZ-SANTOS, L.A; PEREIRA, G.S; ROSA, J.R.B.F; GARCIA, A.A.F; VIEIRA, M.L.C. Improving yield and fruit quality in sweet passion fruit: Evidence for genotype by environment interaction and selection of promising genotypes. **PLoS ONE**, v. 15, n. 5, 2020.
- CONCEIÇÃO, L.D.H.C.S.; SOUZA, M.M; BELO, G.O; SANTOS, S.F.; FREITAS, J.C.O. Hybridization among wild passion flower species. **Brazilian Journal of Botany**, v. 34, n. 2, p. 237-240, 2011.
- EMBRAPA. Embrapa lança cultivar de maracujá doce. 8 de dez. 2017. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/30461692/embrapa-lanca-cultivar-de-maracuja-doce> >. Acesso em: 12 de nov. 2020.
- FALEIRO, F.G; JUNQUEIRA, N.T.V; JUNGHANS, T.G; JESUS, O.N; MIRANDA, D; OTONI, W.C. Advancements in passion fruit (*Passiflora spp.*) propagation. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.41, n. 2, abr. 2019.
- FAO. Representante da FAO Brasil apresenta cenário da demanda por alimentos. **FAO in Brazil**, Brasília, 28 de jun. 2017. Disponível em: < <http://www.fao.org/brasil/noticias/detail-events/pt/c/901168/> >. Acesso em: 13 de out. 2020.
- FERRARI, R.A; COLUSSI, F; AYUB, R.A. Caracterização de subprodutos da industrialização do maracujá-aproveitamento das sementes. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 26, n. 1, p. 101-102, 2004.
- FERREIRA, T.G; PENHA, H.A; ZUCCHI, M.I; SANTOS, A.A; HANAI, L.R; JUNQUEIRA, N; BRAGA, M.F; VENCOSKY, R; VIEIRA, M.L.C. Outcrossing rate in sweet passion fruit based on molecular markers. **Plant Breeding**, v. 129, n. 6, p. 727-730, 2010.
- FONSECA, L.R; RODRIGUES, R.A; RAMOS, A.S; CRUZ, J.D; FERREIRA, J.L.P; SILVA, J.R.A; AMARAL, A.C.F. Herbal medicinal products from *Passiflora* for anxiety: na unexploited potential. **The Scientific World Journal**, v. 2020, 2020.
- IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção Agrícola Municipal**. 2019. Disponível em: < <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457> >. Acesso em: 10 dez. 2020.
- LAPERUTA, L.D.C. **Estudos de uma população segregante (F1) de maracujá-doce: enriquecimento do mapa de ligação e mapeamento de QTL para produção e qualidade de fruto**. 2011. 134 p. Tese (Doutora em Ciências). Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2011.
- MAPA. Agropecuária brasileira em números. **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**, Brasília, 22 de abr. 2020. Disponível em: < <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/politica-agricola/todas-publicacoes-de-politica-agricola/agropecuaria-brasileira-em-numeros/agropecuaria-brasileira-em-numeros-abril-de-2020> >. Acesso em: 14 de nov. 2020.

- MELETTI, L. M. M.; BRUCKNER, C. H. Melhoramento Genético. *In*: BRUCKNER, C. H.; PICANÇO, M. C. (eds.) **Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria e mercado**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2001. p. 345-385.
- NUNES, E.S. **Caracterização fenotípica e molecular de uma população F1 de maracujá-doce visando à construção de mapas de ligação e identificação de QTL**. 2010. 138 p. Tese (Doutor em Ciências). Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2010.
- ONU. População mundial deve ter mais 2 bilhões de pessoas nos próximos 30 anos. **ONU News**, 17 de jun. 2019. Disponível em: < <https://news.un.org/pt/story/2019/06/1676601> >. Acesso em: 13 de nov. 2020.
- PEREIRA, G.S; LAPERUTA, L.D.C; NUNES, E.S; CHAVARRÍA-PÉREZ, L; PASTINA, M.M; GAZAFFI, R; GERALDI, I.O; GARCIA, A.A.F; VIEIRA, M.L.C. The sweet passion fruit (*Passiflora alata*) crop: genetic and phenotypic parameter estimates and QTL mapping for fruit traits. **Tropical Plant Biology**, v. 10, n. 1, 2017.
- PEREIRA, G.S; NUNES, E.S; LAPERUTA, L.D.C; BRAGA, M.F; PENHA, H.A; DINIZ, A.L; MUNHOZ, C.F; GAZAFFI, R; GARCIA, A.A.F; VIEIRA, M.L.C. Molecular polymorphism and linkage analysis in sweet passion fruit, an outcrossing species. **Annals of Applied Biology**, v.162, n.3, p. 347-361, 2013.
- REFLORA. *Passiflora in Flora do Brasil 2020*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro, 2020. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/FichaPublicaTaxonUC/FichaPublicaTaxonUC.do?id=FB12506>>. Acesso em: 10 nov. 2020.
- VIANA, A.P.; RESENDE, M.D.V. **Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras**. 1.ed. Rio de Janeiro, Brasil: Editora INTERCIÊNCIA, 2014.

2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

O maracujazeiro (*Passiflora* spp.) pertence à família Passifloraceae, a qual contém cerca de 700 espécies classificadas em 16 gêneros. Destas, apresenta-se o gênero *Passiflora*, que engloba a maioria dos membros da família, 520 espécies, aproximadamente (FEUILLET, 2004). São distribuídas pantropicalmente, com grande maioria das espécies presente em regiões Neotropicais (ULMER & MACDOUGAL, 2004). No Brasil, há 238 espécies (153 nativas e 85 endêmicas), distribuídas em todos os domínios fitogeográficos do país, caracterizando-se como um dos principais centros de diversidade genética do gênero (veja REFLORA, 2020).

Já há algum tempo, o gênero atrai considerável atenção devido ao seu valor econômico, ampla distribuição geográfica e notável diversidade de espécies, particularmente no que diz respeito à morfologia floral, popularmente conhecida como flor da paixão. Seu principal valor econômico reside na produção de frutos para suco concentrado, ingrediente exótico essencial na mistura de sucos, e também na venda para o consumo *in natura*.

Dentre as *Passifloras*, somente uma pequena fração de espécies são dadas como cultivadas, como: *Passiflora edulis* Sims, *P. alata* Curtis, *P. setacea* DC, *P. ligularis* Juss, *P. maliformis* L, *P. quadrangulares* L, *P. cincinnata* Mast e *P. nitida* Kunth, (CARLOSAMA et al., 2020; FALEIRO et al., 2019). As espécies *P. edulis* e *P. alata* possuem maior interesse comercial no Brasil, sendo as mais bem aceitas pelo consumidor.

O Brasil rapidamente se tornou o principal produtor e consumidor mundial do fruto (CARVALHO et al., 2019). Grande parte dos pomares industriais (90%, aproximadamente) é destinada para o maracujazeiro azedo (*P. edulis*), principalmente pela aceitação comercial, pela qualidade dos frutos e sua utilização em agroindústrias devido à maior rentabilidade de suco (MELETTI e BRUCKNER, 2001). Entretanto, quando considerado o mercado de frutas frescas, o maracujá doce pode ser priorizado, já que atinge, em geral, o triplo do valor comercial quando comparado ao preço do azedo (veja EMBRAPA, 2019). Isso se deve aos altos custos do estabelecimento de pomares em campo, à falta de homogeneidade e, principalmente, à falta de cultivares melhoradas, o que se torna um entrave ao maior desenvolvimento comercial da cultura.

O maracujazeiro doce (*P. alata*) é uma espécie diploide ($2n=18$), autoincompatível e, portanto, de cruzamento. A planta comporta-se como trepadeira, possuindo caule quadrangular e de aresta alada, lenhoso com alto teor de lignina, diminuindo ao se aproximar do ápice, apresentando gavinhas axilares, estípulas e folhas lanceoladas (7 a 15 cm de comprimento e 5 a 10 cm de largura) e com 2 a 4 glândulas no pecíolo. Além disso, seu sistema radicular é do tipo pivotante, com raízes distribuídas uniformemente nos primeiros 30 cm de profundidade no solo (BRAGA et al., 2005).

Em geral, a espécie apresenta frutos amarelo-alaranjados, polpa de cor branca, amarela à laranja, forma oval, oboval ou piriforme, com aroma característico e sabor exótico, doce-acidulado. Suas flores são formadas nas axilas foliares (de 1 a 3 gemas), são grandes e pesadas, com coloração arroxeada, aromática e abundante em néctar, o que é um atrativo aos insetos polinizadores. Tratam-se de flores hermafroditas (perfeitas) de cruzamento natural obrigatório entre plantas, decorrente do mecanismo de autoincompatibilidade.

Tal mecanismo é hereditário, de tal sorte que os indivíduos que carregam os mesmos alelos nos locos envolvidos são incompatíveis e não produzem frutos. Inicialmente, acreditava-se que o mecanismo de incompatibilidade no maracujazeiro azedo apresentava caráter esporofítico (loco *S*) (BRUCKNER et al. 1995). Entretanto, Suassuna et al. (2003) evidenciaram haver uma interação gametofítica-esporofítica, indicando que outro loco estaria atuando conjuntamente.

Esse sistema reprodutivo contribui para a manutenção da diversidade genética populacional e, consequentemente, para um maior número esperado de heterozigotos, ocorrendo, portanto, disparidade na produção, formato, tamanho, peso do fruto e polpa de coloração variadas (BERNACCI et al., 2003). Essa heterogeneidade dentre os caracteres é facilmente observada em populações comerciais de maracujazeiro azedo (MELETTI et al., 1992). Há uma certa dificuldade para se estabelecer variedades melhoradas, em função da biologia reprodutiva da espécie, do ciclo de vida, da natureza quantitativa e a existência de correlações negativas entre os caracteres relacionados à qualidade e produção dos frutos, como exposto por Pereira et al. (2017) e Chavarria-Pérez et al. (2020), relativamente ao maracujá doce.

Em vista disso, a demanda por cultivares que sejam homogêneos, produtivos e com ideal resposta ao manejo de pragas, se torna fundamental (BRAGA et al., 2005). Para Faleiro et al. (2020), um cultivar de maracujá doce adequado deve apresentar frutos grandes (200 a 300 gramas), periformes ou ovalados, com ápice arredondado, casca firme, sem amolecimento apical, boa resistência ao transporte, boas condições de fruto pós-colheita (por no mínimo 7 dias), apresentar coloração amarelo alaranjada, resistente a antracnose e outras enfermidades, polpa amarelada, teor de sólidos solúveis em ° Brix ≥ 20 , rendimento de polpa $>30\%$ e com o máximo de 60% de casca.

Contudo, são raros os estudos direcionados à cultura, havendo práticas de seleção empírica. Atualmente, é comercializado apenas um cultivar da espécie, especificamente adaptado ao Cerrado, no centro-oeste brasileiro, denominado “BRS Mel do Cerrado” (EMBRAPA, 2017).

Diante do presente cenário, nosso grupo de pesquisa iniciou os trabalhos com a espécie gerando uma progênie segregante constituída por 100 irmãos completos de maracujá doce, objetivando selecionar genótipos superiores e visando disponibilizá-los a produtores locais do Estado de São Paulo. Assim, a população segregante foi avaliada em dois locais, durante dois anos, para diferentes caracteres relacionados à qualidade de fruto (NUNES, 2010; LAPERUTA, 2011). Posteriormente, Pereira et al. (2017) a partir desses, selecionaram 30 indivíduos superiores que foram reavaliados em 3 locais, utilizando a abordagem de modelos mistos para a predição de valores genéticos, estimando vários parâmetros genéticos e fenotípicos, incluindo herdabilidade, correlação genética e resposta esperada à seleção. Com base em um índice multiplicativo (MSI) para fins de seleção de 20% dentre os 30, seis genótipos foram indicados como superiores: 49, 21, 107, 127, 140 e 122 (CHAVARRÍA-PÉREZ et al., 2020).

Como mencionado na Introdução, há evidências da autoincompatibilidade na espécie (ARASU, 1968; FERREIRA et al., 2010). Isso é um desafio para os produtores de sementes, já que os genótipos a serem utilizados nos pomares pelo produtor devem ser compatíveis. Por esse motivo e principalmente por serem de genótipos aparentados (irmãos completos) os quais, possivelmente, contem alelos comuns nos locos de incompatibilidade, Chavarria-Pérez et al. (2020) conduziram um cruzamento em dialelo completo (6x6), com recíprocos e autopolinização, envolvendo todos os genótipos selecionados. A autoincompatibilidade na espécie foi evidenciada pela ausência de frutificação entre todas as autopolinizações e os genótipos incompatíveis entre si foram caracterizados (Tabela 1). Observou-se a compatibilidade entre a maioria dos genótipos ($>50\%$) e a produção de frutos em todas as plantas-mães.

Tabela 1. Resultado das autopolinizações e dos cruzamentos (inclusive os recíprocos) envolvendo seis genótipos selecionados de maracujá-doce. Fonte: Chavarría-Pérez et al. (2020).

♀ ♂	21	49	107	122	125	140
21	-	+	-	+	+	+
49	+	-	+	40%	+	+
107	26.7%	+	-	+	+	+
122	+	+	+	-	25%	11.1%
125	+	+	25%	25%	-	-
140	+	+	+	-	7.7%	-

Convém comentar que dentre a gama de métodos biométricos, um método amplamente utilizado no melhoramento de plantas para avaliar o desempenho dos pais e, conseqüentemente, apontar os cruzamentos mais promissores dentro de um *pool* genético, é o cruzamento em dialelo. Conceitualmente, os dialelos são cruzamentos dos genitores aos pares. Com n genitores (linhagens, variedades, clones, etc.), são possíveis n^2 combinações de pais em um dialelo, portanto, uma combinação dialélica n^2 pode ser interpretada como $n(n-1)$ cruzamentos, excluindo as autopolinizações.

Deste modo, o presente trabalho teve como objetivo a estimação dos efeitos de 12 famílias e os efeitos das famílias oriundas dos cruzamentos recíprocos, totalizando 24 famílias, para vários caracteres relativos à qualidade de fruto e produtividade. As famílias são oriundas do intercruzamento da população de 6 genótipos (irmãos completos) de maracujá doce selecionados por Chavarría-Pérez et al. (2020), visando direcionar esforços para a seleção das melhores famílias, possibilitando ranqueá-las, e indicar os melhores pais intercruzantes.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Cruzamento entre os genótipos selecionados e obtenção das progênes

3.1.1. Cruzamentos

Os genótipos que compõem a população (N=6) foram anteriormente caracterizados como superiores entre aqueles de uma população segregante (indivíduos F1's) de irmãos completos e composta de 30 indivíduos. Estes 30, por sua vez, foram escolhidos de uma progênie originalmente composta de 100 indivíduos, obtida a partir de um cruzamento simples entre dois acessos divergentes de *Passiflora alata*, SV3, como genitor masculino, coletada em uma propriedade particular, localizada em Piracicaba, SP, e 2(12), como acesso feminino, originária da região Amazônica, cedida pela Embrapa-Cerrados.

