

**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE  
PLANTAS**

**MARIANA BATISTTI**

**Avaliação de famílias de maracujazeiro azedo quanto à reação a  
verrugose e a antracnose**

**TANGARÁ DA SERRA  
MATO GROSSO – BRASIL  
FEVEREIRO – 2015**

**MARIANA BATISTTI**

**Avaliação de famílias de maracujazeiro azedo quanto à reação a  
verrugose e a antracnose**

Dissertação apresentada à Universidade do Estado de Mato Grosso, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Orientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>Dejânia Vieira de Araújo

TANGARÁ DA SERRA  
MATO GROSSO – BRASIL  
FEVEREIRO – 2015

Batistti, Mariana.

Avaliação de famílias de maracujazeiro azedo quanto à reação a verrugose e a antracnose./Mariana Batistti. – Tangará da Serra/MT: UNEMAT, 2015.  
68 f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade do Estado de Mato Grosso. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, 2015.

Orientadora: Dejânia Vieira de Araújo

1. Cladosporium herbarum. 2. Colletotrichum gloeosporioides. 3. Passiflora edulis. 4. Maracujá – verrugose. 5. Maracujá – antracnose. I. Título.

CDU: 634.776.3(817.2)

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Regional de Cáceres

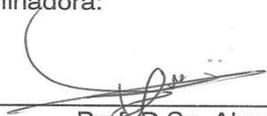
AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS DE MARACUJAZEIRO AZEDO QUANTO A  
REAÇÃO À VERRUGOSE E ANTRACNOSE

**Mariana Batisti**

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO  
ESTADO DE MATO GROSSO, como parte das  
exigências do Programa de Pós-Graduação em  
Genética e Melhoramento de Plantas, para  
obtenção do título de Mestre.

Aprovada em 25 de fevereiro de 2015.

Comissão Examinadora:



Prof. D.Sc. Alexandre Pio Viana – UENF



D.Sc. Fábio Gelape Faleiro – EMBRAPA



Prof. D.Sc. William Krause – UNEMAT



Prof<sup>a</sup>. D.Sc. Dejânia Vieira de Araújo – UNEMAT  
(Orientadora)

A minha mãe Iani Batistti, pelo exemplo de luta e determinação, pela dedicação, amor, confiança, apoio e acima de tudo pelo esforço realizado para que eu realizasse mais esta etapa da minha vida.

**Dedico!**

## AGRADECIMENTOS

Á Deus e a Nossa Senhora Aparecida, por ter me proporcionado a chance de completar este trabalho e por ter me acolhido com um amor imensurável nas horas em que mais precisei.

Á minha mãe Iani Batistti, por ter apoiado minhas decisões e por muitas vezes ter se sacrificado para que não pudesse faltar nada a mim. Por ser além de mãe uma amiga companheira fiel. Ao meu presente de Deus, meu noivo Jurandir Ambrósio por ter me feito sonhar novamente.

A minha segunda família, Marlei, Vanderlei e Laís por acreditarem e torcerem por mim, agradeço a toda minha família, que foram a base de minha vida.

Ao Rafael Muller Mendes (*in memoriam*), por olhar por mim lá de cima.

A minha orientadora Dr<sup>a</sup>. Dejânia Vieira de Araújo, pela experiência adquirida sob sua orientação e compreensão nos momentos difíceis.

Ao co-orientador Dr Willian Krause pela ajuda na estatística, pelos conselhos e contribuição em minha formação.

Ao DSc. Alexandre Pio Viana e DSc. Fábio Gelape Faleiro, por terem aceitado o convite para participar da minha banca de defesa, contribuindo desta forma com meu trabalho e minha formação acadêmica.

A todos os professores do programa pelos conhecimentos transmitidos e pela contribuição na minha formação.

Aos colegas de mestrado, Natan, Paulo Ricardo, Laís, Angelita, Taniele, Alan, Viviane, Tatiane, Greicieli, Deisimary pela amizade, solidariedade em compartilhar novos conhecimentos.

Aos companheiros do laboratório de Fitopatologia, Leonardo, Thiago, Thomas, Hugo, Geovane, João Paulo, Douglas, Kemely e Eduarda pela ajuda nos experimentos e pelos momentos de descontração. Em especial a Inês pela dedicação nos experimentos.

As amigas Gabriela Palú, Renata Miranda, Ariela Spada, Patricia Fiuza, Jéssica Trettel e Patricia Bispo pela amizade e conforto nas horas que mais precisei.

À secretária do programa, Mariana, por ser sempre prestativa e eficiente.

A FAPEMAT e Capes pela concessão da bolsa de mestrado.

## **BIOGRAFIA**

Mariana Batistti, filha de Iani Batistti, nascida em 21 de agosto de 1989 na cidade de Juína no noroeste do estado de Mato Grosso.

Iniciou a graduação em Engenharia agrônômica pela Universidade do Estado de Mato Grosso em 2008, onde trabalhou como estagiária voluntária no laboratório de genética e melhoramento de plantas da mesma instituição de 2009 a 2010, foi bolsista de iniciação científica no ano de 2010 a 2011, diplomando-se em 2012.

Em março de 2013, ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela Universidade do Estado de Mato Grosso, orientada pela Professora Dra. Dejânia Vieira de Araújo.

## SUMÁRIO

RESUMO.....	vii
ABSTRACT .....	ix
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	3
2.1 Verrugose e antracnose no maracujazeiro .....	3
2.1.1 Verrugose .....	3
2.2.2 Antracnose.....	4
2.3 Melhoramento visando resistência a doenças do maracujazeiro .....	5
2.4 Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção .....	7
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	9
4. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHO DE SELEÇÃO QUANTO À REAÇÃO A VERRUGOSE NO MARACUJAZEIRO AZEDO .....	14
INTRODUÇÃO .....	16
MATERIAL E MÉTODOS .....	17
Obtenção das famílias de irmãos completo .....	17
Descrição dos experimentos, local de instalação e delineamento utilizado. ....	18
Obtenção do isolado e inoculação de <i>Cladosporium herbarum</i> .....	18
Avaliação dos experimentos .....	19
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	21
CONCLUSÕES .....	32
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	32
5. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHO DE SELEÇÃO QUANTO À RESISTÊNCIA A ANTRACNOSE NO MARACUJAZEIRO AZEDO .....	36
INTRODUÇÃO .....	37
MATERIAL E MÉTODOS .....	39
Obtenção das famílias de irmãos completo .....	39
Descrição dos experimentos, local de instalação e delineamento utilizado. ....	40
Obtenção do isolado e inoculação de <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> .....	41
Avaliação dos experimentos .....	41
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	44
CONCLUSÕES .....	55

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	55
6. CONCLUSÕES GERAIS .....	59

## RESUMO

BATISTTI, Mariana; Eng. Agrônoma, M. Sc.; Universidade do Estado de Mato Grosso; Fevereiro de 2015; Avaliação de famílias de maracujazeiro azedo quanto à reação a verrugose e a antracnose; Professora Orientadora: Dejánia Vieira de Araújo; Professor Co-Orientador: Willian Krause.

O Brasil é o maior produtor de maracujá no mundo. Entretanto, tem-se observado a redução na produtividade do maracujazeiro devido, principalmente, à ocorrência de doenças. Dentre as doenças fúngicas, estão a verrugose e a antracnose que ocasionam danos tanto na planta quanto nos frutos. Essas perdas podem ser minimizadas com a utilização de cultivares resistentes. Neste sentido, o desenvolvimento de cultivares resistentes a doenças visa à redução do custo de produção, sustentabilidade do agronegócio e redução de impactos ao meio ambiente. Desta forma, o objetivo neste trabalho foi quantificar a intensidade da verrugose e antracnose nas folhas, estimar parâmetros genéticos e o ganho de seleção quanto a reação a verrugose e antracnose em famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo. Foram realizados quatro experimentos, sendo dois para verrugose e dois para a antracnose. Os experimentos foram conduzidos em ambiente protegido. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados para os experimentos, onde os tratamentos foram compostos de 83 FIC, sendo três plantas por parcela e três repetições. As características avaliadas foram: nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva de progresso da severidade (AACPS) e da incidência (AACPI) da verrugose e da antracnose. Foi realizado análise de variância individual e conjunta das características. Para a verrugose, os valores de herdabilidade foram elevados para todas as características, tanto no ambiente 1 e 2 quanto na análise conjunta. Os maiores ganhos de seleção foram obtidos pela característica AACPS. Para a antracnose os valores de herdabilidade foram diferentes tanto nos ambientes 1 e 2 quanto pela análise conjunta para todas as características. Os ganhos pela seleção responderam de diferentes formas entre os ambientes. Como houve interação significativa entre genótipo e ambiente, tanto para verrugose quanto para antracnose concluiu-se, que apenas duas épocas não são suficientes para avaliação de resistência a estas duas doenças, mesmo que alguns valores de herdabilidade e índice de variação sejam altos. Apenas a FIC 67 foi moderadamente resistente para antracnose e verrugose.

Palavras Chave: *Cladosporium herbarum*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Passiflora edulis*.

## ABSTRACT

BATISTTI, Mariana; Eng. Agronomist, M. Sc .; University of Mato Grosso state; February 2015; Sour passionfruit families evaluation to scab and anthracnose reaction; Teacher Advisor: Dejánia Vieira de Araújo; Teacher Co-Advisor: William Krause.

Brazil is the biggest passionfruit producer in the world. However, a reduction in the productivity of the passionfruit has been observed mainly due to the diseases occurrence. Among the fungal diseases, are the scab and the anthracnose that cause damage to the plant and the fruit. These losses can be minimized through the use of resistant cultivars. This way, the development of cultivars resistant to diseases which imply reduction cost of the production, the agribusiness sustainability and the impact on the environment. Thus, the objective of this study was to quantify the intensity of the scab and the anthracnose on the leaves, estimate the genetic parameters and the gain selection as a reaction to the scab and the anthracnose in sour passionfruit full related families (FIC). Four experiments were conducted, being two for the scab and two for the anthracnose. The experiments were conducted in a greenhouse. The randomized block design for the experiments was used where the treatments were composed by 83 FIC being three plants per plot and three repetitions. The evaluated characteristics were: the score within 42 days after inoculation (DAI), the area below the severity progress curve (AUDPCS) and the incidence (AACPI) of the scab and the anthracnose. The analysis was performed for individual and joint variance characteristics. For the scab, the heritability values were high for all characteristics, both on the environments 1 and 2 as in the combined analysis. The largest selection gains were obtained by the AUDPCS characteristic. For the anthracnose heritability the values were different in both environments 1 and 2 as the joint analysis for all characteristics. The gains selection responded in different ways between the environments. As a final conclusion, there was a significant interaction between the genotype and the environment for both, the scab and the anthracnose, only two seasons are not enough to evaluate the resistance to these diseases, although some heritability values and variation rate are high. Just the FIC 67 was moderately resistant to the anthracnose and the scab.

Keywords: *Cladosporium herbarum*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Passiflora edulis*.

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil é o maior produtor mundial de maracujá, com área estimada em 50.000 ha<sup>-1</sup> e produção de mais de 700 mil toneladas destacando-se como uma das principais frutíferas cultivadas no país (IBGE, 2013). O cultivo do maracujá tem evoluído muito rapidamente no Brasil, sendo cultivado em quase todo o território nacional. Entretanto, tem-se observado redução da produtividade média e na longevidade do maracujazeiro devido, principalmente, à ocorrência de doenças, depreciando a qualidade do fruto, e conseqüentemente diminuindo o seu valor comercial (Faleiro et al., 2005).

Dentre as doenças fúngicas de parte aérea que tem causado grandes prejuízos na produção do maracujazeiro e de importância nacional, estão a verrugose ou cladosporiose (*Cladosporium herbarum* L.) e a antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides* L.), pois ocasionam danos tanto quantitativos quanto qualitativos, pois afetam o desenvolvimento da planta e os frutos, deste modo reduzindo conseqüentemente a vida útil das lavouras de maracujá (Liberato e Costa, 2001; Miranda, 2004).

No entanto, essas perdas podem ser minimizadas com a utilização de cultivares resistentes. De acordo com Viana e Gonçalves (2005) o melhoramento genético relacionado à cultura do maracujazeiro visa o atendimento às exigências de mercado quanto à qualidade, aumento na produtividade e resistência a doenças. Neste sentido, o desenvolvimento de cultivares resistentes a doenças visa à redução do custo de produção, sustentabilidade do agronegócio e redução de impactos ao meio ambiente (Cunha et al., 2004; Junqueira et al., 2005)

Sendo uma planta alógama, vários são os métodos de melhoramento aplicáveis ao maracujazeiro e estes se dão pelo aumento da frequência de alelos favoráveis ou pela exploração do vigor híbrido ou heterose (Meletti e Bruckner, 2001). Dentre os vários métodos de melhoramento, têm-se a seleção massal, seleção massal com teste de progênie, seleção de clones, hibridações interespecíficas e intervarietais e seleção recorrente como os principais aplicados no maracujazeiro (Bruckner et al., 2002).

Considerando os métodos usados no melhoramento do maracujazeiro, a seleção recorrente intrapopulacional tem-se demonstrado um método de alta eficácia para a obtenção de novas cultivares de maracujazeiro. Neste método busca-se a melhoria do desempenho das populações de forma contínua e progressiva por meio do aumento das freqüências dos alelos favoráveis dos caracteres sob seleção, mantendo a variabilidade genética em níveis adequados para permitir ganhos genéticos nos ciclos subsequentes (Souza Júnior, 2001).

Portanto, para o programa de melhoramento genético do maracujazeiro, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos tem fundamental importância, pois permitem identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e assim, avaliar a eficiência das diferentes estratégias de melhoramento pela obtenção de ganhos genéticos preditos e manutenção de uma base genética adequada (Cruz e Carneiro, 2003).

Desta forma, objetivou-se neste trabalho: quantificar a intensidade da verrugose e antracnose nas folhas, estimar parâmetros genéticos e o ganho de seleção quanto à reação a verrugose e a antracnose em famílias de irmãos completo.

## 2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Verrugose e antracnose no maracujazeiro

#### 2.1.1 Verrugose

Esta doença ocorre em todas as zonas produtoras do Brasil provocando danos significativos quando não controlada, pois afeta o desenvolvimento dos tecidos jovens, reduzindo a produção. A verrugose é causada pelo fungo *Cladosporium herbarum* L., que pertence à classe Hiphomycetes, ordem Moniliales, família Dematiaceae os quais apresentam uma associação teleomófica (Fischer et al., 2005).

*C. herbarum* possui colônia aveludada, na coloração verde-oliva ou marrom-olivácea. Seus conidióforos são retos ou flexuosos, geniculados e sempre nodosos, claros a marrom-oliváceos e lisos. Os conídios são razoavelmente grandes, sempre em longas cadeias ramificadas, com forma variando de elipsoidal a oblonga, arredondada em uma das extremidades, de coloração clara a marrom-olivácea, uni ou binucleados. A superfície do conídio apresenta pequenas verrugas bem distintas (Farias, 2007).

A disseminação do patógeno ocorre principalmente, de forma passiva direta, ou seja por meio de mudas infectadas, ou indiretamente com auxílio do vento. Em temperaturas amenas, as partes da planta mais afetadas são ramos e folhas. Já em temperaturas mais elevadas, as lesões são principalmente nos botões florais, podendo causar sua queda (Farias, 2007).

Quando a verrugose se manifesta nas folhas, forma pequenas manchas circulares, no início são translúcidas e posteriormente opacas, ásperas e pardacentas. O tecido foliar das áreas afetadas por essas manchas se deformam, tornando-se enrugado, principalmente quando são próximas às nervuras (Viana e Costa, 2003). Os sintomas nos frutos é o surgimento de cancrios, caracterizado pelo desenvolvimento de tecido corticoso e saliente sobre as lesões inicialmente planas (Fischer et al., 2005).

Algumas medidas de manejo podem se mostrar eficientes e evitar que a doença atinja a cultura. Em caso de ocorrência da doença na cultura, recomenda-se a poda de limpeza e eliminar o material infectado, evitando o seu transporte (Fischer et al., 2005). Viana e Costa (2003) sugeriram a utilização de mudas sadias, adoção

de maior espaçamento entre plantas e podas com limpezas periódicas, principalmente em regiões úmidas.

O tratamento químico da cultura é o mais utilizado. Os fungicidas indicados para o controle desta doença são tebuconazole, oxicloreto de cobre, mancozeb, captan e chlorothalonil + oxicloreto de cobre (Fischer et al., 2005).

### **2.2.2 Antracnose**

O agente da antracnose é o fungo *Colletotrichum gloeosporioides* L. (Fischer et al., 2005). Este gênero é classificado como fungo mitospórico pertencente à classe Coelomycetes da ordem Melanconiales, o qual apresenta a fase teleomófica *Glomerella cingulata* (Skipp et al., 1995). Seus conídios são hialinos e unicelulares, produzidos no interior de acérvulos subepidérmicos dispostos em círculos (Fischer et al., 2005).

Geralmente, são formados em conjuntos de coloração salmão, retos e cilíndricos, com ápices obtusos e bases às vezes truncadas. Os conídios formados por esta espécie são clavados, ovóides ou lobados, de coloração castanha, forma colônias variáveis de coloração branco-gelo a cinza escuro e micélios aéreos, geralmente uniformes e aveludados (Sutton, 1992).

Os sintomas nas folhas apresentam-se na forma de manchas com aparência oleosa, que evoluem em tamanho, adquirindo uma cor parda com bordos pardo-escuros. Com a coalescência de lesões, formam-se grandes áreas de tecidos necrosados, apresentando rachaduras e intensa queda de folhas. Nos frutos jovens, as manchas passam da aparência oleosa para a pardacenta, com a formação de tecido corticoso e deprimido. Nos frutos maduros, verificam-se manchas deprimidas de coloração escura que afetam a polpa, muitas vezes apresentando-se na forma de podridão mole e provocando queda dos frutos (Pio Ribeiro e Mariano, 1997).

O agente causal sobrevive em folhas infectadas caídas ou em outras plantas hospedeiras dos pomares. A disseminação dos propágulos desse fungo ocorre principalmente por respingos de água e a alta umidade favorece a antracnose, principalmente com chuvas abundantes (Ruggiero et al., 1996). Segundo Miranda (2004), a antracnose tem seu pico de incidência em temperaturas médias de 25°C e umidade próxima a 100%. Chuvas menos intensas favorecem o progresso da doença numa mesma planta já infectada, enquanto que chuvas acompanhadas de ventos tendem a transportar o fungo para outras plantas. Em períodos de

temperaturas mais baixas, a importância da doença diminui, sendo pequena a sua incidência nos meses de inverno, mesmo que ocorram chuvas.

Medidas preventivas que se iniciam ainda em campo como a realização de podas de limpeza e a remoção de restos culturais como folhas e frutos, uso de mudas sadias, produzidas em locais onde não ocorra a doença, manejo da irrigação e adubação equilibrada, devem ser realizadas para o controle da antracnose. Na fase pós-colheita, o manuseio adequado dos frutos evita os ferimentos, o que reduz os danos causados pela doença (Junqueira et al., 2003; Fischer et al., 2005).

O controle com tratamento químico é o mais utilizado para esta doença. Dentre os fungicidas usados são citados os benzimidazóis, cúpricos, ditiocarbamatos, chlorotalonil e tebuconazole (Fischer et al., 2005). Avaliando o efeito de fungicidas no controle de antracnose em maracujá azedo sob condições ambiente de armazenamento Benato et al. (2002), verificaram maior efetividade dos fungicidas proclorazimazalil, cloreto de benzalcônico, biomassa cítrica e dióxido de cloro.

### **2.3 Melhoramento visando resistência a doenças do maracujazeiro**

Aproximadamente 400 espécies do gênero *Passiflora* são conhecidas, sendo a maioria com origem na América tropical e cerca de 120 nativas do Brasil. Dessa forma, há grande variabilidade genética natural (Bernacci et al., 2008).

De acordo com Faleiro et al. (2005), a caracterização e a exploração da variabilidade genética das espécies de *Passiflora*, principalmente as espécies silvestres, podem revelar fontes de resistência ou tolerância de grande valor para o controle de doenças no campo e utilização em programas de melhoramento genético.

O melhoramento do maracujazeiro está diretamente relacionado ao fruto, com foco a atender as exigências do mercado, aumento na produtividade e resistência a doenças. Meletti e Bruckner (2001) enfatizaram que o mercado do maracujazeiro está em constante evolução, e as metas a serem alcançadas em um programa de melhoramento devem ser periodicamente alinhadas com as exigências do mercado consumidor.

Dentre os principais métodos de melhoramento genético utilizados em *Passiflora* estão a seleção recorrente e a seleção por teste de progênies (Ramalho et al., 2000; Meletti et al., 2000).

A seleção com teste de progênies pode ser realizada com progênies de meios-irmãos ou irmãos completo. Progênies de meios-irmãos podem ser facilmente obtidas coletando-se um fruto por planta selecionada, sendo esta fecundada por grãos de pólen provenientes da população. No caso de irmãos completo há necessidade de realização de polinização controlada entre plantas selecionadas (Bruckner, 1997).

Na seleção recorrente é classificada em duas categorias: seleção recorrente intrapopulacional e interpopulacional. Na seleção recorrente intrapopulacional o objetivo é melhorar as performances per se das populações, ou seja, aumentar contínua e progressivamente a frequência de alelos favoráveis, mantendo a variabilidade genética da população (Souza Júnior, 1993).

A identificação de genótipos superiores, que atendam aos interesses do mercado em relação a uma série de atributos agronômicos é um ponto de partida para a constituição da população base. Neste sentido, os trabalhos de avaliação do germoplasma de maracujazeiro revelam o grande potencial agronômico de alguns genótipos (Freitas et al., 2011).

No contexto em que o incremento na produtividade da cultura do maracujazeiro vem sofrendo entraves relacionados a problemas fitossanitários, encontrar cultivares resistentes é um objetivo importante nos trabalhos de melhoramento genético de maracujazeiro. O controle de doenças em plantas pode ser realizado de diferentes maneiras, no entanto, a utilização de cultivares resistentes representa alternativa ideal, já que leva em conta a redução do custo de produção, juntamente com fatores como segurança de trabalhadores rurais, bem como a sustentabilidade ambiental, econômica e social do agronegócio (Faleiro et al., 2005).

A resistência genética de plantas às doenças pode ser classificada de acordo com o número de genes envolvidos. Assim, pode ser monogênica, resistência qualitativa, ou poligênica chamada também de resistência quantitativa. Na resistência monogênica, há uma notável distinção entre plantas resistentes e suscetíveis, exemplares de plantas tomadas pela doença ou livre dela, inexistindo reações intermediárias na ausência de fontes de variação genéticas, responsáveis por distribuição descontínua fenotípica (Camargo, 2005).

A resistência poligênica ou quantitativa caracteriza-se pela presença contínua de graus de resistência, indo da extrema vulnerabilidade até a extrema resistência, sendo necessário quantificar a doença para conseguir distinguir os resistentes dos suscetíveis (Camargo, 2005). Para avaliar se uma planta apresenta resistência a determinado patógeno ou grupo de patógenos é necessário realizar a quantificação da doença.

#### **2.4 Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção**

As estimativas dos parâmetros genéticos possibilitam prever os ganhos oriundos das estratégias alternativas aplicadas ao melhoramento genético, fornecendo informações importantes à seleção e para a definição do programa de melhoramento da população (Robinson e Cockerham, 1965).

O estabelecimento de estratégias eficientes de melhoramento depende essencialmente do conhecimento prévio dos mecanismos genéticos responsáveis pela herança do caráter a melhorar, tais como o número de genes que o governam, as ações e efeitos gênicos, herdabilidade, repetibilidade e associações genéticas com outras características (Resende, 2002).

Existem vários tipos de estratégias que podem ser utilizadas para o conhecimento dos parâmetros genéticos em populações, objetivando-se a maximização dos ganhos de seleção. Em todas elas tem por base progênies de indivíduos em que se conhece o grau de parentesco, de tal maneira que a covariância entre eles é expressa em função dos componentes de variância genética. Quando na seleção são consideradas diversas características simultaneamente, o índice de seleção pode estabelecer uma combinação para várias características. Conseqüentemente, serão classificados os genótipos mais promissores se adequando aos objetivos do programa de melhoramento (Cruz, 1990; Cruz et al., 2004).

O conhecimento dos componentes da variabilidade fenotípica é de grande importância para a escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para a condução dos experimentos, do número de repetições e para a predição dos ganhos com seleção. Os efeitos ambientais podem mascarar o valor genético expresso dos indivíduos. Portanto, quanto maior a proporção da variabilidade decorrente dos efeitos de ambiente em relação à variabilidade total, maior será o esforço despendido na seleção dos superiores (Borém, 1998; Rossmann, 2001).

Os componentes da variabilidade fenotípica podem ser estimados por meio da herdabilidade, dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental, das variâncias genotípicas e fenotípicas, entre outros parâmetros genéticos, que ponderam a natureza genética dos indivíduos e a ação do ambiente, permitindo assim, a predição dos ganhos decorrentes da seleção e a definição das estratégias de melhoramento a serem adotadas (Rossmann, 2001).

A herdabilidade é uma das mais importantes propriedades de um caráter métrico. Com isso, na escolha dos indivíduos parentais e levando em conta os seus valores fenotípicos, o melhorista, ao buscar mudanças nas características da população em experimento, terá sucesso contanto que obtenha o conhecimento do grau de correspondência entre o valor fenotípico e valor genético. A herdabilidade mede este grau de correspondência, e valores altos deste parâmetro indicam que métodos de seleção simples como seleção massal podem gerar ganhos consideráveis, na condição de baixa influência do fator ambiente (Falconer, 1987; Vilela, 2008). Além disso, é importante compreender que a herdabilidade é uma propriedade não somente do caráter, mas também da população e das circunstâncias de ambiente às quais os indivíduos estão sujeitos. Uma vez que o valor da herdabilidade depende da magnitude de todos os componentes de variância, uma alteração em qualquer um deles afetará o valor da herdabilidade (Falconer, 1987).