3.1.1.1. Compatibilidade entre genitores

Clones (estacas) dos genótipos 21, 49, 107, 122, 125 e 140, selecionados por Chavarria-Pérez et al. (2020), foram cultivados em campo experimental (veja item 3.2) e conduzidos (item 3.2.2) até o aparecimento dos primeiros botões florais, que se iniciou em novembro de 2018. Logo no início do florescimento, foram conduzidos cruzamentos artificiais no modelo de um dialelo balanceado completo 6x6, incluindo os recíprocos e as autofecundações, garantindo que cada genótipo seja doador de pólen e também receptor de pólen, em todas as combinações possíveis, totalizando 36 combinações (Tabela 2), conduzidas, empenhadamente, para obter-se ao menos 10 cruzamentos para cada combinação.

Tabela 2. Esquema de um dialelo balanceado completo (6x6) envolvendo os recíprocos e as autofecundações dos 6 genótipos selecionados por Chavarria-Pérez et al. (2020).

Genitores		Masculino					
		49	21	107	125	140	122
Feminino	49	P_{49,49}	P _{49,21}	P _{49,107}	P _{49,125}	P _{49,140}	P _{49,122}
	21	P _{21,49}	P_{21,21}	P _{21,107}	P _{21,125}	P _{21,140}	P _{21,122}
	107	P _{107,49}	P _{107,21}	P_{107,107}	P _{107,125}	P _{107,140}	P _{107,122}
	125	P _{125,49}	P _{125,21}	P _{125,107}	P_{125,125}	P _{125,140}	P _{125,122}
	140	P _{140,49}	P _{140,21}	P _{140,107}	P _{140,125}	P_{140,140}	P _{140,122}
	122	P _{122,29}	P _{122,21}	P _{122,170}	P _{122,125}	P _{122,140}	P_{122,122}

Para conduzir a polinização controlada, diariamente, e na presença de flores imbricadas, os botões foram previamente protegidos com sacos de nylon (antes da antese) para evitar a polinização indesejada por agentes polinizadores. Por volta da 6 h da manhã, apresentando flores já abertas, a emasculação foi efetuada para a obtenção de grãos de pólen (genitor masculino) que foram, então, levados para o estigma da planta receptora. Em seguida, as flores foram devidamente identificadas e novamente ensacadas para evitar a contaminação por pólen exógeno (Figura 2, a-e), e anotada a localização da respectiva flor receptora de pólen no campo experimental.

Figura 2. Processo de polinização manual. a) desenvolvimento floral em *P. alata*, mostrando os botões florais nos estágios iniciais de desenvolvimento (setas), flor imbricada (FI), flor aberta (FL) e gavinhas (GV); b) estrutura floral, incluindo o cálice (CA), a corola (CO), o androceu (AN), o gineceu (GN), a coroa (CR) e o opérculo (OP); c) emasculação, retirada das anteras do genitor masculino; d) fecundação manual, antera em contato com o estigma receptor (genitor feminino); e) identificação dos genitores em uma flor polinizada.

A avaliação sobre a compatibilidade se deu 5 dias após a polinização, revisitando a flor polinizada e avaliando o seu ovário: ao transparecer um aspecto sadio, verde e com aumento do tamanho (comparativamente com ovários de flores não polinizadas), houve pegamento; quando observada a queda da flor ou o ovário mostrou aspecto murcho amarronzado, não houve pegamento. Com a obtenção dos resultados, foram considerados genótipos compatíveis entre si, aqueles que apresentaram pegamento superior a 10%; já os genótipos que apresentaram um pegamento inferior a 10%, foram considerados como genótipos incompatíveis (BRUCKNER et al., 1995).

3.1.1.2. Obtenção das progênes

Dada a incompatibilidade presente na espécie, resultando na não formação de frutos em alguns cruzamentos aparentados, obtiveram-se 24 combinações compatíveis (item 4.1). Os frutos resultantes de cada combinação compatível foram deixados em campo para completar o seu desenvolvimento vegetativo e o amadurecimento, para obter as sementes. Com os frutos derivados de cada intercruzamento já maduros (~90 dias, após o cruzamento controlado), esses foram colhidos e levados ao Laboratório de Genética Molecular de Plantas Cultivadas da ESALQ. Para cada fruto, efetuou-se a retirada das sementes e do arilo que as envolve, esfregando-as em peneira de malha fina de aço inoxidável, sob água corrente (Figura 3, a). Para evitar a proliferação de microrganismos, fez-se uma desinfecção em banho em NaOCl (0,05%, 2min). As sementes foram, em seguida, secas em temperatura ambiente.

Já secas, o montante de sementes resultante de cada combinação foi ensacado, identificado (de acordo com os progenitores) e daí as sementes foram armazenadas em câmara fria (12°C). Deste modo, o *pool* de sementes de cada cruzamento compatível constituiu-se em uma progênie ou família (Tabela 4).

3.1.2. Obtenção das mudas

Uma amostra de 200 sementes por progênie, foi colhida aleatoriamente do *pool* de sementes para germinação. Inicialmente, considerando a presença de dormência nas sementes de *P. alata* (FALEIRO et al., 2019), foram escarificadas, utilizando-se para tal uma lixa para madeira (grão nº 220), e embebidas em 300mg/L⁻¹ de ácido giberélico (10%, 24h) (LEONEL & PEDROSO, 2005).

A semeadura se deu em placas de isopor (no dia 26/01/2019), distribuindo-as em 3 sementes por célula a 1 cm de profundidade, que foram preenchidas com solo, adubo biológico e vermiculita expandida (1:1:1). Após ~30 dias, as plântulas foram transplantadas para tubetes plásticos (50 cm³ de volume) contendo solo, substrato Basaplant® e vermiculita expandida (1:1:1) (Figura 3), para o desenvolvimento vegetativo das plântulas.

As mudas foram mantidas em casa de vegetação com irrigação diária e, após 30 dias, foi feita uma única adubação com Osmocote® (14 – 14 – 14), adubo de liberação lenta, na dosagem de 1,7 g por tubete. Durante o período de crescimento vegetativo em casa de vegetação, foram realizadas aplicações de defensivos para a prevenção de doenças e controle de ácaros (Decis 25 EC, dosagem de 0,5 ml/L de calda e Forlicur 200 EC 1 ml/L de calda). As mudas foram levadas para plantio a campo com aproximadamente 5 meses de idade, período em que adquiriram um tamanho de 25 a 30 cm.

Figura 3. Propagação de sementes de maracujá doce: a) remoção do arilo das sementes; b) início do desenvolvimento das plântulas pós-semeadura; c) transplante das mudas da placa de isopor para o desenvolvimento individual em tubetes; d) mudas já transplantadas, mantidas em casa de vegetação para crescimento vegetativo (3 a 4 meses).

3.2. Área experimental

3.2.1. Preparação da área de plantio

O experimento foi conduzido durante o período de julho de 2019 a setembro de 2020, na Área Experimental do Departamento de Genética, da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ), localizada no município Piracicaba, SP (22°42’ latitude sul, 47°38’ longitude oeste e altitude de 546 m).

Antecipadamente, foi realizada uma análise química do solo, utilizando uma amostragem de duas profundidades, de 0 a 20 cm e de 20 a 40 cm, percorrendo a área de plantio em forma de zigzag e obtendo ao menos oito amostras/hectare, como sugerido para o cultivo de frutíferas. As amostras foram encaminhadas para análise no Laboratório Química de Solos, Departamento de Ciência de Solo, ESALQ e, com base nos resultados obtidos (Anexo A), foram realizadas a calagem e a adubação.

Na estruturação do pomar, foi adotado o sistema de plantio em espaldeiras verticais em “T”. Os mourões (apresentando 2,50 metros) foram fixados (1,90 m sob o solo e 0,60 m sub o solo) em linhas e espaçados 5 m entre si, formando a base das espaldeiras. O espaçamento entre espaldeiras foi de 3 m. Os mourões formaram a base sustentadora dos fios de arame (liso nº 12) que constituíram, assim, o sistema de espaldeiras verticais. Os arames ficaram com a mesma altura dos mourões, ou seja, a 1,90 m do solo (Figura 4, a).

Figura 4. Preparo do campo experimental: a) esquema da estrutura das espaldeiras verticais em “T”; b) escavação de cova para plantio; c) campo experimental mostrando a disposição dos mourões e a abertura das covas para o plantio das mudas; d) muda transplantada; e) campo experimental irrigado pelo sistema de aspersão, pós plantio.

O sistema de covas foi adotado para o cultivo das mudas. Para tal, utilizou-se um perfurador de solo, com broca dupla espiral, atingindo 80 cm de profundidade e 20 cm de raio (Figura 4, b). Previamente ao transplante das mudas em campo, 15 dias antes, foi aplicado o produto Tricodermil 13060®, o qual também foi aplicado dentro das covas visando ao combate de patógenos fúngicos presentes no solo. A aplicação se repetiu a cada 2 meses.

O adubo correspondente à etapa de plantio também foi aplicado previamente, 15 dias antes do plantio. A adubação traduz-se em 222 g/cova de P_2O_5 , utilizando como fonte de superfosfato simples e 67 g/cova de K_2O em forma de KCl. O plantio das mudas ocorreu no dia 10/07/2019. Uma vez realizado o plantio, foi implantado o sistema de irrigação por aspersão (Figura 4, e).

3.2.2. Tratos culturais

Para a condução da haste principal, utilizou-se um tutor de bambu para amarrar e suporte das mudas (uma por cova) (Figura 4, a; Figura 5). Diariamente, a área foi percorrida visando tutorar e desbastar as plantas, permitindo somente o desenvolvimento de uma única haste, ou broto de maior vigor. Ao ultrapassar a altura do fio de arame (1,90 m), e a haste mais vigorosa apresentar maturidade vegetativa adequada, uma poda do broto principal foi empregada para estimular a emissão de brotos laterais (secundários); ao atingirem 30 a 40 cm, aproximadamente, os menos vigorosos foram podados, deixando os dois brotos que apresentavam melhor vigor para formar o “T” e dar origem à cortina de produção. Os brotos foram conduzidos em um ângulo suplementar até atingirem 2,50 m cada. Um desponte foi realizado visando promover o crescimento de brotos terciários e consequentemente a formação da cortina de produção. Ao iniciar a produção de frutos, todos foram ensacados com sacos de nylon, evitando o parasitismo de larvas das moscas de frutos e outros insetos (Figura 5).

Figura 5. Poda de formação: a) observa-se uma planta que já atingiu o arame e apresenta maturidade vegetativa, momento da poda ou desponte; b) seleção de 4 brotos vigorosos próximos ao arame; c) ramos mais vigorosos selecionados como ramos secundários, desenvolvendo-se através do arame; d) cortina produtiva em formação, após desponte dos ramos secundários; e) cortina produtiva formada, apresentando frutos maduros de maracujá doce, frutos ensacados nas plantas adjacentes.

O plano de adubação aqui utilizado foi elaborado por Chavarria-Pérez (2018), utilizando as recomendações próprias da cultura citadas por Kavati e Piza Junior (2002) e outras adotadas para o cultivo do maracujazeiro azedo (Tabela 3). Foram conduzidas aplicações parceladas, garantindo que as plantas não

apresentassem algum problema nutricional com a falta ou com o excesso de nutrientes. Além disso, 15 dias após a poda de formação, iniciaram-se contínuas aplicações quinzenais de adubo foliar Starter (Stoller®). Para o controle de pragas e/ou doenças, aplicações de defensivos agrícolas foram realizadas, de acordo com a necessidade, desde a etapa de plantio. Já para o controle de plantas invasoras, adotou-se o controle mecânico e manual.

Nos entornos da lavoura, foi instalada uma cerca elétrica de 90 cm de altura, com 5 fios condutores de eletricidade (arame liso nº 14), espaçados 20 cm entre si e com o primeiro fio condutor a 10 cm do chão. Para tal, pulsos de alta voltagem (entre 7 a 5 kV) e de muito baixa amperagem (0,0001 A) eram emitidos por eletrificador Sentinela®, eletrificado por bateria Moura® 60 Ah, a qual, por sua vez, era abastecida por um painel/placa solar célula fotovoltaica 30 W 12V Komaes®, de 51 cm de largura e 52 cm de comprimento. Essa estratégia foi adotada para barrar a entrada de animais silvestres (quatis, capivaras, etc.) na área experimental. Vale ressaltar que a cerca elétrica não oferece riscos aos animais, devia à baixa amperagem.

Para o controle de plantas daninhas nos arredores do campo experimental e para a manutenção da cerca elétrica, foi aplicado o herbicida Select 240 EC®, tomando todos os devidos cuidados para evitar deriva.

Tabela 3. Adubação adotada nas diferentes etapas de crescimento das plantas de maracujá-doce. Fonte: Chavarria-Pérez (2018).

Etapa de crescimento	Aplicação (dias após o plantio)	Superfosfat o Simples (SS)	P ₂ O ₅ g/planta	Sulfato de amônia (AS)	Elemento Nitrogenado (N)	KCL	K ₂ O g/planta
			P (mg/dm ³) 0 a 12*	g/planta	g/planta	g/planta	K (mmol/dm ³) >3.0*
Plantio		200	40	-----	-----	50	30
Pegamento	15	100	20	48	9.6	-----	-----
	30	116	23.2	50	10	-----	-----
	60	-----	-----	75	15	-----	-----
	80	-----	-----	100	20	-----	-----
Formação	100	-----	-----	100	20	80	48
	120	-----	-----	125	25	-----	-----
	150	-----	-----	125	25	-----	-----
Frutificação	180	200	40	100	20	90	54
	225	-----	-----	100	20	100	60
Fruto Maduro	270	-----	-----	100	20	-----	-----
Total (kg/ha) **		684.992	136.9984	1026.376	205.2752	355.84	213.504

*Concentração segundo análise de solos

**Densidade de 667 plantas/ha

3.3. Delineamento experimental e análise fenotípica

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados (DBC), com 4 repetições (blocos). A parcela foi constituída de três plantas (por progênie) dispostas em linhas, sendo 288 plantas no total. Além disso, com o intuito de minimizar os efeitos exógenos incluindo o efeito de bordadura nas plantas periféricas do ensaio, uma bordadura (72 plantas) foi posta no entorno do campo experimental (Figura 6). O espaçamento adotado entre linhas foi de 3 m, e entre plantas na linha de 5 m, totalizando 15 m² por planta.

Figura 7. Escala de graus de maturação dos frutos: a) fruto amarelo só na parte distal (1º grau de maturação); b) fruto >50% maduro (2º grau de maturação) e; c) frutos 100% amarelos (3º grau de maturação).

3.4. Análises estatísticas

3.4.1. Fenologia da floração

Para a caracterização do comportamento fenológico relativo ao florescimento das 24 famílias aqui estudadas, foram realizadas visitas quinzenais ao campo experimental à procura de botões florais. A contagem dos botões florais se deu a partir do aparecimento do primeiro botão, os quais foram contabilizados e marcados, evitando a recontagem ao longo das avaliações que se seguiram continuamente durante 12 meses, iniciando-se na primeira quinzena de outubro de 2019 e encerrando-se na segunda quinzena de setembro de 2020.