Em continuidade com a estatística descritiva, o conhecimento sobre as correlações nos programas de melhoramento genético torna-se relevante visto que possibilita a seleção simultânea ou indireta, principalmente quando o caráter de interesse apresenta problemas de medição e identificação ou baixa herdabilidade, como a produção do maracujazeiro (Goldenberg, 1968; Carvalho et al., 1999; Cruz et al., 2004). Dessa maneira, é possível ao melhorista viabilizar o processo de seleção em característica de fácil mensuração, ao mesmo tempo em que visa ganhos de difícil avaliação ou baixa herdabilidade, obtendo progresso em ambas em relação à seleção direta (Carvalho et al., 1999; Negreiros et al., 2007; Pimentel et al., 2008; Santos et al., 2008).

Levando em consideração a predição de ganho genético para caracteres específicos ou grupos de características é fundamental quando diferentes critérios

de seleção são analisados, pois orienta na maneira de dispor o material genético visando ganhos máximos para as características de interesse (Paula et al., 2002).

O ganho genético por seleção depende da magnitude dos valores de herdabilidade. Nesse sentido, a seleção de indivíduos superiores geneticamente será eficiente na medida em que houver variação fenotípica suficiente na população original e os valores de herdabilidade sejam altos, ou seja, a variação genotípica deve expressar o resultado da ação dos genes (Bueno et al., 2006; Vilela, 2008).

### 3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BENATO, E. A., SIGRIST, J. M.; HANASHIRO, M. M.; MAGALHÃES, M. J. M.; BINOTTI, C. Avaliação de fungicidas e produtos alternativos no controle de podridões pós-colheita em maracujá-amarelo. **Summa Phytopathologica**. 28: 299-304, 2002.

BERNACCI, L.C.; SOARES-SCOTT, M.D.; JINQUEIRA, N.T.V.; PASSOS, I.R.S.; MELETTI, L.M.M. *Passiflora edulis* sims: The correct taxonomic way to cite the yellow passionfruit (and other colors). **Revista Brasileira de Fruticultura**. 30: 566-576, 2008.

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: UFV, 1998. 453p.

BRUCKNER, C. H.; MELETTI, L. M. M.; OTONI, W. C.; ZERBINI JÚNIOR, F.M. Maracujazeiro. In: BRUCKNER, C. H. (ed.). **Melhoramento de Fruteiras Tropicais**. Viçosa: UFV, 2002. p.373-410.

BUENO, L. C. de S.; MENDES, A. N.; CARVALHO, S. P. de. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2006. 319p.

CAMARGO, L. E. A. (ed.) **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. v.2, 663p.

CARVALHO, C. G. P. de; OLIVEIRA, V. R.; CRUZ, C. D.; CASALI, V. W. D. **Análise de trilha sob multicolinearidade em pimentão**. Brasília: Pesquisa Agropecuária Brasileira, 1999. v.34, 10p.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1990. 188p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento).

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v.2, 585p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

CUNHA, M. A. P.; BARBOSA, L. V.; FARIA, G. A. Melhoramento genético. In: LIMA, A. A.; CUNHA M. A.P. (ed.) **Maracujá: produção e qualidade na passicultura**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2004. p.68-93.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

FALEIRO, F. G. JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; PEIXOTO, J.R. Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro - Desafios da pesquisa. In: FALEIRO, F.G., JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (ed.) **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2005. p.187-209.

FARIAS, S. J.; MICHEREFF, S. J.; DEL PONTE, E. M. **Fitopatologia. net - herbário virtual**. Departamento de Fitossanidade. Agronomia, UFRGS. 2007. Disponível em: <<http://www6.ufrgs.br/agronomia/fitossan/fitopatologia/ficha.php?id=68>>. Acesso em: 22, novembro, 2014.

FISCHER, I. H.; KIMATI, H. & REZENDE, J.A.M. Doenças do maracujazeiro (*Passiflora* spp.). In: KIMATI H.;AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A. (ed.) **Manual de Fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres Ltda. 2005. v.2, p.467-474.

FREITAS, J. P. X. de; OLIVEIRA, E.J. de; CRUZ NETO, A.J. da; SANTOS, L.R. dos. Avaliação de recursos genéticos de maracujazeiro-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 46: 1013-1020, 2011.

GOLDENBERG, J. B.; El empleo de la correlación en el mejoramiento genético de las plantas. **Fitotecnia Latinoamericana**. 5: 1-8, 1968.

IBGE. Indicadores da produção agrícola municipal. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 12, setembro, 2014.

JUNQUEIRA, N.T.V.; ANJOS, J.R.N.; SILVA. A.P.O.; CHAVES, R.C.; GOMES, A.C. Reação às doenças e produtividade de onze cultivares de maracujá-azedo cultivadas sem agrotóxico. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 38: 1005-1010, 2003.

JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; FALEIRO, F. G.; PEIXOTO, J. R.;BERNACCI, L. C. Potencial das espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a

doenças. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina: Embrapa Cerrados. 2005. p. 81-108.

LIBERATO, J. R.; COSTA, H. Doenças fúngicas, bacterianas e fitonematóides. In: BRUCKNER, C. H.; PICANÇO, M. C. (ed). **Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado**. Porto Alegre: Cinco continentes. 2001. p.243-276.

MELLETTI, L. M. M; SANTOS, R.R.; MINAMI, K. Melhoramento do maracujazeiro amarelo: obtenção da cultivar composto IAC-27. **Scientia agrícola**. 57: 491- 498, 2000.

MELETTI, L. M. M.; BRUCKNER, C. H. Melhoramento genético. In: BRUCKNER, C.H.; PICANÇO, M. C. (ed.) **Maracujá: tecnologia de produção, pós-colheita, agroindústria, mercado**. Porto Alegre, Cinco Continentes. 2001. p.345-385.

MIRANDA, H. A. **Incidência e severidade de *Xanthomonas axonopodis* PV. *Passiflorae*, *Colletotrichum gloesporioides*, *Septoriapassiflorae*, *Cladosporium herbarum* e *Passionfruit woodiness* vírus em genótipos de maracujazeiro azedo cultivados no Distrito Federal**. Brasília: Universidade de Brasília, 2004. 87p. (Dissertação - Mestrado em Ciências Agrárias).

NEGREIROS, J. R. S.; ÁLVARES, V. S.; BRUCKNER, C. H.; MORGADO, M. A. D.; CRUZ, C. D.; Relação entre características físicas e o rendimento de polpa de maracujá-amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 29: 546-549, 2007.

PAULA, R. C. de; PIRES, I, E.; BORGES, R. de C. G; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 37: 159-165, 2002.

PIMENTEL, L. ; STENZEL, N. M. C.; CRUZ, C .D.; BRUCKNER, C. H. Seleção precoce de maracujazeiro pelo uso da correlação entre dados de produção mensal e anual. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 43: 1303-1309, 2008.

PIO RIBEIRO, G.; MARIANO, R. de L. R. Doenças do maracujazeiro (*Passiflora* spp.). In: KIMATI H. AMORIN, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. **Manual de Fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres Ltda. 1997. p.492-495.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326p.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C. C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. **Fitotecnia Latino Americana**. 2: 23-38, 1965.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. Piracicaba: Escola Superior Luiz de Queiroz, 2001. 80p. (Dissertação – Mestrado em Agronomia).

RUGGIERO, C.; SÃO JOSE, A. R.; VOLPE, C. A.; OLIVEIRA, J. C.; DURIGAN, J. F.; BAUMGARTNER, J. G.; SILVA, J. R.; MAKAMURA, K. I.; FERREIRA, M. E.; KAVATI, R.; PEREIRA V. P. **Maracujá para exportação: aspectos técnicos da produção**. Brasília, DF: Embrapa Publicações Técnicas. 1996, 64p.

SANTOS, C. E. M. dos; PISSIONI, L. L. M.; MORGADO, M. A. D.; CRUZ, C. D.; BRUCKNER, C. H. Estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro amarelo quanto ao vigor e incidência de verrugose. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 30: 444-449, 2008.

SKIPP, R. A. BEEVER, R.E.; SHARROCK, K.R.; RIKKERINK, E.H. A. e TEMPLETON, M.D. *Colletotrichum*. In: KOHMOTO, K.; SINGH, U. S. e SINGH, R. P. **Phatogenesis and host specificity in plant diseases**. Oxford: Elsevier Science. 1995. v.2p.119-242.

SOUZA JUNIOR, C. L. de. Melhoramento de Espécies Alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de.; INGLIS, M. C. V. (ed). **Recursos Genéticos e Melhoramento – Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT. 2001. p. 159-199.

SUTTON, B.C. The genus *Glomerella* and its anamorph. In: BAILEY, J. A.; JEGER, M. J. ***Colletotrichum: biology, pathology and control***. England, CAB International Wallingford. 1992. p. 1-26.

VIANA, F. M. P.; COSTA, A. F. Doenças do maracujazeiro. In: FREIRE, F. C. O.; CARDOSO, J. E.; VIANA, F. M. P. **Doenças de fruteiras tropicais de interesse agroindustrial**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p.270-321.

VIANA, A. P.; GONÇALVES, G. M. Genética quantitativa aplicada ao melhoramento genético do maracujazeiro. In: FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F. (Ed.) **Maracujá germoplasma e melhoramento genético**. Brasília: Embrapa Cerrados, 2005. p.243-274.

VILELA, M. S. **Estimativas de parâmetros genéticos para características de plantas de populações de cenoura em dois diferentes sistemas de cultivo agroecológico.** Brasília: Universidade de Brasília, 2008. 67p. (Dissertação - Mestrado em Ciências Agrárias).

#### 4. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHO DE SELEÇÃO QUANTO À REAÇÃO A VERRUGOSE NO MARACUJAZEIRO AZEDO

##### RESUMO

O maracujá destaca-se como uma das frutíferas mais cultivadas no Brasil. Com a expansão da cultura, houve aumento dos problemas fitossanitários. Dentre os problemas fitossanitários estão as doenças fúngicas dentre elas a verrugose. Objetivou-se neste trabalho quantificar a intensidade da verrugose nas folhas, estimar parâmetros genéticos e o ganho de seleção quanto a reação a verrugose em famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo. Foram realizados dois experimentos para avaliar a reação das FIC, sendo o primeiro no período de janeiro a abril (ambiente 1) e o segundo de maio a agosto de 2014 (ambiente 2). Os experimentos foram conduzidos em ambiente protegido. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados para os dois experimentos, com as FIC em duas épocas, contendo três plantas por parcela e três repetições. As características avaliadas foram: nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva de progresso da severidade (AACPS) e da incidência (AACPI) da verrugose. Foram realizadas análises de variância individual e conjunta das características, estimados os parâmetros genéticos e os ganhos por seleção direta e indireta. As estimativas de herdabilidade no sentido amplo foram maiores que 89,9% para todas as características nas análises individuais e conjunta. Os ganhos de seleção foram altos para as características avaliadas nos dois ambientes e o maior progresso genético foi obtido pela seleção direta em cada característica. As FIC selecionadas apresentaram elevado desempenho para todas as características, em todas as análises realizadas. As FIC selecionadas como moderadamente resistentes variaram entre 92% e 36% para os ambientes 1 e 2, e para análise conjunta 100%. Houve interação significativa entre genótipo e ambiente, tendo se a necessidade de se realizar avaliações em mais ambientes.

Palavras-chave: *Cladosporium herbarum*, melhoramento genético, *Passiflora edulis*

## **SOUR PASSIONFRUIT GENETIC PARAMETER ESTIMATES AND GAIN SELECTION TO SCAB REACTION**

### **ABSTRACT**

The passionfruit stands out as one of the most cultivated fruit in Brazil. Through the culture expansion, there was an increase of phytosanitary problems. Among the phytosanitary problems are the fungal diseases like the scab. The aim of this study was to quantify the intensity of the scab on the leaves, estimate the genetic parameters and the gain selection as a reaction to the scab in sour passionfruit full related families (FIC). Two experiments were conducted to evaluate the reaction of the FIC, the first period from January to April (room 1) and the second from May to August 2014 (room 2). The experiments were conducted in a greenhouse. The randomized block design for both experiments was used with the FIC in two seasons, being three plants per plot and three repetitions. The evaluated characteristics were: the score within 42 days after inoculation (DAI), the area below the severity progress curve (AUDPCS) and the scab incidence (AACPI). Individual and combined variance characteristic analyzes were carried, the genetic parameters and the earnings per direct and indirect selection. Were estimated in a broad sense, the heritability estimates were higher than 89.9% for all characteristics in the individual and joint analysis. The gains selection were high for the evaluated characteristics in both environments and the greatest genetic progress was obtained by the direct selection in each feature. The FIC selected showed the high performance for all traits in all the analyzes carried out. The FIC selected as moderately resistant ranged between 92% and 36% for the environments 1 and 2, and 100% for the joint analysis. There was a significant interaction between the genotype and the environment, when the need to conduct evaluations in more environments was highlighted.