Após a coletas, os dados foram submetidos à análise estatística. O comportamento de floração de cada família foi caracterizado como segue: a duração relativa de florescimento (tempo em que permaneceu em floração); a sincronia da floração em relação as outras famílias; a taxa de florescimento (capacidade média diária de produção de flores de cada planta); o pico de florescimento; a intensidade relativa de floração (percentagem que expressa o potencial de florescimento durante o pico); e o desvio relativo do florescimento.

Para estimar a taxa de florescimento (TF), um acumulado médio de flores diárias foi calculado, dividindo o total de flores produzidas pela família pelo número de dias que as plantas permaneceram florindo. O pico de florescimento foi caracterizado pelo período (mês) em que se obteve a maior média de produção floral, em comparação com as outras médias mensais.

Com o estabelecimento do pico de florescimento, a intensidade relativa de florescimento (IRF) foi obtida, valor que representa uma percentagem do número de flores produzidas em seu pico individual, em relação ao montante total de flores.

A duração relativa do florescimento (DRF), caracterizada pelo número de dias que a progênie permaneceu florindo, é expressa como uma percentagem da duração da floração da família em relação ao período total de florescimento. E o desvio relativo do pico de florescimento (DPF) de uma determinada família foi calculado pela diferença de dias decorrentes entre o seu pico de florescimento individual e a data geral do pico de florescimento na população.

O teste de significância entre as médias de cada variável (número médio da produção mensal de flores, TF, IRF e DRF) foi obtida através do teste de médias de Tukey. A análise dos gráficos em barras e o teste de médias de Tukey foram realizados no software computacional R (<https://www.r-project.org/>).

Além disso, para o entendimento da distribuição dos dados fenotípicos em relação à curva de frequência da fenologia floral da população, a assimetria foi calculada de acordo com o 2º coeficiente de assimetria de Pearson (A_s). Caso o coeficiente de assimetria apresente uma distribuição simétrica ($-1 < A_s < 1$) de caráter positivo ($0 \leq A_s < 1$), a cauda da curva da distribuição tenderá à direita do gráfico; caso o resultado apresente-se negativo ($-1 < A_s < 0$), a cauda da curva da distribuição tenderá à esquerda. Para a medida de dispersão que identifica o achatamento da curva, foi calculada a curtose (C). O valor de curtose indica se a curva de dispersão dos dados é da classe: leptocúrtica ($C > 0,263$), mesocúrtica ($C = 0,263$) ou platicúrtica ($C < 0,263$).

Sequencialmente, um diagrama de rosas foi gerado, sendo que cada setor circular do diagrama corresponde a 30 graus (equivalente a um mês). Para avaliar a distribuição dos dados, um teste de uniformidade foi realizado (teste Rayleigh), tratando-se de um teste paramétrico em que, para valores de $p < 0,05$, rejeita-se a hipótese nula de que as famílias estariam distribuídas uniformemente pelo círculo, havendo um desvio na uniformidade, desvio segundo o critério de von Mises (LANDLER et al., 2018). Para caracterizar o quão concentrado é o período de atividade, foi estimado o vetor r : ou seja, se os valores correspondentes forem próximos a 0, indicam um padrão mais homogêneo dentro da distribuição, enquanto os valores próximos a 1 indicam que as atividades estão mais concentradas no intervalo médio circular (DI BITETTI et al., 2010). Para toda a análise de dados circular, foi utilizado software computacional Oriana 4.02 (KOVACH, 2011).

3.4.2. Qualidade do fruto

Após a coleta de todos os dados fenotípicos, estes foram submetidos à análise estatística. Devido à presença de dados perdidos decorrente, possivelmente, da adaptabilidade às condições de campo e da fisiologia da espécie, um conjunto de dados desbalanceados foi obtido.

Primeiramente, para a estimação dos componentes de variância foi empregado o método da máxima verossimilhança restrita, comumente designado por REML (*Residual Maximum Likelihood*; Patterson e Thompson, 1971), utilizando o pacote estatístico *Asreml*-R (BUTLER et al., 2017) no software computacional R (<https://www.r-project.org/>).

O conjunto de dados, foi composto de 9 caracteres alvos, coletados em 12 famílias oriundas de um dialelo completo, incluindo as recíprocas, de 6 genitores intercruzados, totalizando 24 famílias (item 4.1). Para análise desses dados, pode-se interpretar os efeitos fenotípicos de cada família ajustando um modelo conforme descrito a seguir:

$$y_{ij} = \mu + G_i + B_z + e_{ij}$$

No qual, y_{ij} é o valor fenotípico da família oriunda do progenitor i cruzado com o progenitor j , onde $i \neq j$; μ é o intercepto (média geral); G_i é o total de efeitos atribuídos a família; B_z é o efeito atribuído ao z -ésimo bloco; e e_{ij} é o resíduo.

Para a estimar o efeito do cruzamento recíproco, pode-se ajustar o modelo acima levando em consideração o efeito do cruzamento recíproco (R_i). Deste modo, o modelo pode ser reescrito como:

$$y_{ij} = \mu + G_i + R_i + B_z + e_{ijz}$$

No qual, y_{ij} é o valor fenotípico da família oriunda do progenitor i cruzado com o progenitor j , onde $i \neq j$; μ é o intercepto (média geral); G_i é o total de efeitos atribuídos à família i ; R_i é o efeito aleatório atribuído à família recíproca i ; B_z é o efeito atribuído ao z -ésimo bloco; e e_{ijz} é o resíduo.

Os efeitos fenotípicos para cada família de irmãos completos foram estimados de acordo com o modelo acima. O teste de significância entre as famílias e a significância entre a família e oriunda do cruzamento recíproco foram obtidas pelo Teste de Razão de Verossimilhança (TRV)

A herdabilidade dos caracteres estudados foi calculada no sentido amplo, como segue:

$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$

Na fórmula, H^2 é a herdabilidade; σ_g^2 é a variância genotípica, que se traduz em $\sigma_g^2 = \sigma_{família}^2 + \sigma_{recíproco\ de\ família}^2$; sendo σ_f^2 é a variância genética fenotípica, onde $\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}$.

O coeficiente de variação (CV) foi calculado de acordo com:

$$CV = \frac{\hat{\sigma}_g}{\bar{X}} \cdot 100$$

Em que $\hat{\sigma}_g$ é a raiz quadrada da estimativa da variância genética e $\bar{X}$ é a média obtida da amostra.

Foi utilizada a seleção direta em três caracteres, individualmente: para diminuir a EC; diminuir o PC; e para o aumentar PP; características de interesse do consumidor. Também, foram aplicados dois índices de seleção com o intuito de identificar as melhores famílias entre as 24 avaliadas (12 famílias e 12 famílias recíprocas), na tentativa de diminuir a espessura e o peso da casca (EC e PC, respectivamente) e aumentar o peso da polpa (PP), conjuntamente. Vale ressaltar, que todos os resultados obtidos pelos índices foram baseados pelo valor BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) de cada família para cada um dos caracteres.

O primeiro, é o índice multiplicativo (IM), proposto por Elston (1963), para fins de selecionar 8 famílias. Este índice baseia-se na obtenção de um $IM_i = \prod_{t=1}^p (x_{it} - k_t)$ para cada família i , em que x_{it} é o valor BRUP da i -ésima família para o t -ésimo caráter; e k_t é o valor BRUP limite inferior aceito para t -ésimo caractere, mensurado

pela: $\frac{n_{família}(x_{it\min}) - x_{it\max}}{n_{família} - 1}$.

O segundo, é o índice com base em soma de postos, proposto por Mulamba e Nock (1978), que consiste em classificar as famílias em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificados, todas as classificações são somadas para todos os caracteres, resultando em uma medida adicional que é tomada com índice (veja CRUZ et al., 2012).

A partir destes, os ganhos preditos, considerando 30% de intensidade de seleção das melhores famílias, são determinados:

$$RS = \overline{BLUP}_s$$

$$RS\% = \frac{RS}{\overline{X}_0} \cdot 100$$

Onde, $\overline{X}_0$ é a média original da população; RS é o ganho ou resposta à seleção dado pelo valor dos BLUPs das famílias selecionadas; $RS\%$ é o ganho de seleção expresso em porcentagem.

O *ranking* das famílias foi obtido de acordo com os resultados expressos pelos índices aqui avaliados, comparando os $RS\%$ de cada uma das classificações finais.

4. RESULTADOS

4.1. Compatibilidade entre genitores e obtenção das progênes

Tratando-se de uma espécie com alogamia obrigatória, e como os progenitores são irmãos completos, tornou-se imperativo identificar a relação de compatibilidade entre os 6 genitores.

A floração dos genótipos iniciou-se na 2ª quinzena de outubro de 2018, com exceção dos genótipos 49 e 107, que iniciaram a floração na 1ª quinzena de novembro de 2018. Todos os genótipos cessaram a produção floral no início de dezembro de 2018, apresentando, aproximadamente, 1 mês de intenso florescimento. Os genótipos 122, 107, 140 e o 125 voltaram a florir em outras épocas do ano, já os genótipos 49 e 21 não voltaram a produzir flores. O período de produção floral dos genótipos é mostrado no ANEXO B. Devido ao pequeno período de florescimento simultâneo dos genótipos, a ausência de flores em genótipos distintos, e a curta duração da flor aberta (apenas um dia), obteve-se um total de 475 cruzamentos.

Para a grande parte das 36 combinações (item 3.1.1.1.) se obteve um número superior de 10 cruzamentos (Tabela 4). Entretanto, em alguns casos, a falta de flores impactou na obtenção da quantidade mínima proposta, de 10 cruzamentos por combinação. Em sete combinações (das 36), realizou-se um total de cruzamentos <10, entre eles: ♀49♂122 e ♀21♂125, com 5 cruzamentos cada; ♀122♂49, ♀21♂122 e ♀107♂125, com 8 cruzamentos; ♀49♂125 e o ♀107♂122, com 9 cruzamentos. Interessantemente, na maioria dessas combinações, o genótipo 49 ou 21 foi usado como receptor de pólen (genitor feminino), isso, devido à simultânea ausência de flores em ambos os genótipos (veja, ANEXO B), com exceção apenas da combinação ♀107♂125, para a qual faltaram apenas 2 cruzamentos (Tabela 4).

Considerando todas as combinações do dialelo (Tabela 2), 64% delas apresentaram polinização favorável e mostraram-se compatíveis. Como o esperado, em todas as autopolinizações não houve a formação de frutos, confirmando a presença de autoincompatibilidade na espécie. Outros cruzamentos também não produziram frutos (♀21♂107 e ♀125♂140), possivelmente, devido à relação de parentesco. Outros casos, com uma taxa de frutificação <10%, foram caracterizados como incompatíveis: ♀125♂122, ♀140♂125, ♀140♂122, ♀122♂125 e ♀122♂140. Além disso, como a grande maioria dos cruzamentos se mostrou compatível (≥10%), foi possível apontar 23 combinações compatíveis (Tabela 4).

A maioria das combinações compatíveis apresentaram um pagamento elevado (≥50%), como no caso dos cruzamentos ♀49♂125, seu recíproco ♀125♂49 e o ♀21♂140, com taxas de 89%, 87% e 85%, respectivamente. Em outros casos, houve uma baixa percentagem de pagamento, como nas combinações: ♀107♂21, ♀107♂125, ♀21♂125 e ♀49♂122, apresentando pagamentos de 25%, 38%, 40% e 40%, respectivamente.

O genótipo 49 apresentou compatibilidade em todas as combinações possíveis, com exceção da autopolinização. Outro genótipo com compatibilidade plena (exceto a autopolinização) foi o 107, contudo, ao ser usado como doador de pólen para o genótipo 21 (receptor), especificamente, detectou-se incompatibilidade. O mesmo pode ser dito para o genótipo 21, que apresentou compatibilidade com todos os genótipos, exceto ao ser polinizado pelo genótipo 107 (Tabela 4).

Dentre as combinações incompatíveis, não houve diferença nos recíprocos, que se mostraram também incompatíveis, tais como: o genótipo 125 cruzado com o 140; o 125 com o 122; e o genótipo 140 com o 122; caracterizando a incompatibilidade entre eles, indiferentemente se são usados como genitor masculino ou feminino. Entretanto, para o genótipo 107, observou-se diferença ao ser cruzado com o 21, sendo caracterizado como

incompatível quando o 21 é usado como receptor de pólen (genitor feminino) e o 107 como doador de pólen, com 0% de frutificação nas 26 polinizações realizadas. Opostamente, quando o genótipo 21 foi o doador de pólen, houve uma baixa taxa de frutificações (25% de 16 polinizações), podendo ser caracterizado o cruzamento como compatível (Tabela 4).

Tabela 4. Resultados de cruzamentos em dialelo completo (incluindo os recíprocos e as autofecundações) envolvendo 6 genótipos superiores de maracujá doce: sendo C compatível; I, incompatível; percentagem de frutificação, entre parênteses. Resultados descritos como: pegamentos/número de polinizações realizadas.

Genitores		Masculino					
		49	21	107	125	140	122
Feminino	49	0/6 I (0%)	9/14 C (64%)	14/19 C (74%)	8/9 C (89%)	8/10 C (80%)	2/5 C (40%)
	21	13/17 C (76%)	0/17 I (0%)	0/26 I (0%)	2/5 C (40%)	11/13 C (85%)	6/8 C (75%)
	107	10/14 C (71%)	4/16 C (25%)	0/15 I (0%)	3/8 C (38%)	10/14 C (71%)	7/9 C (78%)
	125	13/15 C (87%)	11/17 C (65%)	16/24 C (67%)	0/20 I (0%)	0/24 I (0%)	2/22 I (9%)
	140	8/10 C (80%)	9/14 C (64%)	16/27 C (59%)	1/29 I (3%)	0/25 I (0%)	1/29 I (3%)
	122	6/8 C (75%)	9/15 C (60%)	13/17 C (76%)	2/24 I (8%)	1/17 I (6%)	0/20 I (0%)

Um total de 582 cruzamentos foram realizados, dos quais 308 foram compatíveis e 274 foram incompatíveis, incluindo as autofecundações (Tabela 4). Cerca de 37% das combinações frutificaram, sendo que 208 frutos (~97%) foram resultantes de combinações compatíveis (67,5% delas produziram frutos) e 7 frutos (~3%) resultantes de combinações incompatíveis (2,5% delas produziram frutos).

Dentre os incompatíveis, o cruzamento ♀122♂125 e o recíproco ♀125♂122, a partir de um montante de 24 e 22 cruzamentos realizados, respectivamente, apenas 2 frutos foram coletados. As demais combinações incompatíveis que frutificaram foram: ♀140♂122 e o recíproco (♀122♂140), com apenas um fruto, de um total de 29 e 17 cruzamentos, respectivamente.

As sementes dos frutos de cada cruzamento compatível foram lavadas e secas (veja item 3.1.2.) e identificadas. O número de frutos que compuseram o montante de sementes de cada família é distinto, variando de 2 frutos para os cruzamentos ♀49♂122 e ♀21♂125 até 16 frutos para os cruzamentos ♀125♂107 e ♀140♂107.

Um ponto importante a ser levantado é sobre o cruzamento ♀107♂21, caracterizado como compatível, (Tabela 4), entretanto, nenhum dos frutos desse cruzamento chegaram ao estágio de maturação, devido, provavelmente, a fatores exógenos. Consequentemente, não houve a obtenção de sementes, sendo excluída essa combinação da experimentação em campo.