Keywords: *Cladosporium herbarum*, breeding, *Passiflora edulis*.

## INTRODUÇÃO

O cultivo do maracujá em escala comercial iniciou-se no Brasil a partir da década de 70 (Lima e Cunha, 2004). Nas últimas décadas, a cultura do maracujazeiro ganhou ainda mais importância tornando o Brasil o maior produtor mundial de maracujá azedo (*Passiflora edulis* Sims) (IBGE, 2013).

A expansão da área cultivada tem ocasionado o aumento de doenças a ponto de reduzir significativamente o tempo de exploração econômica da cultura do maracujá. O resultado disso foi a inviabilização do cultivo em determinadas regiões (Santos Filho et al., 2004). Dentre as doenças que merecem destaque está a verrugose ou cladosporiose, causada pelo fungo *Cladosporium* spp., com predominância de *C. herbarum* L. que tem provocado sérios prejuízos nas lavouras (Bueno et al., 2004; Junqueira et al., 2005).

Em função da alta variabilidade do maracujazeiro, o melhoramento genético dessa espécie tem sido conduzido de forma a obter variedades mais produtivas e resistentes às doenças. Esta prática é feita por meio de hibridação intra e interespecífica visando selecionar genótipos resistentes (Junqueira et al., 2005).

Neste contexto, a seleção de genótipos superiores, seja de indivíduos ou de famílias, é importante para o melhoramento, uma vez que a obtenção de populações melhoradas passa pela seleção e recombinação de indivíduos ou famílias. Desta forma, o melhoramento genético pode contribuir significativamente para a obtenção de resistência às doenças, em razão da grande variabilidade presente nas espécies relacionadas (Bruckner et al., 2002).

Após a constatação da existência de variabilidade, seja em populações naturais ou naquelas geradas a partir de cruzamentos controlados, devem-se utilizar diferentes estratégias para selecionar os melhores genótipos. Sendo assim, as estimativas de parâmetros genéticos, são fundamentais para conhecer a natureza da ação dos genes envolvidos no controle de determinado caráter. Além disso, permitem prever o ganho genético com a seleção e planejar as estratégias de melhoramento (Martins et al., 2003; Viana et al., 2004; Cruz e Carneiro, 2006).

Diante do exposto, objetivou-se neste trabalho quantificar a intensidade da verrugose nas folhas, estimar parâmetros genéticos e o ganho de seleção quanto à reação a verrugose em famílias de irmãos completo de maracujazeiro azedo.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Obtenção das famílias de irmãos completo

Foram utilizadas 83 famílias de irmãos completo (FIC), obtidas a partir da população UNEMAT-01 do programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo da UNEMAT (Figura 1).

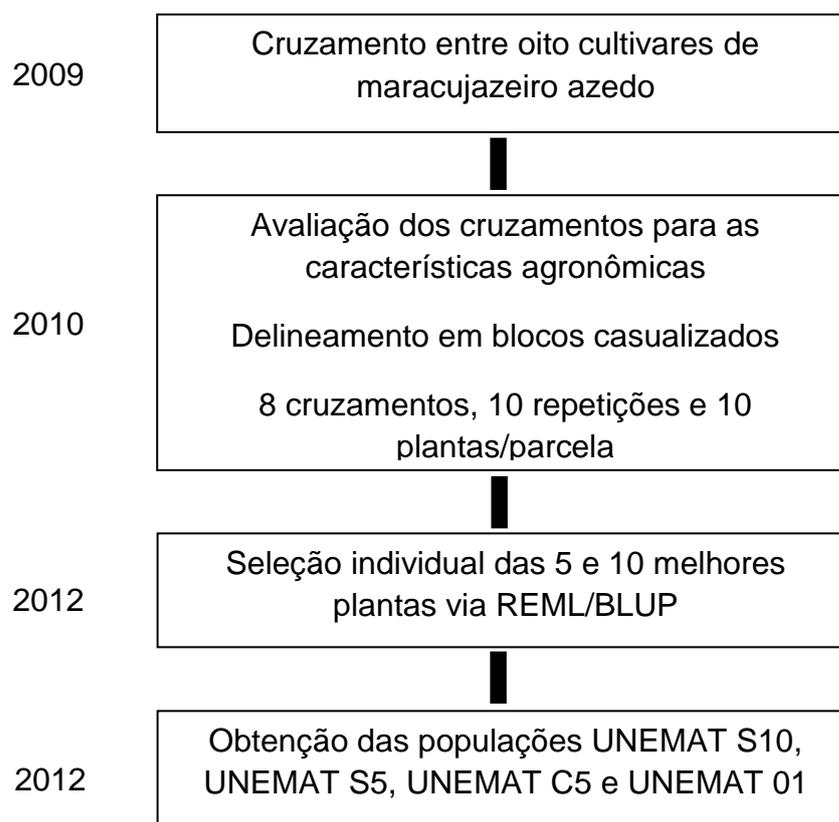


Figura 1. Fluxograma do programa de seleção recorrente intrapopulacional do maracujazeiro amarelo.

Para a realização dos cruzamentos, inicialmente as flores foram marcadas e protegidas com sacos de papel e clipe, para não permitir a entrada de polinizadores. Por volta do meio-dia, horário em que ocorre a abertura das flores, a proteção foi retirada e os grãos de pólen colocados em placas de petri de vidro. Em seguida, transferidos para o estigma da planta-mãe com o auxílio de um pincel de cerdas macias. Após este processo, as flores foram novamente ensacadas para evitar contaminações por grãos de pólen externo.

Um dia após esse procedimento os sacos de papel foram retirados e as flores marcadas com barbantes coloridos e anotados em uma planilha com o croqui a data

do cruzamento e o respectivo doador de grãos de pólen. Quinze dias após esta etapa, os frutos foram ensacados com sacos de nylon como forma de marcação ao amadurecerem e se desprenderem da planta. As sementes obtidas destes cruzamentos foram armazenadas em baixas temperaturas até a data da semeadura.

### **Descrição dos experimentos, local de instalação e delineamento utilizado.**

Foram realizados dois experimentos para avaliar a reação das FIC, sendo o primeiro no período de janeiro a abril (ambiente 1) e o segundo de maio a agosto de 2014 (ambiente 2).

Os experimentos foram conduzidos em ambiente protegido, na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), situada no município de Tangará da Serra, MT, localizada a 14°37'10" S e 57°29'09" W com altitude média de 320 metros.

O clima predominante na região é o tropical úmido megatérmico, AW (Dallacort et al., 2010), onde as chuvas se concentram mais nos meses entre novembro a março, sendo essa época caracterizada como a estação chuvosa, mais úmida e com temperaturas médias de 25°C, e no período entre junho e agosto estabelece-se a estação seca, com umidade relativa do ar mais baixa e períodos de temperaturas amenas (Martins et al., 2010).

Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados para os dois experimentos, onde os tratamentos foram compostos de 83 FIC, sendo três plantas por parcela e três repetições.

A semeadura das FIC foi realizada em bandejas de 288 células contendo substrato comercial vermiculita (Plantmax®). Com aproximadamente 30 dias as mudas foram transplantadas para sacos de polietileno com 15 cm de diâmetro e 25 cm de altura, substrato contendo areia, terra de subsolo, adubo orgânico, calcário e fosfato monoamônico (MAP). As plantas foram mantidas em ambiente protegido, com sistema de irrigação de 2 min hora<sup>-1</sup>. Foram realizadas semanalmente adubações foliares do micronutriente (Platon-25®) e aplicações de inseticidas recomendados para a cultura.

### **Obtenção do isolado e inoculação de *Cladosporium herbarum***

O isolado de *C. herbarum* foi obtido de plantas sintomáticas, cujo isolamento foi realizado no Laboratório de Fitopatologia do Centro de Pesquisa, Estudos e

Desenvolvimento Agro-Ambiental (CPEDA) da UNEMAT, onde foi identificado morfológicamente e multiplicado em placas de Petri contendo aproximadamente 20 mL de meio BDA (batata-dextrose-ágar). Após este procedimento, placas com colônias puras do fungo foram armazenadas em câmara de crescimento tipo BOD com temperatura de  $25 \pm 2^{\circ}\text{C}$ .

A inoculação das plantas foi realizada 60 dias após a semeadura, quando as plantas apresentavam de 4 a 6 folhas. Para a inoculação de *C. herbarum* foi realizada a lavagem das placas de Petri, onde a suspensão de conídios do patógeno foi ajustada à concentração de conídios de  $5 \times 10^6 \text{ mL}^{-1}$ , como auxílio de uma câmara de Neubauer. O espalhante adesivo Tween 20 foi adicionado à suspensão final (0,01%). A inoculação foi realizada com o auxílio de borrifador manual, sendo as mudas pulverizadas com 100 mL da suspensão de conídios. Após a pulverização, as plantas foram colocadas em câmara úmida feitas com sacos plásticos transparentes por 24 horas.

### **Avaliação dos experimentos**

As avaliações da doença nos dois ambientes foram realizadas com intervalo de sete dias, iniciando no sétimo dia após a inoculação com seis avaliações por experimento.

Para determinar a severidade da verrugose nas folhas foi utilizada a escala de notas adaptada da proposta por Abreu (2006), sendo nota 1 para plantas que não apresentaram sintomas da doença; 2 para plantas com até 10% da superfície da folha coberta por lesões; 3 para plantas com 11% a 30% da superfície coberta; e 4 para plantas com mais que 30% da superfície das folhas cobertas por lesões.

Além da severidade avaliou-se também a incidência, que é a porcentagem de plantas doentes ou de suas partes, em uma amostra de população. Assim, determina-se, em cada avaliação, a incidência dada em porcentagem de plantas infectadas por *C. herbarum* (Bergamim Filho e Amorim, 1996).

A partir destes dados foi calculada a área abaixo da curva e progresso da incidência (AACPI) e da severidade (AACPS) da verrugose de acordo com Campbell e Madden (1990). Para ponderar a severidade na parcela aplicou-se o índice de McKinney (1923), ou seja:  $\text{ID} (\%) = \frac{\sum(f.v)}{n.x} \times 100$ . Em que: ID = Índice de doença; f = Número de plantas com determinada nota; v = Nota observada; n = Número total de plantas avaliadas; x = Grau máximo de infecção.

Para a classificação quanto à resistência, considerou como resistente (R) as plantas com notas até 1,00; moderadamente resistentes (MR) as plantas com notas entre 1,01 até 2,00; suscetível (S) as plantas com notas entre 2,01 e 3,00 e altamente suscetível (AS) as plantas com notas entre 3,01 e 4,00, conforme metodologia utilizada por Bueno et al. (2007). Para a classificação das FIC quanto à resistência foi utilizada a média de notas da última avaliação de cada experimento.

Foram realizadas análises de variância para cada ambiente. Em seguida foi realizada análise de variância conjunta em que os experimentos (ambientes) foram considerados fixos e os genótipos foram considerados como efeitos aleatórios, sob condições de homogeneidade das variâncias residuais utilizando o programa computacional em genética e estatística Genes (Cruz, 2013).

A partir dos valores de quadrados médios, obtidos pelas análises de variância, foram estimados os componentes de variância associados aos efeitos de natureza genética e ambiental dos modelos estatísticos, conforme Cruz (2013):

Variância genotípica entre médias de progênies:

$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QME}{r}$ , em que QMG = quadrado médio de progênies; QME = quadrado médio do erro; r = número de repetições.

Variância fenotípica entre médias de progênies:

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMG}{r}$$

Variância ambiental entre parcelas:

$$\hat{\sigma}^2 = QME$$

Variância ambiental entre médias de parcela:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QME}{r}$$

Coefficiente de herdabilidade no sentido amplo:

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2} = \frac{QMG - QME}{QMG}$$

Correlação intraclasse:

$$CI = \frac{\sigma_g^2}{\sigma^2 + \sigma_g^2}$$

Coefficiente de variação genético:

$$\widehat{CV}_g = \sqrt{\frac{\sigma_g^2}{m}} \times 100$$

Coefficiente de variação experimental:

$$\widehat{CV}_e = \sqrt{\frac{QME}{m}} \times 100$$

Índice de Variação:

$$\hat{I}_V = \frac{CV_g}{CV_e}$$

Foram estimados os ganhos de seleção utilizando o método de seleção direta e indireta. Também foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre todas as características avaliadas. Posteriormente foram selecionadas 25 FIC com as menores médias para a característica 42 DAI nos ambientes 1, 2 e pela análise conjunta. Esses procedimentos foram realizados com o uso do programa computacional Genes (Cruz, 2013).

Foi avaliado o nível de coincidência das 25 FIC selecionadas, para comparar as FIC selecionadas no ambiente 1, com as selecionadas no ambiente 2 e pela análise conjunta. em todas as características. Para estimar o índice de coincidência, foi utilizado o método de Hamblin e Zimmermann (1986), pela expressão:

$$IC = \frac{A-C}{B-C} \times 100$$

Onde: A é o número de FIC que coincidentes nas duas épocas de seleção; B é o número de plantas selecionadas, no caso 25, e C, o número de coincidências atribuídas ao acaso, sendo adotado, nesse caso, 10% de B.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir das análises de variâncias individuais, foram observadas diferenças significativas a 1% de probabilidade pelo teste F em todas as características avaliadas tanto no ambiente 1 (Tabela 1) quanto no ambiente 2 (Tabela 2). Isto indica a existência de variabilidade genética entre as famílias de maracujazeiros estudadas e positivas perspectivas na obtenção de ganhos genéticos por meio de seleção.

Tabela 1. Resumo da análise de variância individual, estimativas de herdabilidade no sentido amplo  $h_a^2$  (%) e índice de variação  $\hat{I}_V$ , para nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI) em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a reação a verrugose no ambiente 1.

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios		
		42 DAI	AACPS	AACPI
Bloco	2	0,24	959.025,11	133.5251,20
FIC	82	2,18**	1.446.138,22**	1.526.900,94**
Resíduo	332	0,20	105.259,09	153.634,00
Total	497			
Média	-	2,84	1.510,57	2.588,68
CV (%)	-	15,98	21,47	15,14
$h_a^2$ (%)	-	90,55	92,72	89,93
$\hat{I}_V$	-	1,78	2,06	1,72

\*\*Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade de erro.

Tabela 2. Resumo da análise de variância individual, estimativas de herdabilidade no sentido amplo  $h_a^2$  (%) e índice de variação  $\hat{I}_V$ , para nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI) em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a reação a verrugose no ambiente 2.

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios		
		42 DAI	AACPS	AACPI
Bloco	2	0,06	26.462,88	622.558,80
FIC	82	1,83**	2.806.000,02**	1.679.368,65**
Resíduo	332	0,18	91.309,33	129.902,32
Total	497			
Média	-	3,27	2.083,28	2.799,06
CV (%)	-	13,00	14,50	12,87
$h_a^2$ (%)	-	90,07	96,74	92,26
$\hat{I}_V$	-	1,73	3,14	1,99

\*\*Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade de erro.

A precisão experimental, avaliada por meio do coeficiente de variação (CV), apresentou no ambiente 1 valores de 15,14% a 21,47% (Tabela 1). O menor CV encontrado é atribuído a área abaixo da curva da incidência (AACPI) e o maior é relativo a área abaixo da curva da severidade (AACPS).

Já para o ambiente 2 foram verificados menores coeficientes de variação experimental variando de 12,87% à 14,50%. O menor coeficiente 12,87% foi obtido pela AACPI e o maior 14,50% pela AACPS. Estes valores são considerados adequados em avaliação de doença (Tabela 2).

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo foram maiores que 89,9% para todas as características avaliadas tanto no ambiente 1 quanto no ambiente 2, sendo consideradas de alta magnitude (Tabelas 1 e 2). A herdabilidade mede o grau de correspondência entre o valor fenotípico e valor genético, e valores altos deste parâmetro indicam que métodos de seleção simples como seleção massal podem levar a ganhos consideráveis, considerando que o ambiente apresenta pouca influência (Falconer, 1987). Estes valores são relativamente maiores dos encontrados por Freitas et al. (2012), sendo 48,60% e 63,27% para severidade de verrugose nos ramos e frutos, respectivamente. Em estudos realizados por Negreiros et al. (2004), foram encontrados resultados de herdabilidade para incidência de verrugose de 44,68%. Entretanto, Santos et al. (2008) observaram o menor valor de herdabilidade sendo 20,77% para a incidência da verrugose entre famílias de meios-irmãos de maracujazeiro. No entanto, os valores de herdabilidade são intrínsecos a cada população.

Foi possível verificar que o índice de variação ( $\hat{I}_V$ ) foi maior que 1 para todas as características avaliadas nos dois ambientes (Tabelas 1 e 2). Esses valores indicam condição favorável de seleção, uma vez que a variância genética supera a ambiental (Vencovsky, 1987).

Na análise de variância conjunta observou-se diferenças significativas pelo teste F ( $p < 0,01$ ) para todas as fontes de variação e para todas as características avaliadas (Tabela 3). Os coeficientes de variação encontrados para as características avaliadas foram de 15% para nota aos 42 DAI, 18,22% para AACPS e 15,43% para AACPI, sendo considerados baixos. As estimativas de coeficiente de herdabilidade foram altas para todas as características, em que a maior herdabilidade foi constatada na AACPS com 97,35%, em seguida AACPI 94,7% e a menor com 42 DAI 93,87%. O índice de variação foi maior que 1 para as todas as variáveis avaliadas (Tabela 3), indicando condição favorável de seleção, uma vez que a variância genética superou a ambiental.

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta estimativas de herdabilidade no sentido amplo  $h_a^2$  (%) e índice de variação  $\hat{I}_V$ , para as características nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI) em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a reação a verrugose no ambiente 1 e ambiente 2.

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios		
		42 DAI	AACPS	AACPI
Blocos	4	0,18	529.088,00	1.390.106,46
FIC(G)	82	3,41**	3.831.613,02**	2.957.918,28**
Ambientes (A)	01	27,04**	42.773.871,29**	6.832.944,89**
G x A	82	0,71**	459.723,50**	325.338,03**
Resíduo	328	0,20	101.326,71	156.506,16
Total	497			
Média	-	3,04	1.790,21	2.681,92
CV (%)	-	15,01	17,78	14,75
$h_a^2$ (%)	-	93,87	97,35	94,70
$\hat{I}_V$	-	1,59	2,47	1,72

\*\*Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade de erro.

Todas as estimativas de correlação fenotípica e genotípica foram significativas e de alta magnitude nos ambientes 1 e 2 (Tabelas 4 e 5). Somente as correlações de 42 DAI com AACPS e AACPI no ambiente 1 foram menores do que no ambiente 2.

Tabela 4. Estimativas de correlação fenotípica<sup>(1)</sup> e genotípica<sup>(2)</sup>, em médias determinadas em 83 famílias de irmãos completo de maracujazeiro azedo, quanto as características nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI), quanto a reação a verrugose no ambiente 1.

Característica	42 DAI	AACPS	AACPI
42 DAI	-	0,70**	0,66**
AACPS	0,75**	-	0,93**
AACPI	0,72**	0,96**	-

<sup>(1)</sup> Acima da diagonal; <sup>(2)</sup> Abaixo da diagonal; \*\*Significativo a 1% de probabilidade, pelo método de "bootstrap", com 5 mil simulações.

Tabela 5. Estimativas de correlação fenotípica<sup>(1)</sup> e genotípica<sup>(2)</sup>, em médias determinadas em 83 famílias de irmãos completo de maracujazeiro azedo, quanto as características nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI), quanto a reação a verrugose no ambiente 2.

Característica	42 DAI	AACPS	AACPI
42 DAI	-	0,89**	0,91**
AACPS	0,93**	-	0,96**
AACPI	0,96**	0,98**	-

<sup>(1)</sup> Acima da diagonal; <sup>(2)</sup> Abaixo da diagonal; \*\*Significativo a 1% de probabilidade, pelo método de "bootstrap", com 5 mil simulações.

Os ganhos de seleção foram altos para as características avaliadas nos dois ambientes. Observou-se nos dois ambientes que o maior progresso genético foi obtido para a seleção direta em cada característica (Tabelas 6 e 7).

No ambiente 1 quando a seleção foi realizada para 42 DAI, a resposta foi menor na AACPS e AACPI. Isto ocorreu devido a menor correlação entre estas características. Por outro lado no ambiente 2, a resposta da AACPS e AACPI foi maior devido a maior correlação.

Com relação as FIC selecionadas pela seleção direta em cada característica no ambiente 1, 12 (48%) das FIC sendo (81, 76, 79, 50, 74, 78, 83, 80, 82, 55, 51 e 58) foram comuns a todas as características estudados. Quando se comparam características de alta correlação, caso da AACPS e AACPI, 23 (92%) das FIC foram comuns a estas duas características (Tabela 6).

No ambiente 2, 84% (21) das FIC (68, 66, 63, 79, 67, 82, 50, 64, 78, 77, 49, 75, 47, 60, 70, 72, 73, 81, 59, 61, e 71) foram comuns para 42 DAI, AACPS e AACPI (Tabela 7). No caso da AACPS e AACPI, 23 (92%) das FIC são comuns a estas duas características. A seleção direta no ambiente 2 apenas para a AACPS foi maior o progresso genético, quando a seleção foi praticada sobre a mesma. De acordo com Missio et al. (2004), a maneira mais fácil e rápida de se obter ganhos genéticos sobre uma determinada característica é através da seleção direta sobre esta.

Com relação a seleção indireta, tanto sobre 42 DAI como sobre AACPI, promoveram ganhos indiretos satisfatórios em AACPS, onde estes foram superiores aos ganhos diretos, o que pode ser observado nos dois ambientes (Tabelas 6 e 7).

Tabela 6. Média original ( $M_O$ ), média das famílias selecionadas ( $M_S$ ) e estimativas de ganhos genéticos preditos (GS), pela seleção direta e indireta quanto as características 42 DAI, AACPS e AACPI, em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a reação a verrugose no ambiente 1, Tangará da Serra-MT, 2014.

Característica <sup>1</sup>	Famílias selecionadas	Resposta			
		42 DAI	AACPS	AACPI	
42 DAI	44,45,46,47,51,52,53,54,55,58,60,63,67,72,73,74,75,76,77,78,79,80,81,82,83	$M_O$	2,84	1.510,57	2.588,68
		$M_S$	1,78	954,06	1.995,77
		GS	-0,95	-515,99	-533,25
		GS(%)	-33,58	- 34,16	-20,60
AACPS	48,49,50,51,55,56,57,58,59,81,79,62,64,65,66,68,73,74,75,76,77,78,80,82,83	$M_O$	2,84	1.510,57	2.588,68
		$M_S$	2,16	650,73	1.662,88
		GS	-0,61	-797,25	-832,64
		GS(%)	-21,53	-52,78	-32,16
AACPI	48,49,50,51,55,56,58,76,79,74,62,64,65,66,67,68,72,73,75,77,78,80,81,82,83	$M_O$	2,84	1.510,57	2.588,68
		$M_S$	2,13	657,47	1.650,44
		GS	-0,64	-791,00	-843,83
		GS(%)	-22,52	-52,36	-32,60

<sup>1</sup>Nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI).

Tabela 7. Média original ( $M_O$ ), média das famílias selecionadas ( $M_S$ ) e estimativas de ganhos genéticos preditos (GS), pela seleção direta e indireta quanto as características 42 DAI, AACPS e AACPI, em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a reação a verrugose no ambiente 2, Tangará da Serra-MT, 2014.

Característica <sup>1</sup>	Famílias selecionadas		Resposta		
			42 DAI	AACPS	AACPI
42 DAI	46,47,49,50,53,59,60,61,63,64,66,67,68,70,71,72,73,75,76,77,78,79,80,81,82	$M_O$	3,27	2.083,28	2.799,06
		$M_S$	2,23	935,92	1.897,77
		GS	-0,93	-1.110,02	-831,56
		GS(%)	-28,64	-53,28	-29,71
AACPS	46,47,49,50,52,59,60,61,63,64,65,66,67,68,70,71,72,73,75,77,78,79,80,81,82	$M_O$	3,27	2.083,28	2.799,06
		$M_S$	2,23	905,32	1.837,10
		GS	-0,89	-1.139,62	-887,54
		GS(%)	-27,30	-54,70	-31,71
AACPI	47,49,50,52,59,60,61,63,64,65,66,67,68,69,70,71,72,73,74,75,77,78,79,81,82,	$M_O$	3,27	2.083,28	2.799,06
		$M_S$	2,32	921,92	1.821,55
		GS	-0,85	-1.123,57	-901,89
		GS(%)	-26,19	-53,93	-32,22

<sup>1</sup>Nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI).

As famílias definidas pela seleção direta em cada característica comuns a todas as características pela análise conjunta, são FIC 50, 79, 66, 75, 77, 78, 82, 73, 76, 80, 74, 51, 67, 68, 64, 81 e 72 representando 68% das FIC selecionadas. Quando se compararam AACPS e AACPI, 23 (92%) das FIC foram comuns a estas duas características (Tabela 8).

Quando a seleção foi praticada diretamente sobre a mesma característica, apenas a AACPS, obteve o maior progresso genético. Entretanto, para a seleção indireta esta mesma característica obteve ganhos superiores quando foi aplicada a seleção sobre 42 DAI e sobre AACPI, sendo - 48,21% e -52,01% respectivamente.

Tabela 8. Média original ( $M_o$ ), média das famílias selecionadas ( $M_s$ ) e estimativas de ganhos genéticos preditos (GS), pela seleção direta e indireta quanto as características 42 DAI, AACPS e AACPI, em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a reação a verrugose nos ambientes 1 e 2, Tangará da Serra-MT, 2014.