Outro ponto para ressaltar é sobre o cruzamento ♀125♂122 e o recíproco. Anteriormente, acreditava-se na compatibilidade da combinação entre esses genótipos. Mais tarde, ao ampliar o número para tais cruzamentos, pôde-se caracterizá-la como incompatível, com taxa de frutificação inferior a 10%.

Concluindo, obteve-se um total de 24 famílias resultantes do intercruzamento dos 6 genótipos selecionados: ♀49♂21, ♀49♂107, ♀49♂125, ♀49♂140, ♀49♂122, ♀21♂125, ♀21♂140, ♀21♂122, ♀107♂125,

♀107♂140, ♀107♂122, ♀125♂122; e as oriundas dos recíprocos: ♀21♂49, ♀107♂49, ♀125♂49, ♀125♂21, ♀125♂107, ♀140♂49, ♀140♂21, ♀140♂107, ♀122♂49, ♀122♂21, ♀122♂107 e ♀122♂125.

4.2. Fenologia do florescimento

As 24 famílias foram avaliadas para o florescimento entre o mês de outubro de 2019 e agosto de 2020, período em que foram encontrados botões florais no campo experimental. De maneira geral, o florescimento das famílias ocorreu entre novembro de 2019 a agosto de 2020. Ao avaliar cada família individualmente, os primeiros botões foram observados na família ♀122♂21, 125 dias pós-plantio (mês de outubro de 2019), com uma média abaixo de uma flor por parcela (0,75 flor) (Tabela 5; Figura 8, v). Posteriormente, as 23 famílias restantes floresceram (156 dias pós-plantio) e todas já haviam cessado o florescimento em agosto de 2020 (465 dias pós-plantio).

Vale ressaltar que tal florescimento não aconteceu de forma contínua durante os 309 dias registrados, e.g.: a família ♀21♂125 não floresceu no mês de janeiro (Figura 8, g); a família ♀49♂107, no mês de março (Figura 8, b); as famílias ♀49♂125, ♀21♂140, ♀21♂122, ♀140♂21 e ♀122♂49 não floresceram no mês de junho (Figura 8, c, h, i, s e u, respectivamente); e, em especial, a progênie ♀125♂107 apresentou dois intervalos na produção de botões florais, em janeiro e junho (Figura 8, p).

Dentre o período de florescimento (309 dias no total), a duração relativa de floração (DRF) de cada família variou de 21,5% (mín.) a 36,97% (máx.) do total de dias, para as progênies ♀49♂125 e ♀122♂21, respectivamente. Estatisticamente, pelo teste de Tukey, não houve diferença significativa entre as DRF's das 24 famílias ($p=0,76$), podendo-se afirmar que as 24 famílias apresentam o mesmo percentual (em dias) de florescimento (Tabela 5).

A taxa de florescimento (TF) indica o número médio de flores novas a cada dia (DAFNI, 1992). Nas 24 famílias, a TF permaneceu relativamente baixa. A família ♀125♂49 foi a que apresentou a maior produção, de 1,34 flor/dia, em média, e a menor foi registrada no cruzamento ♀107♂49, com uma produção diária média de 0,41; não havendo diferença estatística significativa, pelo teste de Tukey, entre as TFs das famílias ($p=0,077$). Houve diferença significativa na produção média mensal de flores, especificamente, nas famílias ♀107♂49 e ♀122♂21 ($p=0,0123$), famílias que apresentam médias contrastantes, 2,26 flores/mês (mín.) e 6,67 flores/mês (máx.), respectivamente (Tabela 5).

De maneira geral, os picos de florescimento das famílias ocorreram no mês de maio (299 dias pós-plantio). Entretanto, algumas mostraram um desvio do pico de florescimento (DPF), precoces em relação ao pico geral da população. Dentre as que apresentaram os desvios, estão as famílias: ♀140♂21, com o DPF de 30 dias (238 dias pós-plantio); ♀49♂122, com DPF de 60 dias (211 dias pós-plantio); e as progênies ♀21♂125, ♀107♂122, ♀125♂122, ♀140♂107, ♀122♂21 e ♀122♂107 que apresentaram um DPF de 152 dias (125 dias pós-plantio).

Ao verificar a variação na fenologia do florescimento e as tendências de dispersão dos dados, em termos populacionais, os resultados mostraram uma tendência de dispersão simétrica ($-1 < A_s < 1$, $A_s=-0,199$), ou seja, com uma distribuição normal de caráter platicúrtica (curtose=-0,9148) e com uma assimetria negativa (-0,199), apontando uma tendência da cauda da curva de dispersão à esquerda (Tabela 5). Essa tendência, muito provavelmente, está relacionada ao grande número de famílias com o pico de florescimento no fim do período de floração (8º mês, especificamente), pontualmente no mês de maio (Tabela 5).

A distribuição dos dados para cada família de irmãos completos no decorrer do ano é demonstrada nos histogramas circulares à direita da Figura 8. Para tal, cada mês é representado por 30º circular; a média circular

mensal dos dados é representada pelas barras azuis; e por fim, o ângulo médio é representado pela linha preta, distribuindo-se dentro do intervalo de confiança.

Ao apurar a homogeneidade na produção floral no decorrer do período de florescimento (309 dias ou 300° circular), apenas a família ♀21♂125 apresentou uma floração uniforme (teste de Rayleing, $p=0,274$) (Figura 8, g). As demais apresentaram um desvio, segundo o teste de von Mises ($p<0,05$), caracterizado pela concentração de dados em torno da média circular (Figura 8), ou seja, em torno do pico de florescimento. Por tratar-se de uma única família (♀21♂125) com homogeneidade na produção de flores em seu período de florescimento, foi ela que apresentou a menor concentração de dados dentro de um único ângulo dentro do círculo (vetor $r=0,11$), corroborando o resultado de distribuição apontado pelo teste de Rayleing. Em contrapartida, a família ♀49♂107 é a que apresenta a maior concentração de dados em um único ângulo (vetor $r=0,66$), concentração registrada em seu pico de florescimento no mês de maio (Tabela 5; Figura 8, b).

Tabela 5. Produção de flores mensal para 24 famílias de *Passiflora alata*, apontando o número médio de flores por planta em 11 meses consecutivos além da média mensal; taxa de florescimento (TF); intensidade relativa de floração (IRF⁰%); duração relativa do florescimento (DRF); e o desvio relativo do pico de florescimento (DPF).

Famílias	2019			2020								Média mensal*	TF ^{NS}	IRF (%) ^{NS}	DRF(%) ^{NS}	DPF (dias)	Vetor r
	Out.	Nov.	Dez.	Jan.	Fev.	Mar.	Abr.	Mai.	Jun.	Jul.	Ago.						
♀49♂21	0	15,21	9,75	3,29	0,79	1,13	3,88	20,17^{PF}	1,97	1,92	1,42	5,41 ab	1,15	44,79	31,02	—	0,21
♀49♂107	0	2,04	2,17	1,88	2,00	0,13	2,63	24,00^{PF}	0,56	0,46	1,50	3,40 ab	1,00	55,17	23,09	—	0,66
♀49♂125	0	2,25	3,75	1,88	4,00	1,67	1,33	12,42^{PF}	0,28	2,33	3,25	3,01 ab	0,90	42,19	21,50	—	0,39
♀49♂140	0	0,42	0,92	0,92	8,64	3,41	5,64	15,86^{PF}	1,42	2,36	6,73	3,88 ab	0,75	36,35	34,19	—	0,58
♀49♂122	0	8,96	5,83	2,21	11,00^{PF}	9,13	3,75	6,21	0,81	1,96	2,58	4,77 ab	0,89	37,85	29,43	60	0,47
♀21♂49	0	6,25	4,50	1,42	0,25	5,88	5,71	11,46^{PF}	1,58	1,71	2,75	3,77 ab	0,85	52,38	29,43	—	0,38
♀21♂125	0	17,58^{PF}	5,27	0,23	0,77	4,36	6,59	7,77	0,58	4,82	5,36	4,59 ab	0,88	53,65	33,79	152	0,11
♀21♂140	0	2,42	2,91	0,91	1,41	3,36	4,27	14,18^{PF}	0,03	2,41	2,09	2,85 ab	0,63	32,24	29,83	—	0,54
♀21♂122	0	5,17	4,25	0,25	2,33	2,29	3,58	23,86^{PF}	0,03	2,23	1,91	3,96 ab	0,96	59,29	27,45	—	0,55
♀107♂49	0	2,59	4,60	2,05	1,25	0,95	3,20	5,90^{PF}	1,07	4,25	3,70	2,26 a	0,41	38,01	34,59	—	0,23
♀107♂125	0	2,67	3,00	0,50	1,79	1,17	4,58	8,46^{PF}	0,53	2,50	1,58	2,43 ab	0,73	52,19	21,90	—	0,45
♀107♂140	0	12,50	4,00	1,08	3,32	0,68	4,59	13,95^{PF}	0,52	4,23	3,73	4,18 ab	0,88	37,49	31,42	—	0,18
♀107♂122	0	9,29^{PF}	5,50	0,46	4,00	7,79	6,71	4,50	0,33	3,04	2,00	3,97 ab	0,88	39,45	29,43	152	0,34
♀125♂49	0	9,67	5,92	0,50	3,29	3,58	3,75	16,08^{PF}	0,31	3,50	1,50	4,37 ab	1,34	39,75	21,50	—	0,25
♀125♂21	0	6,75	4,50	1,83	2,96	13,08^{PF}	9,83	13,42^{PF}	0,50	3,25	2,83	5,36 ab	1,22	48,28	29,43	—	0,49
♀125♂107	0	8,92	2,42	0,04	1,21	3,63	3,88	13,45^{PF}	0,00	1,91	1,73	3,25 ab	0,96	49,24	22,69	—	0,33
♀125♂122	0	17,17^{PF}	6,83	2,42	4,21	5,86	5,68	9,86	0,19	2,46	5,33	5,32 ab	1,06	45,57	32,21	152	0,28
♀140♂49	0	2,32	4,64	1,77	3,23	8,23	6,23	10,41^{PF}	1,00	3,18	4,00	3,75 ab	0,71	41,79	34,59	—	0,49
♀140♂21	0	5,83	5,75	1,75	8,21	9,58^{PF}	6,75	7,67	0,08	4,29	3,33	4,84 ab	1,03	46,62	30,62	30	0,45
♀140♂107	0	15,29^{PF}	2,92	1,50	4,79	2,63	7,00	8,71	0,33	3,58	1,50	4,39 ab	1,07	53,91	27,85	152	0,25
♀122♂49	0	11,00	4,25	1,79	9,33	9,54	6,21	13,04^{PF}	0,00	5,71	4,08	5,91 ab	1,27	53,75	31,02	—	0,37
♀122♂21	0,75	22,96^{PF}	9,50	3,29	7,25	6,92	8,58	10,91	0,00	2,00	2,45	6,67 b	1,18	42,79	36,97	152	0,38
♀122♂107	0	7,50^{PF}	3,42	1,46	5,58	5,05	2,73	1,82	0,00	2,05	3,27	2,91 ab	0,59	50,12	31,81	152	0,40
♀122♂125	0	4,96	2,58	5,13	12,08	9,17	3,83	15,05^{PF}	0,15	4,14	3,91	5,37 ab	1,09	47,24	33,40	—	0,48
Curtose													-0,9148				
Assimetria													-0,199				

* Média da produção floral para cada família; médias seguidas pelas mesmas letras na coluna não se diferem entre si pelo teste de Tukey em nível de 5% de probabilidade (p-valor=0,0123); ^{NS} não significativo. ^{PF} Pico de florescimento.

Figura 8. Fenologia do florescimento de 24 famílias de *P. alata*. Gráfico de barras (esquerda) apontando a média mensal do florescimento; período das observações (eixo x) e número médio de flores produzidas (eixo y). Histograma circular (direita): frequência de cada variável fenológica para os dados de florescimento. Os triângulos representam o número de médio de flores produzidas naquele mês; a linha do vetor no círculo indica a média do ângulo; e o setor fora do círculo, indica o intervalo de confiança de 95%. Dados coletados entre outubro de 2019 e agosto de 2020 em Piracicaba/SP.

(Continua)

Figura 8. Fenologia do florescimento de 24 famílias de *P. alata*. Gráfico de barras (esquerda) apontando a média mensal do florescimento; período das observações (eixo x) e número médio de flores produzidas (eixo y). Histograma circular (direita): frequência de cada variável fenológica para os dados de florescimento. Os triângulos representam o número de médio de flores produzidas naquele mês; a linha do vetor no círculo indica a média do ângulo; e o setor fora do círculo, indica o intervalo de confiança de 95%. Dados coletados entre outubro de 2019 e agosto de 2020 em Piracicaba/SP. (Continua)

Figura 8. Fenologia do florescimento de 24 famílias de *P. alata*. Gráfico de barras (esquerda) apontando a média mensal do florescimento; período das observações (eixo x) e número médio de flores produzidas (eixo y). Histograma circular (direita): frequência de cada variável fenológica para os dados de florescimento. Os triângulos representam o número de médio de flores produzidas naquele mês; a linha do vetor indica a média do ângulo; e o setor fora do círculo, indica o intervalo de confiança de 95%. Dados coletados entre outubro de 2019 e agosto de 2020 em Piracicaba/SP.
(Continua)

Figura 8. Fenologia do florescimento de 24 famílias de *P. alata*. Gráfico de barras (esquerda) apontando a média mensal do florescimento; período das observações (eixo x) e número médio de flores produzidas (eixo y). Histograma circular (direita): frequência de cada variável fenológica para os dados de florescimento. Os triângulos representam o número de médio de flores produzidas naquele mês; a linha do vetor no círculo indica a média do ângulo; e o setor fora do círculo, indica o intervalo de confiança de 95%. Dados coletados entre outubro de 2019 e agosto de 2020 em Piracicaba/SP. (Continua)

Figura 8. Fenologia do florescimento de 24 famílias de *P. alata*. Gráfico de barras (esquerda) apontando a média mensal do florescimento; período das observações (eixo x) e número médio de flores produzidas (eixo y). Histograma circular (direita): frequência de cada variável fenológica para os dados de florescimento. Os triângulos representam o número de médio de flores produzidas naquele mês; a linha do vetor no círculo indica a média do ângulo; e o setor fora do círculo, indica o intervalo de confiança de 95%. Dados coletados entre outubro de 2019 e agosto de 2020 em Piracicaba/SP. (Continua)

Figura 8. Fenologia do florescimento de 24 famílias de *P. alata*. Gráfico de barras (esquerda) apontando a média mensal do florescimento; período das observações (eixo x) e número médio de flores produzidas (eixo y). Histograma circular (direita): frequência de cada variável fenológica para os dados de florescimento. Os triângulos representam o número de médio de flores produzidas naquele mês; a linha do vetor no círculo indica a média do ângulo; e o setor fora do círculo, indica o intervalo de confiança de 95%. Dados coletados entre outubro de 2019 e agosto de 2020 em Piracicaba/SP. (Conclusão)

4.3. Análises fenotípicas para qualidade do fruto

Dados fenotípicos de 24 famílias foram obtidos no primeiro ano de colheita, utilizando o delineamento de blocos casualizados com 4 repetições. As médias de 15 frutos por parcela foram obtidas para mensurar 8 características de fruto, além da produtividade.