Característica <sup>1</sup>	Famílias selecionadas		Resposta		
			42 DAI	AACPS	AACPI
42 DAI	46,50,51,52,53,79,60,61,62,63,64,66,67,68,71,72,73,74,75,76,77,78,80,81,82	$M_o$	3,04	1.790,21	2.681,92
		$M_s$	2,09	903,77	1.889,21
		GS	-0,89	-862,99	-750,76
		GS(%)	-29,24	-48,21	-27,99
AACPS	47,48,49,50,51,58,59,61,64,65,66,67,68,70,72,73,74,75,76,77,78,79,80,81,82	$M_o$	3,04	1790,21	2.681,92
		$M_s$	2,25	827,55	1.788,88
		GS	-0,74	-937,20	-845,78
		GS(%)	-24,44	-52,35	-31,54
AACPI	47,48,49,50,51,56,59,64,65,66,67,68,70,71,72,73,74,75,76,77,78,79,80,81,82	$M_o$	3,04	1.790,21	2.681,92
		$M_s$	2,25	833,77	1.769,44
		GS	-0,74	-931,14	-864,20
		GS(%)	-24,37	-52,01	-32,22

<sup>1</sup>Nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI).

Quanto ao índice de coincidência, observou-se que dentre as 25 FIC que foram selecionadas no ambiente 1, 75% (16) delas também foram selecionadas no ambiente 2. Na análise conjunta o índice de coincidência para o ambiente 1 foi alto sendo de 83,83%. Enquanto que para o ambiente 2, observou-se um menor índice de coincidência 63,63% (Tabela 9).

Em estudo, realizado por Peternelli et al. (2009) com cana de açúcar, foi verificado que o índice de coincidência na seleção de genótipos, ficaram em torno de 50%, em um cenário com herdabilidade de 70% e intensidade de seleção de 10%. Com a herdabilidade reduzida para 30% e a intensidade de seleção de 5%, o índice de coincidência caiu para próximo de 30%.

Tabela 9. Índice de coincidência Hamblin e Zimmermann (1986) das 25 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, selecionadas para os ambientes 1, 2 e pela análise conjunta, Tangará da Serra-MT, 2014.

	Ambiente 1	Ambiente 2
Ambiente 2	75,00%	-
Análise conjunta	83,83%	63,63%

Na tabela 10, estão representadas as 25 FIC selecionadas que apresentaram as menores médias para a característica 42 DAI nos ambientes 1, 2 e pela análise conjunta.

Considerando o grau de resistência descrito por Bueno et al. (2007), das 25 FIC selecionadas, a maioria 92% destas foram classificadas como moderadamente resistentes, enquanto que duas (8%) foram classificadas como suscetíveis no ambiente 1. Quanto ao grau de resistência no ambiente 2, foi possível verificar que das 25 FIC selecionadas, 16 (64%) foram consideradas como suscetíveis e 9 (36%) foram consideradas como moderadamente resistentes (Tabela 10).

Pela análise conjunta dos dois ambientes levando em consideração o grau de resistência, todas foram classificadas como moderadamente resistentes sendo as FIC 68, 46, 66, 75, 47, 51, 52, 54, 77, 81, 79, 76, 78, 83, 44, 79, 63, 45, 72, 73, 74, 67, 82, 58 e 64 (Tabela 10).

Tabela 10. Médias das 25 famílias de irmão completo (FIC) selecionadas, quanto à característica nota aos 42 dias após a inoculação (DAI) e classe de resistência, quanto a reação a verrugose nos ambientes 1, 2 e pela análise conjunta, Tangará da Serra-MT, 2014.

Ambiente 1			Ambiente 2			Análise conjunta		
FIC	42 DAI	Classe	FIC	42 DAI	Classe	FIC	42 DAI	Classe
46	1,22	MR	68	1,11	MR	68	1,11	MR
75	1,44	MR	66	1,44	MR	46	1,22	MR
47	1,55	MR	79	1,78	MR	66	1,44	MR
51	1,55	MR	63	1,78	MR	75	1,44	MR
52	1,66	MR	67	1,89	MR	47	1,55	MR
54	1,66	MR	82	1,99	MR	51	1,55	MR
77	1,66	MR	50	2,00	MR	52	1,66	MR
81	1,66	MR	64	2,00	MR	54	1,66	MR
79	1,67	MR	78	2,00	MR	77	1,66	MR
76	1,77	MR	77	2,11	S	81	1,66	MR
78	1,77	MR	49	2,22	S	79	1,67	MR
83	1,77	MR	75	2,22	S	76	1,77	MR
44	1,78	MR	46	2,44	S	78	1,77	MR
63	1,88	MR	47	2,44	S	83	1,77	MR
45	1,89	MR	60	2,44	S	44	1,78	MR
72	1,89	MR	70	2,44	S	79	1,78	MR
73	1,89	MR	80	2,44	S	63	1,78	MR
74	1,89	MR	72	2,55	S	45	1,89	MR
82	1,89	MR	73	2,55	S	72	1,89	MR
58	2,00	MR	53	2,55	S	73	1,89	MR
60	2,00	MR	81	2,55	S	74	1,89	MR
53	2,00	MR	76	2,66	S	67	1,89	MR
67	2,00	MR	59	2,77	S	82	1,89	MR
55	2,11	S	61	2,77	S	58	2,00	MR
80	2,11	S	71	2,77	S	64	2,00	MR

No presente trabalho foi observado que as famílias comportaram-se de forma diferente entre os ambientes, quanto ao grau de resistência. De acordo com Camargo (2005), este comportamento pode ser atribuído ao número de genes envolvidos na resistência genética de plantas as doenças. Em que, a resistência pode ser monogênica (resistência qualitativa) ou poligênica (resistência quantitativa). Na resistência monogênica, há uma notável distinção entre plantas resistentes e suscetíveis, inexistindo reações intermediárias na ausência de fontes de variação genéticas, responsáveis por distribuição descontínua fenotípica. No entanto, na resistência poligênica há presença contínua de graus de resistência, indo da extrema vulnerabilidade até a extrema resistência. Assim sendo, é necessário quantificar a doença, o que foi realizado no presente estudo.

Resultados semelhantes foram encontrados por Colatto (2010), que avaliando 12 progênies em dois ambientes em casa de vegetação, em que no ambiente 1 todas as progênies foram suscetíveis a verrugose. No ambiente 2, verificou-se que 8 progênies foram classificadas como altamente suscetíveis e duas como moderadamente resistentes a verrugose.

Segundo Gonçalves (2011), a divergência de resultados experimentais de resistência a verrugose em campo ou casa de vegetação, ocorre, devido a diferentes fatores, dentre eles: a existência de diferenças climáticas e edáficas de ambiente de cultivo dos materiais; a origem das progênies; a origem e variabilidade do inóculo utilizado nos diferentes ensaios experimentais; o estágio de desenvolvimento das plantas; as estruturas avaliadas nas plantas quanto ao grau de severidade da doença (frutos ou folhas) e ainda ao sistema de irrigação (gotejamento ou nebulização).

## CONCLUSÕES

Os valores de herdabilidade foram elevados para as todas as características nos dois ambientes e pela análise conjunta.

Os maiores ganhos na seleção direta e indireta foram obtidos pela característica AACPS, nas análises individuais dos ambientes e análise conjunta.

Devido a interação entre genótipo e ambiente, há a necessidade de se realizar avaliações em mais de um ambiente visando resistência a verrugose.

As FIC 63, 67, 78, 79 e 82 foram moderadamente resistentes, o que possibilita o uso das mesmas em um programa de melhoramento visando resistência a verrugose.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, S. P. M. **Desempenho agrônomo, características físico-químicas e reação a doenças em genótipos de maracujazeiro-azedo cultivados no Distrito Federal**. Brasília: Universidade de Brasília, 2006. 144p. (Dissertação - Mestrado em Produção Vegetal).

BERGAMIM FILHO, A.; AMORIM, L. Manejo de Fitopatossistemas: Conceitos Básicos. In BERGAMIM FILHO, A.; AMORIM, L. **Doenças de Plantas Tropicais:**

**Epidemiologia e Controle Econômico.** São Paulo: Agronômica Ceres Ltda., 1996. p.189-191.

BRUCKNER, C. H.; MELETTI, L. M. M.; OTONI, W. C.; ZERBINI JÚNIOR, F.M. Maracujazeiro. In: BRUCKNER, C. H. (ed.). **Melhoramento de Fruteiras Tropicais.** Viçosa: UFV, 2002. p.373-410.

BUENO, P. A. O. **Incidência e severidade de septoriose (*Septoria passiflorae*) em mudas de maracujazeiro azedo e produtividade de genótipos sob condições adversas no Distrito Federal.** Brasília: Universidade de Brasília, 2004. 71p. (Dissertação – Mestrado em Ciências Agrárias).

BUENO, P. A. O.; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; MATTOS, J. K. A. Incidência e severidade de Septoriose (*Septoria passiflorae* SYDOW) em mudas de 48 genótipos de maracujazeiro azedo, sob casa de vegetação no Distrito Federal. **Journal Bioscience.** 23: 88-95, 2007.

CAMARGO, L. E. A. (ed.) **Manual de Fitopatologia.** São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. v.2, 663p.

CAMPBELL, C. L.; MADDEN, L. V. **Introduction to plant disease epidemiology.** New York, 1990. 532p.

COLATTO, U. L. D. **Reação de progênies de maracujazeiro azedo à antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*), à verrugose (*Cladosporium herbarum*) e à bacteriose (*Xanthomonas axonopodispv. Passiflorae*).** Brasília: Universidade de Brasília, 2010. 110p. (Dissertação – Mestrado em Agronomia).

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV, 2006. v.2, 585p.

CRUZ, C.D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum.** v.35: p. 271-276, 2013.

DALLACORT, R.; MOREIRA, P. S. P.; INOUE M. H.; SILVA, D. J.; CARVALHO, I. F.; SANTOS, C. Wind speed and direction characterization in Tangará da Serra, Mato Grosso state, Brazil. **Revista Brasileira de Meteorologia.** 25: 359-364, 2010.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa.** Viçosa: UFV, 1987. 279p.

FREITAS, J. P. X. de; OLIVEIRA, E. J. de; JESUS, O. N. de; CRUZ NETO, A. J. da; SANTOS, L. R. dos. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro-azedo com uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira.** 47: 393-401, 2012.

- GONÇALVES, I. M. P. **Produtividade e reação de progênies de maracujazeiro azedo a doenças em campo e casa de vegetação**. Brasília: Universidade de Brasília, 2011. 121p. (Dissertação – Mestrado em Agronomia).
- HAMBLIN, J.; ZIMMERMAN, M. J. O. Breeding common bean for yield mixtures. **Plant Breeding Reviews**. 4: 245-272, 1986.
- IBGE. Indicadores da produção agrícola municipal. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 12, setembro, 2014.
- JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; FALEIRO, F. G.; PEIXOTO, J. R.; BERNACCI, L. C. Potencial das espécies silvestres de maracujazeiro como fonte de resistência a doenças. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina: Embrapa Cerrados. 2005. p. 81-108.
- LIMA, A. A.; CUNHA, M. A. P. **Maracujá: Produção e qualidade na passicultura**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2004. 396p.
- MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. **Revista Árvore**. 27: 327-333, 2003.
- MARTINS, J. A.; DALLACORT, R.; INOUE, M. H.; SANTIN, A.; KOLLING, E. M.; COLETTI, A. J. Probabilidade de precipitação para a microrregião de Tangará da Serra, estado do Mato Grosso. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. 40: 291-296, 2010.
- MCKINNEY, R. H. Influence of soil temperature and moisture on infection of wheat seedlings by *Helminthosporium sativum*. **Journal of Agricultural Research**. 6: 195-218, 1923.
- NEGREIROS, J. R. da S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SIQUEIRA, D. L.; PIMENTEL, L. D. Seleção de progênies de maracujazeiro-azedo vigorosas e resistentes à verrugose (*Cladosporium cladosporioides*). **Revista Brasileira Fruticultura**. 26: 272-275, 2004.
- PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M. de; BARBOSA, PEREIRA, M. H. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**. 39: 2425-2430, 2009.
- SANTOS FILHO, H. P.; LARANJEIRA, F. F.; SANTOS, C. C. F. dos; BARBOSA, C. J. Doenças do maracujazeiro. In: LIMA, A. A. (org.). **Maracujá: produção e**

**qualidade na passicultura.** Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura. 2004. p. 241-280.

SANTOS, C.E. M. dos; PISSIONI, L. L. M.; MORGADO, M. A. D.; CRUZ, C. D.; BRUCKNER, C. H. Estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro azedo quanto ao vigor e incidência de verrugose. **Revista Brasileira de Fruticultura.** 30: 444-449, 2008.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho no Brasil.** 2 ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p.137-214.

VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; SOUZA, M. M. de; MALDONADO, J. F. M. Parâmetros genéticos em populações de maracujazeiro amarelo. **Revista Ceres.** 51: 541-551, 2004.