Nas análises de variância conjuntas entre as 12 famílias, foram detectadas significâncias entre os efeitos de famílias para todos os caracteres, com exceção de SST, indicando a ausência de variação fenotípica detectável entre as famílias (Tabela 6). Relativamente às famílias oriundas dos recíprocos, não foram detectadas diferenças significativas para todos os caracteres, com exceção do caráter EC (p -valor=0,49599) (Anexo C).

O efeito aleatório de famílias e recíprocas foi investigado a partir do teste da razão de verossimilhança (LRT). Deste modo, pelo valor LRT, foi evidenciada significância entre os efeitos de famílias ($p \leq 0,05$) para os caracteres PF, DF, CF, EC, PC, RP, PP e Produtividade. Outro ponto relevante é o dos efeitos de famílias oriundas de cruzamentos recíprocos, evidenciados pela diferença significativa entre famílias e recíprocas somente para o caráter EC ($p \geq 0,05$), o que deverá ser considerado ao realizar a seleção (Anexo C). Isso indica, possivelmente, que há um efeito materno importante para o caráter EC.

As estimativas das variâncias do efeito de família e da recíproca, variâncias genéticas e fenotípicas são apresentadas na Tabela 6. Além disso, as estimativas dos valores fenotípicos médios, as amplitudes (valores mínimos e máximos), os coeficientes de variação (CV%) e a herdabilidade são apresentadas para cada um dos caracteres.

Os valores estimados para a variável EC foram apresentados individualmente, separando famílias e recíprocas. Isso foi feito devido à diferença significativa entre os dois efeitos apontada pelo teste LRT (Anexo C).

Os maiores valores da variância genotípica foram detectados para as variáveis PF, PC e CF, apresentando os valores 918,98; 617,58 e 38,39, respectivamente. Para as variâncias dos efeitos de família ($\sigma_{\text{família}}^2$), dos efeitos de família recíproca ($\sigma_{\text{recíproca}}^2$) e para a variância fenotípica, as maiores estimativas foram observadas para os mesmos caracteres, PF, PC e CF.

Relativamente ao coeficiente de variação (CV), os maiores valores foram observados para PC, PF e Produtividade, quais sejam 17,78% e 16,5% e 27,35%, respectivamente. Todos os valores de CV% se mantiveram relativamente baixos: de 0,02% (SST) até 27,35 (Produtividade), devido, provavelmente, por se tratar de uma cultura semi-perene e uma progênie de indivíduos aparentados e já selecionados.

A respeito dessas estimativas ($\sigma_{\text{família}}^2$, $\sigma_{\text{recíproca}}^2$, σ_g^2 , σ_f^2 e σ_e^2), os valores estimados de herdabilidade no sentido amplo (H^2) oscilaram de ~ 0 (SST, $H^2=4,27e^{-6}$) até 0,75 (DP), considerando os efeitos de família e os efeitos das famílias oriundas dos recíprocos. Os valores de herdabilidade considerados altos foram relativos a: DF, CF, PF, PC, EC, Produtividade e PP; a variável RP apresentou um valor mediano de 0,33; já para a característica SST, um valor próximo a 0 foi estimado para herdabilidade ($4,27e^{-6}$), significando que a variação entre as famílias se deve ao efeito do ambiente.

Os valores de herdabilidade para a variável EC se mostram diferentes quando foram estimados separadamente (em famílias e recíprocas), valores superiores aos apresentados na Tabela 6, e por isso, foram tratados individualmente (Anexo C). Ao individualizá-los, os valores de H^2 foram: 0,87 para as famílias; e 0,84 para as famílias oriundas dos cruzamentos recíprocos. Vale ressaltar que tal observação não é válida para as demais variáveis, pois seus efeitos não apresentam diferenças estatísticas significativas entre os cruzamentos (famílias e recíprocas).

Tabela 6. Estimativas de parâmetros genéticos-estatísticos da variância fenotípica e residual (σ_f^2, σ_e^2) e herdabilidade (H^2) para efeitos de família e efeito das recíprocas ($\sigma_{familia}^2, \sigma_{reciproco}^2$) de nove caracteres avaliados em 24 famílias de irmão completos.

Caráter	Média	(Mín-Máx)	$\sigma_{familia}^2$	$\sigma_{reciproco}^2$	σ_g^2	σ_f^2	σ_e^2	CV(%)	H^2
PF (g)	188,91	(48,25-353,5)	878,77	40,22	918,98	1366,49	1790,05	16,5	0,67
DF (mm)	71,41	(46,5-90)	16,41	2,37	18,77	24,89	24,46	6,06	0,75
CF (mm)	113,60	(73,5-146)	32,78	5,59	38,36	54,90	66,12	5,45	0,69
EC (mm) *	9,90	(8-13)	0,29	—	0,29	0,33	0,17	5,43	0,65
	9,30	(6-12)	—	0,11	0,11	0,13	0,09	3,56	
PC (g)	139,78	(33,5-280)	603,96	13,62	617,58	931,75	1256,68	17,78	0,66
RP (%)	26,18	(13,76-38,07)	2,21	1,09E-05	2,21	6,55	17,36	5,72	0,33
PP (g)	47,77	(14,5-81)	23,80	1,68	25,47	48,60	92,53	10,56	0,52
SST (%)	18,52	(16-21)	6,57E-07	5,27E-07	1,18E-5	0,25	1,10	0,02	4,27E-06
Produtividade (ton/ha ⁻¹)	3,43	(1,15-6,32)	0,57	0,30	0,88	1,52	2,59	27,35	0,57

PF: peso de fruto; DF: diâmetro de fruto; CF: comprimento de fruto; EC: espessura da casca; PC: peso da casca; PP: peso de polpa; RP: rendimento de polpa; SST: sólidos solúveis totais. CV (%): coeficiente de variação.

* Caráter que apresentou diferença estatística significativa ($p < 0,05$) entre as famílias e recíprocas pelo teste da LRT; evidenciando os efeitos para as famílias (acima da horizontal, em EC) e os efeitos para as recíprocas (abaixo da horizontal, em EC).

Quanto às estimativas das médias e das amplitudes para cada caráter, elas estão igualmente apresentadas na Tabela 6; e as amplitude das médias amostrais para cada caráter, para cada família e para a recíproca são apresentadas na Figura 9. É possível evidenciar a alta amplitude entre as famílias (Figura 9), como no caso de PC, que apresentou uma variação de 33,5 até 280 g. Ao examinar melhor essa variável, pode-se apontar os cruzamentos ♀49♂107, que apresentam a maior amplitude, possuindo um PC médio de 175,56 g; o cruzamento ♀21♂140, com PC médio de 184 g; e o ♀49♂140, com um PC médio de 150,25 g (Figura 9, e).

De maneira similar, valores elevados foram observados para PF (48,25 até 353,5 g), sendo que a família ♀49♂107 foi que apresentou a maior variação (PF médio = 244,56 g); para PP (14,5 até 81 g), com a maior variação no cruzamento ♀49♂107 (PP médio = 65 g); e Produtividade (1,15 até 6,32 ton./ha-1), sendo que o cruzamento ♀21♂122 foi que apresentou maior variação (Produtividade média = 3,28 ton./ha-1).

Os demais caracteres apresentaram um padrão de variação menor, como é o caso do SST, que mostrou uma variação de 16% até 21% em ° Brix. Especificamente em relação a EC, houve uma pequena variação entre as famílias oriundas de cruzamentos recíprocos (6 até 12 mm) relativamente àquelas entre as famílias (8 até 13 mm).

a) Peso de Fruto em gramas (PF)

b) Diâmetro de Fruto em mm (DF)

c) Comprimento de Fruto em mm (CF)

d) Espessura de Casca em mm (EC)

e) Peso de Casca em gramas (PC)

f) Rendimento de Polpa % (RP)

Figura 9. Gráfico de variação fenotípica das médias para os 8 caracteres relacionados à qualidade de fruto e Produtividade de 24 famílias de maracujá doce.

(Continua)

Figura 9. Gráfico de variação fenotípica das médias para os 8 caracteres relacionados à qualidade de fruto e Produtividade de 24 famílias de maracujá doce.

(Conclusão)

4.4. Performance das famílias e potencial de seleção

É comum em programas de melhoramento de frutíferas, ter como objetivo principal aumentar a performance, tanto na produção como na qualidade dos frutos. No presente trabalho, optou-se pela seleção das 8 famílias que apresentaram a melhor performance agrícola dentre as 24 famílias avaliadas, ou seja, aplicou-se uma intensidade de seleção (IS) de 30%.

Para selecioná-las, foi feita uma seleção direta contra EC, outra contra PC e uma a favor de PP; além disso, também foram empregadas duas estratégias de seleção: *i)* utilizando o índice com base em soma de postos (ou *rank's*) proposto por Mulamba e Mock (1978), que consiste em classificar todos os materiais avaliados, ranqueando-os, em relação a cada um dos caracteres e, no final, a soma dos *rank's* de cada família resulta em uma média adicional, tomada como índice de seleção; e *ii)* utilizando a estratégia de índice de seleção multiplicativo (IM) proposta por Elston (1963). Tal índice é o mesmo utilizado anteriormente pelo nosso grupo de pesquisa por Pereira et al. (2017) e Chavarria-Pérez et al. (2020).

Os valores de resposta de seleção (RS) e a RS em porcentagem (RS%) das famílias selecionadas, em resposta aos índices de seleções são apresentados na Tabela 7. A escolha das melhores famílias foi baseada de acordo com valores de RS%. Tais valores, correspondem aos valores *BLUP's* obtidos de cada família, que são apresentados no Anexo D.

Considerando a diferença estatística entre as famílias e as recíprocas para o carácter EC (veja, item 4.3), estes casos foram tratados individualmente ao realizar a seleção, originando *rank's* particulares. Também, ao empregar o IM e o índice com base em soma de postos, levou-se em conta tal diferença em EC.

Ao realizar a seleção somente para diminuir EC, como o esperado, ao comparar o ranqueamento das famílias e o das recíprocas, posições distintas foram encontradas, com exceção de um único cruzamento em comum entre os quatros apontados como melhores: ♀125♂122 ocupando a 4ª posição dentre as famílias e a 1ª posição dentre as recíprocas (Anexo E).

Com a utilização do IM, ranqueou-se o mesmo conjunto de famílias e recíprocas, porém com mudanças sutis no ranqueamento. Desse modo, o IM para famílias levou à escolha de: ♀125♂122, ♀21♂122, ♀107♂140 e ♀49♂140; enquanto, para as recíprocas, têm-se: ♀122♂125, ♀122♂21, ♀140♂49 e ♀140♂107.

Ao utilizar o índice com base na soma de postos, não houve mudanças na posição dentro dos *rank's*: para famílias, ♀49♂21, ♀49♂140, ♀125♂122 e ♀21♂122; e para as recíprocas, ♀21♂49, ♀140♂49 e ♀122♂21 e ♀122♂125, empatados no *rank* (Anexo E).

Por apresentarem igualdade na composição dos *rank's* (famílias e recíprocas) em ambos os índices, as RS's resultaram em valores idênticos, sendo apresentados uma única vez na Tabela 7.

Nota-se a similaridade das famílias selecionadas em ambos os índices (♀49♂140, ♀21♂122, ♀125♂122 e as respectivas recíprocas), havendo apenas um cruzamento discordante, ♀107♂140 selecionada pelo IM, sendo substituída no segundo índice, pela ♀49♂21.

Ao realizar seleção direta para diminuir EC e PC, observam-se outros caracteres sendo afetados negativamente, qual o caso de PP e Produtividade, por exemplo. Mesmo apresentando uma elevada contribuição na diminuição de EC e PC (-5,075% e -15,50%, respectivamente) esses *rank's* não são favoráveis. Equivalentemente, ao selecionar somente para elevar PP, caracteres desvantajosos são afetados positivamente, EC e PC. Já, ao abordar o IM, tem-se uma redução em EC e PC, com uma perda de -1,76% e -6,34% respectivamente, e um aumento do PP de 0,80%. Paralelamente, os caracteres PF, DF e CF são afetados negativamente, redução de -4,52%, -0,27% e -0,86%, respectivamente. Por fim, ao aplicar o índice com base em soma de postos, nota-se um ganho superior para o carácter PP (4,35%), uma redução para os caracteres EC e PC de -0,28% e -2,81%, respectivamente, e, nenhum dos demais caracteres avaliados sofreram ganhos ou perdas indesejáveis, sendo este é o resultado mais interessante do ponto de vista da seleção.

Um carácter que deve ser olhado com destaque é a Produtividade, já que se obtiveram ganhos em ambos os índices aqui aplicados, ganho de 1,46% com IM e ganho de 13,01% com o índice proposto por Mulamba e Mock (1978). Deste modo, pode-se afirmar que a melhor resposta de seleção foi para as famílias ranqueadas pelo índice com base em soma de postos, as quais apresentam as melhores performances: ♀49♂21, ♀49♂140, ♀21♂122 e ♀125♂122 e as respectivas recíprocas (Figura 11).

Figura 10. Frutos (representativos) das famílias que apresentaram as melhores performances para 8 caracteres relativos à qualidade de fruto e Produtividade. As imagens correspondem às famílias oriundas dos cruzamentos: (a) ♀49♂21 e ♀21♂49; (b) ♀49♂140 e ♀140♂49; (c) ♀21♂122 e ♀122♂21; (d) ♀125♂122 e ♀122♂125.

Tabela 7. Estimativas de resposta de Seleção (RS) e resposta de seleção em porcentagem (RS%) para 8 caracteres relacionados á qualidade de fruto e Produtividade de 24 famílias de irmãos completos, com base nos seguintes critérios: 30% de intensidade de seleção (IS), objetivando diminuir o peso e a espessura da casa (PC e EC) e aumentar do peso de polpa (PP), adorando-se IM proposto por Elston (1963) ou o índice proposto por Mulamba e Mock (1978). Os números em negrito representam a meta para cada seleção.