## 5. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHO DE SELEÇÃO QUANTO À RESISTÊNCIA A ANTRACNOSE NO MARACUJAZEIRO AZEDO

### RESUMO

Embora o Brasil seja o maior produtor mundial de maracujá, a grande maioria dos pomares apresentam baixas produtividades devido a diversos fatores, entre eles o fitossanitário. Dentre as doenças, que tem provocado perdas significativas nas lavouras está a antracnose, pois o patógeno ataca as plantas durante todo o ciclo. Objetivou-se neste trabalho quantificar a intensidade da antracnose nas folhas, estimar parâmetros genéticos e o ganho de seleção quanto a reação á antracnose em famílias de irmãos completo de maracujazeiro azedo. Foram realizados dois experimentos para avaliar a reação das FIC, sendo o primeiro no período de janeiro a abril (ambiente 1) e o segundo de maio a agosto de 2014 (ambiente 2). Os experimentos foram conduzidos em ambiente protegido. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados para os dois experimentos, onde os tratamentos foram compostos de 83 FIC, sendo três plantas por parcela e três repetições. As características avaliadas foram: nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva de progresso da severidade (AACPS) e da incidência (AACPI) da antracnose. Foram realizadas análises de variância individual e conjunta das características, estimados os parâmetros genéticos e os ganhos por seleção direta e indireta. As estimativas de herdabilidade no sentido amplo foram baixas para 42 DAI pela análise conjunta. O índice de variação foi menor que 1 para duas características no ambiente 1 e pela análise conjunta, o mesmo não ocorreu para o ambiente 2 em que todas as características apresentaram índice de variação maior que um. As progênies apresentaram diferentes níveis de resistência entre os dois experimentos, em que algumas apresentaram suscetibilidade. A interação genótipo e ambiente foi significativa, verificando-se que apenas duas épocas não são suficientes para avaliação de resistência a antracnose.

Palavras-chave: *Colletotrichum gloeosporioides*, resistência a doenças, *Passiflora edulis*.

## **SOUR PASSIONFRUIT GENETIC PARAMETER ESTIMATES AND GAIN SELECTION RESISTANCE TO ANTHRACNOSE**

### **ABSTRACT**

Although Brazil is the largest producer of passionfruit, the vast majority of orchards have low productivity due to several factors, including the phytosanitary. Among the diseases the one which has caused significant losses in crops is the anthracnose once the pathogen attacks the plant throughout the cycle. The aim of this study was to quantify the intensity of the anthracnose on the leaves, the genetic parameters estimate and the gain selection for the anthracnose reaction in sour passionfruit full related families. Two experiments were conducted to evaluate the FIC reaction, the first period from January to April (room 1) and the second from May to August 2014 (room 2). The experiments were conducted in a greenhouse. The randomized block design for both experiments was used where treatments were composed by 83 FIC, being three plants per plot and three repetitions. The evaluated characteristics were: the score within 42 days after inoculation (DAI), the area below the severity progress curve (AUDPCS) and the anthracnose incidence (AACPI). Individual and combined variance characteristic analyzes were carried out, the genetic parameters and the earnings per direct and indirect selection were estimated in the broad sense, the heritability estimates were low for 42 DAI by the joint analysis. The variation rate was less than 1 for two characteristics on the environment 1 and by the joint analysis; the same did not occur for the environment 2 in which all the characteristics showed an index greater than one. The progenies showed different levels of resistance between the two experiments, in which some presented susceptibility. The genotype and the environment interaction was significant, being verified that only two seasons are not enough to the anthracnose resistance evaluation.

Keywords: *Colletotrichum gloeosporioides*, disease resistance, *Passiflora edulis*.

### **INTRODUÇÃO**

A fruticultura tem se destacado no Brasil promovendo o desenvolvimento de diversas regiões, graças às mudanças nos padrões de demanda nos mercados,

interno e externo e do conseqüente crescimento tecnológico (Nascimento, 2003; Faleiro et al., 2008).

O Brasil além de ser o maior produtor mundial de maracujá, também é o maior consumidor mundial, sendo que mais de 60% da produção se destina ao consumo *in natura* e o restante às indústrias de processamento de polpa e suco (Menegoto, 2008). Embora o Brasil seja o maior produtor, a grande maioria dos pomares de maracujá apresentam baixas produtividades devido a diversos fatores, entre eles, os problemas fitossanitários (Faleiro et al., 2005; Viana e Gonçalves, 2005).

As doenças na cultura do maracujazeiro limitam a expansão da área cultivada e em alguns casos, tem provocado perdas significativas nas lavouras. A falta de controle das principais doenças tende a acarretar perda de produtividade, diminuição da longevidade da cultura, baixa qualidade de frutos, aumento do custo de produção, aumento do uso de defensivos agrícolas que por conseqüência causa danos ao meio ambiente, aos trabalhadores e aos consumidores (Anjos et al., 2002).

Várias doenças atacam o maracujazeiro, entre elas a antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides* L.). Esta doença é considerada uma das mais importantes para a cultura, pois o patógeno ataca as plantas durante todo o ciclo. Como conseqüência dessa associação tem-se a redução da área foliar e danos aos frutos o que interfere na comercialização do mesmo (Junqueira et al., 1999; Miranda, 2004; Fischer et al., 2005).

O melhoramento genético é uma das alternativas para solucionar problemas, principalmente, aqueles referentes às doenças. Dessa forma o melhoramento visa o desenvolvimento de cultivares resistentes para reduzir os custos com aplicações de fungicidas, viabilizar a produção nas áreas afetadas e atender as exigências dos consumidores por produtos mais saudáveis (Oliveira, 2013).

Diferentes metodologias de seleção podem ser utilizadas para obtenção de uma população melhorada. Uma alternativa é a seleção direta, em que o melhorista visa ganhos em uma única característica sobre a qual ele praticará a seleção. Outra alternativa é a seleção indireta, em que o processo seletivo é realizado em um caráter para se obter ganhos em outras características (Pereira et al., 2005; Cruz e Carneiro, 2006).

Objetivou-se neste trabalho quantificar a intensidade da antracnose nas folhas, estimar parâmetros genéticos e o ganho de seleção quanto à reação a antracnose em famílias de irmãos completo de maracujazeiro azedo.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Obtenção das famílias de irmãos completo

Foram utilizadas 83 famílias de irmãos completo (FIC), obtidas a partir da população UNEMAT-01 do programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo da UNEMAT (Figura 1).

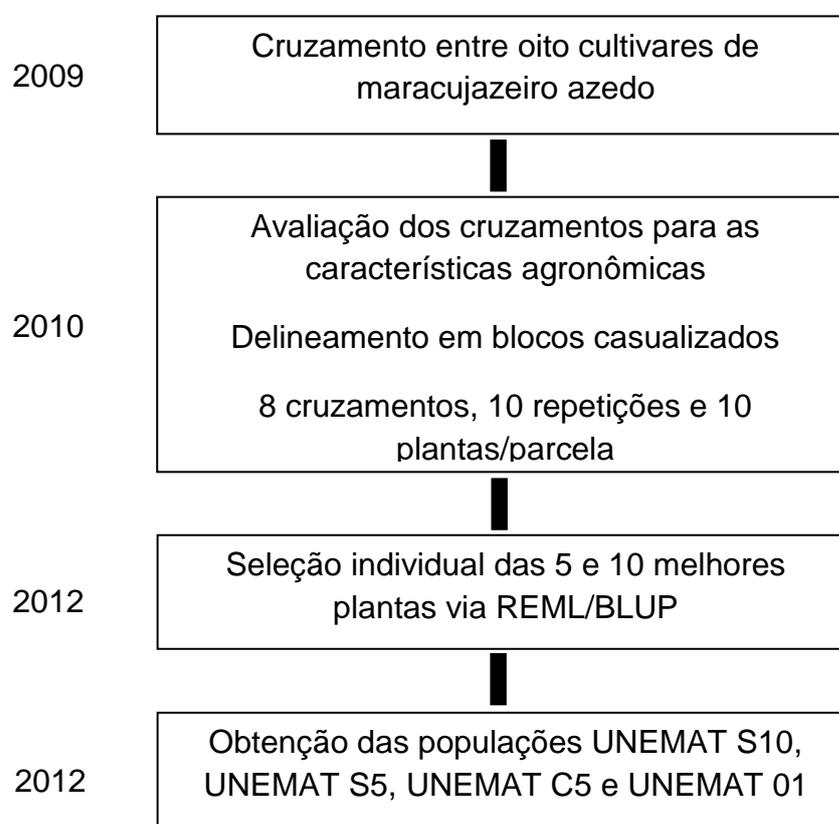


Figura 1. Fluxograma do programa de seleção recorrente intrapopulacional do maracujazeiro amarelo.

Para a realização dos cruzamentos, inicialmente as flores foram marcadas e protegidas com sacos de papel e clipe, para não permitir a entrada de polinizadores. Por volta do meio-dia, horário em que ocorre a abertura das flores, a proteção foi retirada e os grãos de pólen colocados em placas de Petri de vidro. Em seguida, transferidos para o estigma da planta-mãe com o auxílio de um pincel de cerdas

macias. Após este processo, as flores foram novamente ensacadas para evitar contaminações por grãos de pólen externo.

Um dia após esse procedimento os sacos de papel foram retirados e as flores marcadas com barbantes coloridos e anotados em uma planilha com o croqui a data do cruzamento e o respectivo doador de grãos de pólen. Quinze dias após esta etapa, os frutos foram ensacados com sacos de nylon como forma de marcação ao amadurecerem e se desprenderem da planta. As sementes obtidas destes cruzamentos foram armazenadas em baixas temperaturas até a data da semeadura.

### **Descrição dos experimentos, local de instalação e delineamento utilizado.**

Foram realizados dois experimentos para avaliar a reação das FIC, sendo o primeiro no período de janeiro a abril (ambiente 1) e o segundo de maio a agosto de 2014 (ambiente 2).

Os experimentos foram conduzidos em ambiente protegido, na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), situada no município de Tangará da Serra, MT, localizada a 14°37'10" S e 57°29'09" W com altitude média de 320 metros.

O clima predominante na região é o tropical úmido megatérmico, AW (Dallacort et al., 2010), onde as chuvas se concentram mais nos meses entre novembro a março, sendo essa época caracterizada como a estação chuvosa, mais úmida e com temperaturas médias de 25°C, e no período entre junho e agosto estabelece-se a estação seca, com umidade relativa do ar mais baixa e períodos de temperaturas amenas (Martins et al., 2010).

Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados para os dois experimentos, onde os tratamentos foram compostos de 83 FIC, sendo três plantas por parcela e três repetições.

A semeadura das FIC foi realizada em bandejas de 288 células contendo substrato comercial vermiculita (Plantmax®). Com aproximadamente 30 dias as mudas foram transplantadas para sacos de polietileno com 15 cm de diâmetro e 25 cm de altura, substrato contendo areia, terra de subsolo, adubo orgânico, calcário e fosfato monoamônico (MAP). As plantas foram mantidas em ambiente protegido, com sistema de irrigação de 2 min hora<sup>-1</sup>. Foram realizadas semanalmente adubações foliares do micronutriente (Platon-25®) e aplicações de inseticidas recomendados para a cultura.

### **Obtenção do isolado e inoculação de *Colletotrichum gloeosporioides***

O isolado de *C. gloeosporioides* foi obtido de plantas sintomáticas, cujo isolamento foi realizado no Laboratório de Fitopatologia do Centro de Pesquisa, Estudos e Desenvolvimento Agro-Ambiental (CPEDA) da UNEMAT, onde foi identificado morfológicamente e multiplicado em placas de Petri contendo aproximadamente 20 mL de meio BDA (batata-dextrose-ágar). Após este procedimento, placas com colônias puras do fungo foram armazenadas em câmara de crescimento tipo BOD com temperatura de  $25 \pm 2^{\circ}\text{C}$ .

A inoculação das plantas foi realizada 60 dias após a semeadura, quando as plantas apresentavam de 4 a 6 folhas. Para a inoculação de *C. gloeosporioides* foi realizada a lavagem das placas de Petri, onde a suspensão de conídios do patógeno foi ajustada à concentração de conídios de  $5 \times 10^6 \text{ mL}^{-1}$ , como auxílio de uma câmara de Neubauer. O espalhante adesivo Tween 20 foi adicionado à suspensão final (0,01%). Para a inoculação foi utilizado o método proposto por Schrammel (2010), onde foram feitos ferimentos no limbo foliar de duas folhas de cada planta com auxílio de escova de cerdas de aço finas e em seguida foi realizada a pulverização com o auxílio de borrifador manual, sendo as mudas pulverizadas com 100 mL da suspensão de conídios. Após a pulverização, as plantas foram colocadas em câmara úmida feitas com sacos plásticos transparentes por 24 horas.

### **Avaliação dos experimentos**

As avaliações da doença nos dois ambientes foram realizadas com intervalo de sete dias, iniciando no sétimo dia após a inoculação com seis avaliações por experimento.