Caráter	Seleção contra EC				Seleção contra PC				Seleção a favor de PP				IM				Índice com base em soma e postos			
	Cruzamentos		Recíprocos		RS		RS%		RS		RS%		RS (BRUP)		RS%		RS		RS%	
	RS (BRUP)	RS%	RS (BRUP)	RS%	RS (BRUP)	RS%	RS (BRUP)	RS%	RS (BRUP)	RS%	RS (BRUP)	RS%	RS (BRUP)	RS%	RS (BRUP)	RS%	RS (BRUP)	RS%	RS (BRUP)	RS%
PF	-24,725	-13,1403	13,485	7,166709	-26,13	-13,887	28,9275	15,37375	-8,5075	-4,52138	7,25	3,85307								
DF	-3,32	-4,64634	1,965	2,750015	68,105	95,31285	4,4425	6,217272	-0,1975	-0,2764	0,85	1,189574								
CF	-1,7525	-1,54022	2,455	2,157625	-2,175	-1,91154	5,2025	4,57232	-0,9775	-0,8591	2,1	1,845627								
EC	-0,4875	-5,07592	-0,1	-1,04121	-0,4015	-4,18048	0,505	5,258134	-0,169	-1,75965	-0,0275	-0,28633								
PC	-20,985	-15,0663	10,65	7,646239	-21,59	-15,5007	23,975	17,21301	-8,83	-6,33956	-3,9125	-2,809								
RP	0,865	3,302577	-0,4025	-1,53675	0,975	3,722558	-0,91	-3,47439	0,8025	3,063952	0,2025	0,773147								
PP	-2,8525	-5,79796	0,1	0,203259	-3,2725	-6,65165	2,0775	4,222704	0,3975	0,807954	2,1425	4,354822								
SST	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0								
Produtividade	-0,1325	-3,87427	0,5125	14,98538	-0,35	-10,2339	0,3825	11,18421	0,05	1,461988	0,445	13,0117								

5. DISCUSSÃO

É relativamente comum, em programas de melhoramento de espécies frutíferas, encontrar fatores limitantes para realização de uma seleção eficiente, como a biologia e fisiologia das espécies, pouca adaptabilidade a situações experimentais, prolongados períodos de crescimento vegetativo ou ciclos reprodutivos prolongados e a presença de diferentes sistemas reprodutivos.

Apesar de sua promissora utilização como fruto *in natura*, algumas espécies acabam sendo negligenciadas e permanecem apresentando produções baixas e instáveis, devido, principalmente, à falta de variedades melhoradas. Para o maracujazeiro, assim como em outras culturas frutíferas, atender à demanda comercial em relação à qualidade dos frutos, vigor da planta e produtividade é tido como objetivo principal (CAVALCANTE et al., 2017; CHAVARRÍA-PEREZ et al., 2020; PEREIRA et al., 2017). Para Jung et al. (2007), os frutos de maracujazeiro doce devem pesar de 200 a 300 gramas, apresentar formato oval, sem amolecimento apical, casca firme, resistente ao transporte, rendimento de polpa acima dos 30%, apresentar um sabor adocicado (° Brix 20%) e expressivo rendimento. Entretanto, é improvável o alcance desses objetivos em alguns ciclos de seleção, exigindo um programa de melhoramento a médio prazo.

Como resposta a essa carência comercial, nosso grupo de pesquisa tem dedicado esforços na condução de pesquisas para gerar informações e selecionar genótipos que possam levar ao desenvolvimento de variedades.

No presente estudo, foi realizado o inter cruzamento de 6 genótipos selecionados (CHAVARRÍA-PEREZ et al., 2020) de maracujá doce em um esquema de dialelo completo balanceado, incluindo os recíprocos e as autofecundações, resultando em um montante de 24 famílias de irmãos completos (12 famílias e 12 famílias recíprocas). Assim, foi possível observar a presença da autoincompatibilidade dentro da população de irmãos completos, pela ausência de frutificação resultante das autofecundações e em alguns cruzamentos (Tabela 4).

Com a caracterização dos genótipos compatíveis e incompatíveis, notam-se diferenças entre cruzamentos recíprocos, tal qual ♀107♂21 (caracterizado como compatível) e o seu recíproco (♀21♂107, incompatível). Isso corrobora outros estudos desenvolvidos em maracujazeiro amarelo (SUASSUNA et al., 2003; RÊGO et al., 1999; AKAMINE & GIROLAMI, 1959). Relevantemente, Bruckner et al. (1995) enfatizam a importância da identificação dos genitores incompatíveis dentro de uma população de cruzamento, ou seja, um desafio para a produção de híbridos, a liberação de variedades sintéticas e para o estabelecimento de clones.

Em pomares comerciais de espécies frutíferas autoincompatíveis, como a ameixeira e a macieira, embora seus pomares sejam constituídos por clones, a presença de pelo menos dois clones compatíveis entre si, e coincidentes quanto à época de floração, é fundamental para garantir uma elevada frequência na produção de frutos (PETRI, 2002).

Como supracitado, ao estabelecer um pomar de produção comercial, as plantas integrantes precisam apresentar uma floração coincidente para elevar a produtividade. Algumas espécies de *Passiflora* apresentam comportamentos floríferos diferentes durante o ano e, consequentemente, variações na produção e no período de colheita, como observado no maracujazeiro azedo (BENEVIDES et al., 2009; CAVICHIOLI et al., 2006; KISHORE et al., 2010; NAVE et al., 2010), no doce (ESASHIKA et al., 2018) e em outras (ATAÍDE et al., 2012; BRITTO et al., 2018; ESASHIKA et al., 2018). Para Forsthofer et al. (2004), a caracterização das modificações das variações durante o ciclo fenológico é de grande importância para definir práticas culturais com o propósito de maximizar a produtividade. Portanto, garantir que um pomar apresente um florescimento simultâneo entre as plantas é essencial para a disponibilização ao agricultor, assegurando a presença de flores abertas para a formação de frutos.

As 24 famílias de maracujá doce aqui estudadas apresentaram um florescimento persistente e contínuo (10 meses), produzindo flores de outubro de 2019 a agosto de 2020 (Tabela 5, Figura 8). Tal período é de certa forma considerado extenso para a reprodução de uma espécie. Entretanto, em condição de cultivo, o florescimento e a frutificação das passifloras ocorrem praticamente durante todo o ano (ESASHIKA et al., 2018). Comumente, no maracujazeiro doce, o ciclo reprodutivo ocorre entre os meses de agosto a março (CERVI, 1997), podendo apresentar floradas distribuídas entre março a setembro (VARASSIN & SILVA, 1999). Já no maracujazeiro azedo, o período de florescimento é observado de forma reduzida, de 5 a 6 meses, aproximadamente (SOUZA et al., 2012; VIANNA-SILVA et al., 2008).

Semelhantemente, Faria e Stehmann (2010) ao estudarem a biologia reprodutiva de *P. capsularis*, relataram um desempenho fenológico reprodutivo semelhante ao do presente estudo, de novembro a junho. Milward-de-Azevedo e Baumgratz (2004) realizaram um estudo amplo em espécies de *Passifloras* silvestres do sudeste brasileiro, inclusive *P. alata*, e notaram um aumento significativo na produção de flores em meses com temperaturas mais amenas; essa afirmação coincide com o pico geral de florescimento aqui observado, isto é, no mês de maio (Tabela 5). Já para espécies cultivadas, o longo período reprodutivo permanece. Benevides et al. (2009), por exemplo, notaram um longo período no florescimento do maracujazeiro azedo (entre o mês de setembro a junho), o qual foi avaliado nos anos de 2004 e 2005.

Há pouca informação sobre o período do florescimento de *P. alata*, devido, provavelmente, à difícil estimação e padronização da tomada de dados, à influência ambiental, longevidade e falta de sincronia na etapa da produção floral, pois se trata de uma espécie praticamente não domesticada e que floresce o ano todo. Deste modo, coletas de dados por períodos mais prolongados se tornam necessárias, abordando pelo menos dois ciclos fenológicos reprodutivos, podendo assim auxiliar na adoção de práticas culturais eficientes, visando por exemplo, ao aumento da produtividade. Tal observação estende-se para outras culturas comerciais, como Benevides et al. (2009) observaram ao caracterizarem a fenologia de *P. eludis* no Norte Fluminense.

Por fim, as famílias avaliadas, em sua grande maioria, apresentaram o pico de florescimento no mês de maio, havendo em algumas um desvio do pico de florescimento (DPF) (veja Tabela 5). Além disso, nenhuma das famílias apresentou uniformidade durante o período de floração, com exceção da família ♀21♂125, que apresentou o menor valor do vetor- $r = 0,11$ (demostrando uma descentralização nos dados fenotípicos). Todas as restantes apresentaram um desvio, segundo o teste de von Mises, denotando a concentração de dados fenotípicos em torno da média circular, o qual se encontra no pico de floração que, em sua grande maioria, corresponde ao mês de maio. Acredita-se que essa alta sobreposição do florescimento em plantas seja resultado da pressão seletiva que favoreceu a polinização cruzada em espécies autoincompatíveis, aumentando a atração por polinizadores (GUITIAN & SANCHEZ, 1992).

Além disso, foram obtidos dados fenotípicos para 8 caracteres relacionados à qualidade de fruto: peso de fruto (PF), diâmetro e comprimento do fruto (DF e CF), espessura e peso da casca (EC e PC), peso e rendimento de polpa (PP e RP) e teor de sólidos solúveis (SST); e Produtividade. Optou-se aqui pela estimação dos componentes de variância do efeito de família e do efeito de família recíproca, já que os progenitores das famílias estudadas nessa dissertação são irmãos completos, a espécie mostra autoincompatibilidade, não justificando estimar a capacidade combinatória entre eles.

Observando-se o Anexo C, nota-se diferença significativa entre as famílias para todos os caracteres avaliados ($p \leq 0,05$), com exceção da característica SST ($p = 0,49$), cuja estimativa da herdabilidade foi próxima a zero. Talvez, para o caráter SST, a endogamia presente na população (coeficiente de endogamia, $F = 0,25$) tenha eliminado

a variação de natureza genética. Nota-se na Figura 9h que a variação fenotípica apresenta tendência linear paralela ao eixo y. Interessantemente, Junqueira et al. (2005), estudando a performance agrônômica de 10 famílias de maracujá doce, também, não identificaram diferenças significativas para o caráter SST entre as famílias, da mesma forma para os caracteres EC, PP e RP.

Já Martins et al. (2003), avaliando cinco populações de maracujá doce, não aparentadas, sendo três delas pré-selecionadas de um banco de germoplasma da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/UENSP e as duas provenientes de pomares comerciais, também não observaram diferenças significativas entre os caracteres SST, EC e RP. Também, Jung et al. (2007), estudando 36 progênies de maracujazeiro doce, oriundas de 12 genótipos selecionados, cruzados na forma de dialelo parcial, não observaram diferenças significativas entre as progênies para os caracteres PF, PP e SST.

Na população estudada, o RP é uma razão expressa em porcentagem, que determina quanto do PF é devido ao PP. Pereira et al. (2017), obtendo dados da população segregante ($N=100$), da qual os progenitores das famílias aqui estudadas fazem parte, estimaram um RP igual a 23,37% para 30 genótipos selecionados com base em IM. Quando os 30 genótipos selecionados foram reavaliados por Chavarría-Pérez et al. (2020), observaram um aumento para o caráter, ou seja, RP igual a 31,06%. Houve um incremento no RP que se deu graças à avaliação em locais e épocas distintas.

Entretanto, neste trabalho, observou-se uma diminuição do RP para 26,18%. Tal resultado é semelhante ao encontrado em um (RP = 26,6%) dos 3 ambientes avaliados por Chavarría-Pérez et al. (2020), justamente o mesmo ambiente usado no presente estudo. Isso é interessante, pois significa que, ao longo do tempo, o valor de RP se manteve. Além disso, valores similares de RP em frutos de maracujazeiro doce foram observados por Martins et al. (2003), iguais a 26,4%, 25,9%, 29%, 26,3% e 28,6% para cada população avaliada.

Relativamente à Produtividade, as famílias apresentaram um valor de 3,43 ton/ha⁻¹ (Tabela 5). Embora esse valor seja relativamente baixo, houve um aumento em relação ao estimado por Chavarría-Pérez et al. (2020), pois estes autores obtiveram uma produção de 2,36 ton/ha⁻¹. Outro ponto importante é a elevada amplitude observada no presente estudo, chegando a 6,32 ton/ha⁻¹ na família ♀49♂125. Existem relativamente poucos estudos em relação à produtividade dessa espécie, devido, provavelmente, à difícil estimação e padronização dos dados fenotípicos. Além disso, outros parâmetros podem ser mencionados, como: o número de frutos por planta; peso dos frutos; densidade de plantas por hectare; sistema de cultivo; e números de safra por hectare por ano. Estes são aspectos importantes, pois podem interferir na estimação desse parâmetro. Um exemplo é a produtividade relatada por Kavati & Piza Junior (2002), que variou de 15 até 50 ton ha⁻¹/ano, essa produtividade, entretanto, corresponde a 2 safras no ano e com uma densidade de plantas superior à adotada no presente trabalho, além do método de cultivo do maracujazeiro doce ser por latada.

Outro parâmetro aqui avaliado foi a herdabilidade, que foi estimada da forma tradicional (razão entre a variância genética e a variância fenotípica), cujas medidas retratam qual parte da variância fenotípica da família pode ser atribuída à variância genotípica, possibilitando a estimativa do progresso genético esperado pela seleção (HOLLAND et al, 2010). Valores que podem ser considerados de alta magnitudes foram encontrados para todos os caracteres aqui avaliados, com exceção de RP e SST, apresentando valores de 0,33 e ~0, respectivamente.

Chavarría-Pérez et al. (2020), avaliando 30 genótipos entre os quais estão os progenitores das famílias do presente estudo, em 3 ambientes distintos, ao estimarem a herdabilidade segundo a abordagem proposta por Cullis et al. (2006) obtiveram valores altos para todos os caracteres avaliados. Entretanto, Jung et al. (2008), avaliando 36 progênies de irmãos completos, e utilizando o delineamento em blocos casualizados e com uma densidade de plantas

superior à do presente estudo (de 2,5 m²/planta), estimaram valores para herdabilidade relativamente baixos para os caracteres PF, PP, EC, SST e RP, quais sejam 5,82%, 3,96%, 4,40%, 1,80% e 1,40%, respectivamente. Por se tratar de um parâmetro intrínseco à população e ao ambiente de avaliação, é natural que se observem diferenças.

Como já descrito, todas as famílias apresentaram diferenças estatísticas significativas entre os respectivos efeitos para todos os caracteres, com exceção do caráter SST. Entretanto, ao avaliar os efeitos de famílias e os efeitos de famílias recíprocas, não foram obtidas diferenças significativas para todos os caracteres. Uma única exceção foi observada para o caráter EC. Isso sugere ser interessante determinar qual genitor será utilizado como doador de pólen e qual genitor será o receptor, já que há interesse comercial na diminuição da EC. Nesse sentido, o casal ♀125♂122 e o recíproco ♀122♂125 foram os que se mostraram melhores para diminuir a EC.

Ranques distintos para famílias e para as famílias oriundas de cruzamentos recíprocos foram obtidos, usando ambos os índices de seleção (item 3.4.2 e 4.4).

Ao aplicar o IM e o índice com base na soma de postos, em ambos os casos, foi selecionado o mesmo conjunto, porém em diferentes ordens de ordenamento. Isso se deve, provavelmente, ao valor de significância de EC estar próximo a 0,05, apresentando um p-valor de 0,041 (Anexo C). Além disso, observou-se igualdade entre o *rank* dado pelo IM e o do índice de Mulamba e Manck (1978), havendo somente um cruzamento discordante, ♀107♂140 (e recíproco) obtido pelo IM, substituído por ♀49♂21 (e o recíproco) no segundo índice.

De posse da análise realizada e na tentativa de selecionar famílias com a melhor performance dentre as 24 famílias e usando uma intensidade de seleção de 30%, foram mantidos os cenários propostos nos trabalhos anteriores de Pereira et al. (2017) e Chavarría-Pérez et al., (2020).

Devido às altas correlações entre os caracteres EC e PC (CHAVARRÍA-PÉREZ et al., 2020), ao empregar o IM para a seleção, foram obtidos ganhos tímidos para PP (0,80%) e Produtividade (1,45%), assim como uma perda em PF, DF e CF. Graças à seleção contra EC e PC, resultante em ganho de PP e perda de PF, é razoável se esperar um aumento em RP (ganho de 3,06%) (Tabela 7). Se for realizada a seleção das famílias apontadas com IM, a EC diminuirá em 0,17 mm em relação à média da população (9,60 mm, Tabela 4), porém apresentará uma diminuição em relação a outros atributos do fruto, como o peso, diâmetro e comprimento em 8,53 g, 0,19 mm e 0,97 mm, respectivamente.

Agora, quando a seleção é praticada utilizando o índice com base em soma de postos, observa-se um ganho para todos os caracteres de interesse, principalmente em Produtividade e PP, ganhos de 13,01% e 4,35%, respectivamente. Quanto à diminuição no peso e espessura da casca (EC e PC), ambos apresentam diminuição, sem afetar negativamente os demais caracteres. Nesse caso, se pode esperar um aumento de 0,446 ton. ha⁻¹ na Produtividade, além da perda em EC e PC em 0,03 mm e 3,93 g, respectivamente. Assim, conclui-se que mediante o emprego do índice com base na soma de postos, valores favoráveis e maiores respostas à seleção foram observados, tornando favorável sua utilização.

A alternativa de testar índices de seleção no processo de escolha das melhores famílias, populações, genótipos, etc., é bem vista entre os melhoristas (SANTOS et al. 2007). Isso proporcionou, no presente estudo, uma seleção para 9 caracteres simultaneamente, sem ocorrer ganho ou perda indesejadas nos caracteres de interesse comercial.

Outros exemplos podem ser citados. Neves et al. (2011), ao avaliarem 113 famílias de irmão completos oriundos do cruzamento entre 23 plantas usadas como progenitor masculino e 113 plantas receptoras de maracujazeiro azedo, utilizando o Delineamento I da Carolina do Norte, com o objetivo de selecionar as melhores famílias, comparando diferentes índices de seleção, obtiveram ganhos importantes usando o índice proposto por

Mulamba e Monck (1978). Resultados satisfatórios também foram obtidos por Santos et al. (2008), ao compararem quatro diferentes índices de seleção em progênies de irmãos completos e meio irmãos de maracujá amarelo, com o intuito de aumentar o vigor e a resistência à verrugose (*Cladosporium cladosporioides*). Por fim, Freitas et al. (2012), enfatizaram o uso do mesmo índice de seleção proposto por Mulamba e Monck (1978) como o melhor; vale ressaltar que esses autores avaliaram 43 acessos de maracujá amarelo, do banco de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura, utilizando o delineamento de blocos aumentados, visando identificar os melhores acessos para a formação de uma população base, com alto potencial reprodutivo e de qualidade relativa aos frutos.

Em adição à contribuição deste trabalho sobre o melhor índice de seleção, oportunamente, as famílias aqui selecionadas, apresentaram um florescimento coincidente, com picos de florescimento no mês de maio ou novembro, garantindo a presença de flores de famílias distintas para a polinização cruzada e consequentemente para a geração de frutos.

Finalmente, sugere-se o interesse de disponibilizar um conjunto de famílias superiores de maracujazeiro doce que apresente um potencial produtivo relevante e com qualidade de frutos adequada. Deste modo, propõe-se a seleção de 8 famílias com a melhor performance agronômica, quais sejam: ♀49♂21, ♀49♂140, ♀21♂122 e ♀125♂122, juntamente com as recíprocas, ♀21♂49, ♀140♂49, ♀122♂21 e ♀122♂125, respectivamente (Anexo E). Vale notar a presença dos genótipos 49 e 21 na maioria dos cruzamentos selecionados, tanto como genitor masculino quanto feminino, genótipos anteriormente indicados como os primeiros posicionados no *ranking* de Chavarria-Pérez et al. (2020) e Pereira et al. (2017).

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os programas de melhoramento de espécies frutíferas são negligenciados no Brasil, principalmente para as frutíferas nativas, incluindo o maracujá doce (*Passiflora alata*). As variedades melhoradas disponíveis apresentam adaptação local (Cerrado centro-oeste brasileiro). Para outras regiões, os materiais plantados são oriundos de seleção empírica.

A ausência de frutificação nas autofecundações e em alguns cruzamentos reforçaram a presença de incompatibilidade entre os progenitores, sugerindo a necessidade de direcionar os cruzamentos para os genótipos compatíveis.

A análise da população aqui estudada, apesar do número limitado (24 famílias de irmãos completos), permitiu detectar diferenças estatísticas significativas para os caracteres de interesse. Também, foi observada semelhança nas variâncias genéticas e fenotípicas entre as famílias e as recíprocas. Sugere-se a possibilidade de implantação de famílias em pomares que apresentem o pico de florescimento em épocas semelhantes.

Por fim, a seleção com base em soma de postos se mostrou eficiente, permitindo obter maiores ganhos de seleção para todos os caracteres de interesse, mesmo para aqueles inversamente correlacionados.

Oito famílias foram classificadas como superiores tanto para a qualidade de fruto como para produtividade. Importante, com base em tais resultados, será possível indicar quais genitores devem ser cruzados (2 a 2) visando à produção comercial das sementes ou, alternativamente, para a continuidade dos estudos.

REFERÊNCIAS

- AKAMINE, E.K; GIROLAMI, G. Pollination and fruit set in the yellow passion fruit. **Thechnical Bulletin**, n. 39, 1959.
- ARASU, N.T. Self-incompatibility in angiosperms: a review. **Genetica**, n. 39, p. 1-24, 1968.
- ATAÍDE, E.M; OLIVEIRA, J.C; RUGGIERO, C. Florescimento e frutificação do maracujazeiro silvestre *Passiflora setacea* D. C. cultivado em Jaboticabal, SP. **Rev. Bras. Frutic.**, v. 34, n. 2, p. 377–381, 2012.
- BENEVIDES, C.R; GAGLIANONE, M.C; HOFFMANN, M. Visitantes florais do maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg. Passifloraceae) em áreas de cultivo com diferentes proximidades a fragmentos florestais na região Norte Fluminense, RJ. **Revista Brasileira de Entomologia**, v. 53, n. 3, p. 415–421, 2009.
- BERNACCI, L.C; MELETTI, L.M.M; SOARES-SCOTT, M.D. Maracujá-doce: o autor, a obra e a data da publicação de *Passiflora alata* (Passifloraceae). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, n. 2, p. 355–356, 2003.
- BRAGA, M.F.; JUNQUEIRA, N.T.V; FALEIRO, F.G; BELLON, G; JUNQUEIRA, K.P. Maracujá doce: melhoramento genético e germoplasma. In: FALEIRO, F.G; JUNQUEIRA, N.T.V; BRAGA, M.F. (eds.) **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrado, 2005. p.601-617.
- BRITTO, F.F; DIAS, D.L.O; AMARAL, C.L.F; MAFFEI, E.M; LIBARINO, V.D. Determinação do sistema reprodutivo de parentais para produção de híbridos entre *P. cincinnata* Mast. e *P. quadrangularis* Linn. **Revista de Ciências Agronômicas**, v. 27, n. 4, p. 407–423, 2018.
- BRUCKNER, C.H; CASALI, V.W.D; MORAES, C.F; REGAZZI, A.J; SILVA, E.A.M. Self-incompatibility in passion fruit (*Passiflora edulis* Sims). **Acta Horticulturae**, The Hague, v. 370, p. 45-57, 1995.
- BUTLER, D.G; CULLIS, B.R; GILMOUR, A.R; GOGEL, B.J; THOMPSON, R. **ASRemal-R Reference Manual Version 4**: ASReml estimates variance components under a general linear mixed model by residual maximum likelihood (REML). Hemel Hempstead: VSN International Ltd, 2017. p. 176.
- CARLOSAMA, A.R; FALEIRO, F.G; MORERA, M.P; COSTA, A.M. **Pasifloras especies cultivadas en el mundo**. Brasília, DF: ProImpress, 2020.
- CARVALHO, C; KIST, B.B; BELING, R.R. **Brazilian Horti&Fruit yearbook**. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta, 96 p., 2019.
- CAVALCANTE, N.R; KRAUSE, W; VIANA, A.P; SILVA, C.A.; PORTO, K.K.X; MARTINEZ, R.A.S. Anticipated selection for intrapopulation breeding of passion fruit. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 39, n. 2, p. 143–148, 2017.
- CAVICHIOLI, J.C; RUGGIERO, C; VOLPE, C.A; PAULO, E.M; FAGUNDES, J.L; KASAI, F.S. Florescimento e frutificação do maracujazeiro-amarelo submetido à iluminação artificial, irrigação e sombreamento. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 28, n. 1, p. 92–96, 2006.
- CERVI, A.C. Passifloraceae do Brasil. Estudo do gênero *Passiflora* L., subgênero *Passiflora*. **Fontqueria**, v. 45, p. 1–92, 1997.
- CHAVARRÍA-PÉREZ, L.M. **Estudos genéticos em uma população segregante de maracujá-doce selecionada para qualidade de fruto**. 2018. 93 p. Tese (Douto em Ciências). Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. 2018.

- CHAVARRÍA-PÉREZ, L.M; GIORDANI, W; DIAS, K.O.G; COSTA, Z.P; RIBEIRO, C.A.M; BENEDETTI, A.R; CAUZ-SANTOS, L.A; PEREIRA, G.S; ROSA, J.R.B.F; GARCIA, A.A.F; VIEIRA, M.L.C. Improving yield and fruit quality in sweet passion fruit: Evidence for genotype by environment interaction and selection of promising genotype. **PLoS ONE**, v. 15, n. 5, 2020.
- CRUZ, C.D; REGAZZI, A.J; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2012.
- CULLIS, B.R; COOMBES, N.E. On the desing of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statstics**, v. 11, n. 4, p. 381-393, 2006.
- DAFNI, A. **Pollination ecology**: a practical approach. New York: Oxford University Press, 1992. p. 247.
- DI BITETTI, M.S; ANGELO, C.D; DI BLANCO, Y.E; PAVIOLO, A. Niche partitioning and species coexistence in a Neotropical felid assemblage. **Acta Oecologica**, v. 36, n. 4, p. 403–412, 2010.
- ELSTON, R.C. A Weight-Free Index for the Purpose of Ranking or Selection with Respect to Several Traits at a Time. **Biometrics**, v. 19, n. 1, p. 85, 1963.
- EMBRAPA. Embrapa lança cultivar de maracujá doce. 8 de dez. 2017. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/30461692/embrapa-lanca-cultivar-de-maracuja-doce>>. Acesso em: 12 de out. 2020.
- EMBRAPA. Maracujá doce ganha mercado de frutas especiais. Agrolink, 2019. Disponível em: <https://www.agrolink.com.br/noticias/maracuja-doce-ganha-mercado-de-frutas-especiais_422953.html>. Acesso em: 08/03/2021.
- ESASHIKA, D.A.S; FALEIRO, F.G; JUNQUEIRA, N.T.V. Phenology of the production of flowers and fruits of wild and hybrid species of the genus *Passiflora*. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 40, n. 2, p. e-188, 2018.
- FALEIRO, F.G; JUNQUEIRA, N.T.V; JUNGHANS, T.G; JESUS, O.N; MIRANDA, D; OTONI, W.C. Advances in passion fruit (*Passiflora spp.*) propagation. **Rev. Bras. Frutic.**, Jaboticabal, v.41, n.2, abr. 2019.
- FALEIRO, F.G; OLIVEIRA, J.S; JUNQUEIRA, N.T.V; COSTA, A.M. Maracuyá dulce: *Passiflora alata* Curtis. In: CARLOSAMA, A. R.; FALEIRO, F. G.; MORERA, M. P.; COSTA, A. C. (eds.) **Pasifloras: espécies cultivadas en el mundo**. Brasília, DF: ProImpress, 2020. p.33-45.
- FARIA, F.S; STEHMANN, J.R. Reproductive biology of *Passiflora capsularis* L. e *P. pohlil* Mast. (Decaloba, *Passifloraceae*). **Acta Botanica Brasilica**, v. 24, n. 1, p. 262–269, 2010.
- FERREIRA, T.G; PENHA, H.A; ZUCCHI, M.I; SANTOS, A.A; HANAI, L.R; JUNQUEIRA, N; BRAGA, M.F; VENCOSKY, R; VIEIRA, M.L.C. Outcrossing rate in seet passion fruit based on molecular markers. **Plant Breeding**, v.129, n.6, p.727-730, 2010.
- FEUILLET, C. *Passifloraceae* (Passion flower Family). In: SMITH, N.; MORI, S. A.; HENDERSON, A.; STEVENSON, D. W.; HEALD, S. V. (eds.) **Flowering Plants of the Neotropics**. Oxford: Princeton University Press, 2004. p.286-287.
- FORSTHOFER, E.L; SILVA, P.R.F; ARGENTA, G; STRIEDER, M.L; SUHRE, E; RAMBO, L. Desenvolvimento fenológico e agrônomico de três híbridos de milho em três épocas de semeadura. **Ciência Rural**, v. 34, n. 5, p. 1341–1348, 2004.
- FREITAS, J.P.X; OLIVEIRA, E.J; JESUS, O.N; CRUZ NETO, A.J; SANTOS, L.R. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro-amarelo com uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 3, p. 393–401, 2012.

- GUITIAN, J; SANCHEZ, J.M. Flowering phenology and fruit set of *Petrocoptis grandiflora* (Caryophyllaceae). **International Journal of Plant Sciences**, v. 153, n. 3, p. 409–412, 1992.
- HOLLAND, J.B; NYQUIST, W.E; CERVANTES-MARTÍNEZ, G.T. **Estimation and interpreting heritability for plant breeding**: An update. In: ASKEW, G.R; GOLDMAN, I.L; GILBERT, M. Plant Breeding Reviews. Oxford, UK: John Wiley & Sons, v. 22, 2010. p. 9-112.
- JUNG, M.S; VIEIRA, E.A; BRANCKER, A; NODARI, R.O. Capacidade geral e específica de combinação de caracteres do fruto do maracujazeiro doce (*Passiflora alata* Curtis). **Ciência Rural**, v. 37, n. 4, p. 963–969, 2007.
- JUNG, M.S; VIEIRA, E.A; BRANCKER, A; NODARI, R.O. Herdabilidade e ganho genético em caracteres do fruto do maracujazeiro-doce. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 1, p. 209–214, 2008.
- JUNQUEIRA, N.T.V; PEIXOTO, J.R; BRANCHER, A; JUNQUEIRA, K.P; FIALHO, J.F. Melhoramento genético do maracujá doce. In: MANICA, I; BRANCHER, A; SANZONOWICZ, C; ICUMA, I.M; AGUIAR, J.L.P; AZEVEDO, J.A; VASCONCELLOS, M.A.S; JUNQUEIRA, N.T.V. **Maracujá doce**: tecnologia de produção, pós-colheita, mercado. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2005. p. 39-46.
- KAVATI, R; PIZA JUNIOR, C. de T. **Cultura do Maracujá doce**. 1ª. Ed. Campinas: CATI, 2002.
- KISHORE, K; PATHAK, K.A; SHUKLA, R; BHARALI, R. Studies on floral biology of passion fruit (*Passiflora spp.*). **Pakistan Journal of Botany**, v. 42, n. 1, p. 21–29, 2010.
- KOVACH, W.L. **Oriana**: circular statistics for Windows, ver. 4. Kovach Computing Services: Pentraeth, United Kingdom, 2011. p. 171.
- LANDLER, L; RUXTON, G.D; MALKEMPER, E.P. Circular data in biology: advice for effectively implementing statistical procedures. **Behavioral Ecology and Sociobiology**, v. 74, n. 8, 2018
- LAPERUTA, L.D.C. **Estudos de uma população segregante (F₁) de maracujá-doce: enriquecimento do mapa de ligação e mapeamento de QTL para produção e qualidade de fruto**. 2011. 134 p. Tese (Doutora em Ciências). Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2011.
- LEONEL, S; PEDROSO, C.J. Produção de mudas de maracujazeiro-doce com o uso de biorregulador. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 27, n. 1, p. 107–109, 2005.
- MARTINS, M.R; OLIVEIRA, J.C; MAURO, A.O; SILVA, P.C. Avaliação de populações de maracujazeiro doce (*Passiflora alata* Curtis) obtidas de polinização aberta. **Rev. Bras. de Frut.**, v. 25, p. 111-114, 2003.
- MELETTI, L. M.M; BRUCKNER, C.H. Melhoramento Genético. In: BRUCKNER, C.H; PICANÇO, M.C. (eds.) **Maracujá**: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria e mercado. Porto Alegre: Cinco Continentes, 2001. p. 345-385.
- MELETTI, L.M.M; SOARES-SCOT, M.D; PINTO-MAGLIO, C.A.F; MARTINS, F.P. Caracterização de germoplasma de maracujazeiro (*Passiflora sp.*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Antas, v.14, n.2, p.157-162, 1992.
- MILWARD-DE-AZEVEDO, M.A; BAUMGRATZ, J.F.A. *Passiflora* L. Subgênero Decaloba (Dc.) Rchb. (Passifloraceae) na região sudeste do Brasil. **Rodriguésia** 55, v. 3, p. 17–54, 2004.
- MULAMBA, N.N; NOCK, J.J. Improvement of yield potential in Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population through breeding for morphological and physiological traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, p. 40-51, 1978.
- NAVE, N; KATZ, E; CHAYUT, N; GAZIT, S; SAMACH, A. Flower development in the passion fruit *Passiflora edulis* requires a photoperiod-induced systemic graft-transmissible signal. **Plant, Cell and Environment**, v. 33, n. 12, p. 2065–2083, 2010.

- NEVES, L.G; BRUCKNER, C.H; CRUZ, C.D; VIANA, A.P; BARELLI, M.A.A. Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracujazeiro- amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 4, p. 1322–1330, 2011.
- NUNES, E.S. **Caracterização fenotípica e molecular de uma população F₁ de maracujá-doce visando à construção de mapas de ligação e identificação de QTL**. 2010. 138p. Tese (Doutor em Ciências). Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2010.
- PATTERSON, H.D; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.
- PEREIRA, G.S.; LAPERTA, L.D.C; NUNES, E.S; CHAVARRÍA-PÉREZ, L; PASTINA, M.M; GAZAFFI, R; GERALDI, I.O; GARCIA, A.A.F; VIEIRA, M.L.C. The sweet passion fruit (*Passiflora alata*) crop: Genetic and phenotypic parameter estimates and QTL mapping for fruit traits. **Tropical Plant Biology**, v. 10, n. 1, 2017.
- PETRI, J.L. Formação de flores, polinização e fertilização. In: EPAGRI. **Manual da cultura da macieira**. Florianópolis: Epagri, 2002. p. 229-260.
- REFLORA. *Passiflora* in Flora do Brasil 2020 em construção. Jardim Botânico do Rio de Janeiro, 2020. Disponível em:
<<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/FichaPublicaTaxonUC/FichaPublicaTaxonUC.do?id=FB12506>>. Acesso em: 10 out. 2020.
- RÊGO, M.M; BRUCKNER, C.H; SILVA, E.A.M; FINGER, F.L; SIQUEIRA, D.L; FERNANDES, A.A. Self-incompatibility in passion fruit: evidence of two locus genetic control. **Theoretical and Applied Genetics**, n. 98, p. 564-568, 1999.
- SANTOS, C.E.M; PISSIONI, L.L.M; MORGADO, M.A.D.O; CRUZ, C.D; BRUCKNER, C.H. Estratégias de seleção em progêies de maracujazeiro amarelo quanto ao vigor e incidência de verrugose. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 2, p. 444–449, 2008.
- SANTOS, F.S; JÚNIOR, A.T.A; JÚNIOR, S.D.P.F; RANGEL, R.M; PEREIRA, M.G. Predição de ganhos genéticos na população de milho pipoca UNB-2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. **Semina: Ciências Agrárias**, v.66, n. 3, p. 389-396, 2007.
- SOUZA, S.A.M; MARTINS, K.C; AZEVEDO, A.S; PEREIRA, T.N.S. Fenologia reprodutiva do maracujazeiro-azedo no município de Campos dos Goytacazes, RJ Reproductive phenological of passion fruit in Campos dos Goytacazes, RJ, Brazil. **Ciência Rural**, v. 42, n. 10, p. 1774–1780, 2012.
- SUASSUNA, T.M.F; BRUCKNER, C.H; CARVALHO, C.R; BORÉM, A. Self-incompatibility in passion fruit: evidence of gametophytic-sporophytic control. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 106, p. 298-302, 2003.
- ULMER, T; MACDOUGAL, J.M. **Passiflora**: Passionflower of the world. Portland, OR: Timber Press, 2004.
- VARASSIN, I.G; SILVA, A.G. A Melitofilia em *Passiflora alata* Dryander (Passifloraceae), em Vegetação de Restinga. **Rodriguesia**, v. 50, n. 76–77, 1999.
- VIANNA-SILVA, T; RESENDE, E.D; PEREIRA, S.M.F; VIANA, A.P; ROSA, R.C.C; CARLOS, L.A; VITORAZI, L. Influência dos estádios de maturação sobre as características físicas dos frutos de maracujá-amarelo. **Bragantia**, v. 67, n. 2, p. 521–525, 2008.

ANEXOS

ANEXO A.

Resultado da análise de solo realizada na área experimental de plantio de maracujá-doce.

Resultado de Análise de Macro e Micronutrientes												
Amostras	pH	P	S	K	Ca	Mg	Al	H+Al	SB	CTC	V(%)	M(%)
0 – 20	6,4	3,2	9	132	5,5	2,4	0	4,2	8,2	12,4	66,1	0
20 – 40	6,2	1,4	10	53	5	1,8	0	4	6,9	10,9	63,3	0
Amostra	B	Cu	Fe	Mn	Zn							
0 – 20	0,37	5,7	59	72,4	4,2							
20 – 40	0,34	4,9	25	50,1	0,9							

Métodos: pH em H₂O e em CaCl₂ 1 mol.L⁻¹, Fósforo (P) extração por Mehlich 1 e determinação por colorimetria, Potássio (K) extração por Mehlich 1 e determinação em espectrofotômetro de emissão atômica, Cálcio (Ca) e Magnésio (Mg) extração por KCl 1mol.L⁻¹ e determinação em espectrofotômetro de absorção atômica, Alumínio (Al) extração por KCl 1mol.L⁻¹ e determinação por titulometria, Acidez potencial (H+Al) extração por acetato de cálcio (0,5 mol.L⁻¹) e determinação por titulometria (Manual de Análises Químicas de Solos, Plantas e Fertilizantes. Embrapa, 1999). Matéria orgânica extração por solução de dicromato de dódio em ácido sulfúrico e determinação por colorimetria. (Manual de análise química para avaliação da fertilidade de solos tropicais. IAC, 2001).

ANEXO B. Período de florescimento de 6 genótipos de maracujá doce durante outubro de 2018 até outubro de 2019.

ANEXO C. Valores do teste da razão de verossimilhança (LRT) e os respectivos p-valores, para oito caracteres relacionados à qualidade de frutos e Produtividade.

Caracter		LRT	p-valor
PF	Famílias	17,23825	0,00002**
	Recíprocos	0,144	0,35217
DF	Famílias	23,6856	0,000001**
	Recíprocos	1,91246	0,08335
CF	Famílias	17,13005	0,00002**
	Recíprocos	1,51914	0,10887
EC	Famílias	10,87607	0,00049**
	Recíprocos	3,02385	0,04102*
PC	Famílias	17,07614	0,00002**
	Recíprocos	0,03588	0,42488
PP	Famílias	7,63142	0,00287**
	Recíprocos	0,08567	0,37854
RP	Famílias	2,8471	0,04577*
	Recíprocos	-0,00004	0,5
SST	Famílias	7E-05	0,49655
	Recíprocos	6E-05	0,49599
Produtividade	Famílias	5,93779	0,00741**
	Recíprocos	2,47676	0,05777

* Significância estatística a 5%; ** Significância estatística a 1%.

PF: peso de fruto; DF: diâmetro de fruto; CF: comprimento de fruto; EC: espessura da casca; PC: peso da casca; PP: peso de polpa; RP: rendimento de polpa; SST: sólidos solúveis totais.

ANEXO D. Estimativa do valor BLUP (*Best Linear Unbiased prediction*) e a média fenotípica ($\bar{M}$) de 8 caracteres relativos à qualidade de frutos e Produtividade de 24 famílias de irmãos completos de maracujá doce.

Cruzamentos	PF		DF		CF		EC*		PC		RP		PP		SST		Produtividade	
	BRUP	$\bar{M}$	BRUP	$\bar{M}$	BRUP	$\bar{M}$	BRUP Fam.	$\bar{M}$	BRUP Rec.	$\bar{M}$	BRUP	$\bar{M}$	BRUP	$\bar{M}$	BRUP	$\bar{M}$	BRUP	$\bar{M}$
♀49♂21	245,49	78,67	6,06	125,26	9,18	10,34	0,54	-0,1	187,40	38,26	23,75	-1,25	54,38	5,66	19,02	0	4,88	0,94
♀49♂107	228,49	75,05	4,92	122,51	6,98	10,36	0,55	0,3	171,07	25,30	25,38	-0,43	62,82	6,47	18,39	0	2,49	-0,59
♀49♂125	205,29	73,88	1,87	114,86	0,71	9,90	0,20	0,0	150,72	8,22	26	-0,14	58,77	-4,30	18,04	0	4,87	0,82
♀49♂140	203,69	74,13	2,27	117,03	2,60	9,70	0,07	0,2	149,78	8,41	26,88	0,33	55,12	3,35	18,03	0	4,17	0,49
♀49♂122	146,12	67,53	-3,29	105,58	2,60	8,81	-0,51	0,1	108,06	-24,70	26,12	-0,05	36,07	-6,30	18,26	0	2,87	-0,34
♀21♂125	197,19	71,15	1,87	115,48	1,37	9,88	0,20	0,0	149,75	8,22	24,38	-0,93	40,41	-1,32	18,57	0	3,50	0,06
♀21♂140	219,67	77,28	4,92	118,70	3,94	10,61	0,73	0,4	169,58	24,12	22,62	-1,82	46,93	0,48	19,11	0	3,97	0,36
♀21♂122	165,85	67,89	-2,99	111,34	-1,94	9,10	-0,37	0,1	117,63	-17,11	28,25	1,02	52,66	-0,80	18,67	0	3,60	0,12
♀107♂125	163,72	65,74	-4,80	106,58	-5,74	9,45	-0,11	0,1	121,26	-14,22	25,05	-0,37	41,02	-4,30	18,20	0	1,95	-0,93
♀107♂140	166,40	71,58	1,87	109,84	-3,13	9,36	-0,016	0,2	120,89	-14,52	28,50	1,15	48,30	-1,32	18,54	0	2,41	-0,64
♀107♂122	142,58	65,42	-5,06	105,97	-6,23	8,63	-0,71	0,5	101,34	-30,03	29,75	1,78	49,04	-4,67	18,89	0	2,56	-0,54
♀125♂122	173,45	69,13	-1,94	112,24	-1,44	9,11	-0,36	-0,3	123,93	-12,10	27,62	0,71	44,86	0,36	18,51	0	3,77	0,23

PF: peso de fruto; DF: diâmetro de fruto; CF: comprimento de fruto; EC: espessura da casca; PC: peso da casca; PP: peso de polpa; RP: rendimento de polpa; SST: sólidos solúveis totais.
*Caracter que apresentou diferença estatísticas significativas (p<0,05) entre as famílias e seus reciprocos pelo teste da LRT, valor BLUP para as famílias (esquerda da vertical, em EC) e o valor BLUP das famílias oriundas dos cruzamentos reciprocos (centro da vertical em EC).

ANEXO E. Ranqueamento das 12 famílias (incluindo as oriundas dos recíprocos) mediante seleção só para diminuir espessura de casca (EC), só diminuir peso da casca (PC), só para aumentar o peso de polpa (PP), mediante a aplicação do índice multiplicativo (IM) e mediante aplicação do índice com base em soma de postos.

Cruzamento	Ranqueamento							
	Diminuir EC		Diminuir	Aumentar	IM		Índice com base em soma de postos	
	Fam.	Rec.	PC	PP	Fam.	Rec.	Fam.	Rec.
♀49♂21	10	2	12	2	11	9	1	1
♀49♂107	11	11	11	1	8	6	5	5
♀49♂125	9	3	7	9	9	8	7	7
♀49♂140	7	8	9	3	4	3	2	2
♀49♂122	2	5	2	12	10	12	9	10
♀21♂125	8	3	7	7	7	5	10	8
♀21♂140	12	10	10	4	12	10	6	5
♀21♂122	3	5	3	6	2	2	4	3
♀107♂125	5	5	5	9	6	7	12	11
♀107♂140	6	8	4	7	3	4	8	9
♀107♂122	1	12	1	11	5	11	11	11
♀125♂122	4	1	6	5	1	1	3	3

* Em negrito estão indicadas as 4 primeiras posições no *ranking*.

ANEXO F. Valores (resposta) obtidos usando o índice multiplicativo (IM) e o índice com base em soma de postos de 24 famílias de irmãos completos de maracujá doce. Os maiores valores indicam a melhor performance e os inferiores indicam a pior performance.

Cruzamento	IM		Índice com base em soma de postos	
	Famílias	Recíprocas	Famílias	Recíprocas
♀49♂21	16,63052	37,2916	77	86
♀49♂107	65,4693	61,78948	67	68
♀49♂125	56,74139	42,59152	65	67
♀49♂140	268,017	125,7334	76	76
♀49♂122	54,75673	4,731022	61	57
♀21♂125	121,6397	101,6753	60	65
♀21♂140	13,69843	22,39979	66	68
♀21♂122	438,8798	160,0646	68	72
♀107♂125	139,6073	57,94282	46	46
♀107♂140	270,7426	109,6352	62	60
♀107♂122	250,7073	9,423482	57	46
♀125♂122	474,6262	326,4254	70	72

* Em negrito estão as famílias selecionadas em cada índice