Para determinar a severidade da antracnose nas folhas foi utilizada a escala de notas adaptada da proposta por Abreu (2006), sendo nota 1 para plantas que não apresentaram sintomas da doença; 2 para plantas com até 10% da superfície da folha coberta por lesões; 3 para plantas com 11% a 30% da superfície coberta; e 4 para plantas com mais que 30% da superfície das folhas cobertas por lesões.

Além da severidade avaliou-se também a incidência, que é a porcentagem de plantas doentes ou de suas partes, em uma amostra de população. Assim, determina-se, em cada avaliação, a incidência dada em porcentagem de plantas infectadas por *C. gloeosporioides* (Bergamim Filho e Amorim, 1996).

A partir destes dados foi calculada a área abaixo da curva e progresso da incidência (AACPI) e da severidade (AACPS) da antracnose de acordo com Campbell e Madden (1990). Para ponderar a severidade na parcela aplicou-se o índice de Mckinney (1923), ou seja:  $ID (\%) = \frac{\sum(f.v)}{n.x} \times 100$ . Em que: ID = Índice de doença; f = Número de plantas com determinada nota; v = Nota observada; n = Número total de plantas avaliadas; x = Grau máximo de infecção.

Para a classificação quanto à resistência, considerou como resistente (R) as plantas com notas até 1,00; moderadamente resistentes (MR) as plantas com notas entre 1,01 até 2,00; suscetível (S) as plantas com notas entre 2,01 e 3,00 e altamente suscetível (AS) as plantas com notas entre 3,01 e 4,00, conforme metodologia utilizada por Bueno et al. (2007). Para a classificação dos genótipos quanto à resistência foi utilizada a média de notas da última avaliação de cada experimento.

Foram realizadas análises de variância para cada ambiente. Em seguida foi realizada análise de variância conjunta em que os experimentos (ambientes) foram considerados fixos e os genótipos foram considerados como efeitos aleatórios, sob condições de homogeneidade das variâncias residuais utilizando o programa computacional em genética e estatística Genes (Cruz, 2013).

A partir dos valores de quadrados médios, obtidos pelas análises de variância, foram estimados os componentes de variância associados aos efeitos de natureza genética e ambiental dos modelos estatísticos, conforme Cruz (2013):

Variância genotípica entre médias de progênies:

$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QME}{r}$ , em que QMG = quadrado médio de progênies; QME = quadrado médio do erro; r = número de repetições.

Variância fenotípica entre médias de progênies:

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMG}{r}$$

Variância ambiental entre parcelas:

$$\hat{\sigma}^2 = QME$$

Variância ambiental entre médias de parcela:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QME}{r}$$

Coeficiente de herdabilidade no sentido amplo:

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2} = \frac{QMG-QME}{QMG}$$

Correlação intraclasse:

$$CI = \frac{\sigma_g^2}{\sigma^2 + \sigma_g^2}$$

Coeficiente de variação genético:

$$\widehat{CV}_g = \sqrt{\frac{\sigma_g^2}{m}} \times 100$$

Coeficiente de variação experimental:

$$\widehat{CV}_e = \sqrt{\frac{QME}{m}} \times 100$$

Índice de Variação:

$$\hat{I}_V = \frac{CV_g}{CV_e}$$

Foram estimados os ganhos de seleção utilizando o método de seleção direta e indireta. Também foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre todas as características avaliadas. Posteriormente foram selecionadas 25 FIC com as menores médias para a característica 42 DAI nos ambientes 1, 2 e pela análise conjunta. Esses procedimentos foram realizados com o uso do programa computacional Genes (Cruz, 2013).

Foi avaliado o nível de coincidência das 25 FIC selecionadas, para comparar as FIC selecionadas no ambiente 1, com as selecionadas no ambiente 2 e pela análise conjunta. em todas as características. Para estimar o índice de coincidência, foi utilizado o método de Hamblin e Zimmermann (1986), pela expressão:

$$IC = \frac{A-C}{B-C} \times 100$$

Onde: A é o número de FIC que coincidentes nas duas épocas de seleção; B é o número de plantas selecionadas, no caso 25, e C, o número de coincidências atribuídas ao acaso, sendo adotado, nesse caso, 10% de B.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pelas análises de variância individuais, foi possível constatar diferenças significativas ( $p \leq 0,01$ ) pelo teste F para todas as características (Tabela 1).

Os coeficientes de variação experimentais no ambiente 1 apresentaram valores que variaram de 12,76% a 22%. O menor CV encontrado é atribuído à AACPI, e o maior é relativo aos 42 DAI (Tabela 1).

A herdabilidade observada no ambiente 1 para 42 DAI, AACPI e AACPS, foram de 66,47%, 82,73% e 51,02%, respectivamente (Tabela 1).

Tabela 1. Resumo da análise de variância individual, estimativas de herdabilidade no sentido amplo  $h_a^2$  (%) e índice de variação  $\hat{I}_V$ , para nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI) em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a resistência a antracnose no ambiente 1.

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios		
		42 DAI	AACPS	AACPI
Blocos	2	0,77	14.260.672,30	26.822.798,88
FIC	82	1,05**	545.552,07**	269.362,18**
Resíduo	164	0,35	94.192,49	131.908,79
Total	248			-
Média	-	2,69	1.546,80	2.845,91
CV (%)	-	22,00	19,84	12,76
$h_a^2$ (%)	-	66,47	82,73	51,02
$\hat{I}_V$	-	0,81	1,26	0,58

\*\*Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade de erro.

Os índices de variação para AACPI, AACPS e 42 DAI foram de 1,26, 0,58 e 0,81, respectivamente. De acordo com Vencovsky (1987), o índice de variação costuma também ser usado como indicador de progresso em uma seleção, sendo a expectativa deste progresso promissora quando esta razão está acima de 1. No presente estudo a AACPS e 42 DAI, apresentaram valores menores que 1, indicando uma condição desfavorável de seleção destas duas características, uma vez que a variância genética foi menor que a variância ambiental.

Segundo Alves (2004), valores desta magnitude indicam que o emprego de métodos simples de melhoramento, como a seleção massal, não proporcionarão ganhos expressivos durante o processo de seleção. Neste caso, o emprego de métodos de melhoramento baseados no desempenho de famílias é mais adequado

do que aqueles que utilizam a seleção com base no desempenho de plantas individuais.

Para o ambiente 2, foram observadas diferenças significativas ( $p \leq 0,01$ ) pelo teste F, para todas as características avaliadas (Tabela 2). Os coeficientes de variação experimental variaram de 13,43% a 21,61%. O menor coeficiente foi obtido pela AACPI (13,43%) e o maior para AACPS (21,61%).

Os valores elevados dos coeficientes de variação, encontrados nos dois ambientes podem ser resultado da diferença de vigor entre as progênies e até mesmo pelas características analisadas serem relacionadas à doença.

No segundo ambiente as estimativas de herdabilidade variaram de 76,29% a 88,19%. Em que, a característica AACPI obteve a menor herdabilidade, enquanto a característica AACPS apresentou a maior herdabilidade (Tabela 2).

Foi possível verificar que o índice de variação ( $\hat{I}_V$ ) foi maior que 1 para todas as características, indicando uma condição favorável de seleção, uma vez que a variância genética supera a ambiental (Vencovsky, 1987).

Tabela 2. Resumo da análise de variância individual, estimativas de herdabilidade no sentido amplo  $h_a^2$  (%) e índice de variação  $\hat{I}_V$ , para nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI) em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a resistência a antracnose no ambiente 2.

Fonte de variação	GL	Quadrados médios		
		42 DAI	AACPS	AACPI
Blocos	2	0,01	11.623.660,24	20.868.856,95
FIC	82	2,31**	1.570.232,91**	548.751,57**
Resíduo	166	0,33	185.364,04	130.099,05
Total	248	-	-	-
Média	-	2,85	1.991,45	2.685,20
CV (%)	-	20,38	21,61	13,43
$h_a^2$ (%)	-	85,37	88,19	76,29
$\hat{I}_V$	-	1,39	1,57	1,03

\*\*Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade de erro.

Pela análise conjunta das características pode ser verificado que houve existência de variabilidade na população, com diferenças significativas pelo teste F ( $p < 0,01$ ) com relação às progênies (Tabela 3). Para a interação genótipo x ambiente houve diferença significativa, isto indicou que a resposta das FIC foi diferente nos dois ambientes estudados.

Os coeficientes de variação encontrados para as características avaliadas foram 21,18% para nota aos 42 DAI, 21,13% para AACPS e 13,08% para AACPI.

As estimativas de coeficiente de herdabilidade foram relativamente altas para duas das características observadas, em que as maiores herdabilidades foram constatadas na AACPS com 87,05%, e em seguida na AACPI (70,97%) e a menor com 42 DAI (26,15%).

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta estimativas de herdabilidade no sentido amplo  $h_a^2$  (%) e índice de variação  $\hat{I}_V$ , para as características nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI) em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a resistência a antracnose nos ambientes 1 e 2.

Fonte de Variação	GL	Quadrados médios		
		42 DAI	AACPS	AACPI
FIC(G)	82	1,93**	1.079.956,48**	451.288,89**
Ambientes (A)	1	3,01**	24.614.896,90**	3.215.547,55**
G x A	82	1,42**	1.035.828,50**	366.824,86**
Resíduo	332	0,34	139.778,27	131.003,92
Total	497			
Média	-	2,77	1.769,12	2.765,56
CV (%)	-	21,18	21,13	13,08
$h_a^2$ (%)	-	26,15	87,05	70,97
$\hat{I}_V$	-	0,49	1,05	0,63

\*\*Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade de erro.

As estimativas de herdabilidade em uma população podem variar de acordo com a característica avaliada, o método de estimação, a diversidade na população, o tamanho da amostra, o nível de endogamia da população e a precisão na condução e coleta de dados do ambiente. Desta forma, essas estimativas não devem ser extrapoladas para outras populações (Viana e Gonçalves, 2005).

Observou-se que o índice de variação foi maior que 1 para a AACPS e AACPI (Tabela 3).

As estimativas de parâmetros genéticos de determinada população é de suma importância em programas de melhoramento. No entanto, para cada característica, a estimativa de um parâmetro pode ser variável, sendo função da variabilidade genética existente na população e das condições ambientais (Cruz et al., 2004). Os parâmetros genéticos caracterizam uma população e o quanto a característica analisada poderá ser herdável.

As maiores correlações fenotípicas e genotípicas envolveram as características AACPS x AACPI, sendo 0,64 e 0,73, respectivamente (Tabela 4). No segundo ambiente as maiores correlações genotípicas e fenotípicas, também foram observadas nestas duas características (Tabela 5).

Tabela 4. Estimativas de correlação fenotípica<sup>(1)</sup> e genotípica<sup>(2)</sup>, em médias determinadas em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto as características nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI), quanto a resistência a antracnose no ambiente 1.

Característica <sup>1/</sup>	42 DAI	AACPS	AACPI
42 DAI	-	0,47**	0,25**
AACPS	0,57**	-	0,64**
AACPI	0,27**	0,73**	-

<sup>(1)</sup> Acima da diagonal; <sup>(2)</sup> Abaixo da diagonal; \*\*Significativo a 1% de probabilidade, pelo método de “bootstrap”, com 5 mil simulações.

Tabela 5. Estimativas de correlação fenotípica<sup>(1)</sup> e genotípica<sup>(2)</sup>, em médias determinadas em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto as características nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI), quanto a resistência a antracnose no ambiente 2.

Caraterística <sup>1/</sup>	42 DAI	AACPS	AACPI
42 DAI	-	0,76**	0,63**
AACPS	0,85**	-	0,85**
AACPI	0,78**	0,88**	-

<sup>(1)</sup> Acima da diagonal; <sup>(2)</sup> Abaixo da diagonal; \*\*Significativo a 1% de probabilidade, pelo método de “bootstrap”, com 5 mil simulações.

As FIC selecionadas em comum para as características estudadas, pela seleção direta no ambiente 1, são 9 (59, 82, 81, 55, 75, 79, 45, 41 e 80) representando 36% das progênies. Sabendo-se que as características AACPS e AACPI possuem relação, constatou que 16 (64%) das progênies foram comuns entre estas duas (Tabela 6).

Houve o maior ganho genético para cada característica estimado quando a seleção foi praticada diretamente sobre o mesmo, exceto para a característica AACPI que obteve ganho -6,51%. Os maiores progressos pela seleção direta foram para 42 DAI (- 17,48%) e AACPS (-26,16%) (Tabela 6).

No ambiente 2, 16 (64%) das famílias, são comuns para as três características avaliadas (Tabela 7). Em se tratando da AACPS e AACPI, pode ser observado que 20 (80%) progênies são comuns a estas duas características. A seleção direta no ambiente 2 foi maior para as características 42 DAI (- 51,06%) e

AACPS (-52,03%), no entanto apenas a característica AACPI o progresso genético não foi satisfatório, quando a seleção foi praticada sobre a mesma característica.

Com relação a seleção indireta, sobre 42 DAI promoveu ganhos indiretos satisfatórios quanto a AACPS, isto pode ser observado nos dois ambientes (Tabelas 6 e 7). Para AACPI constatou-se que nos dois ambientes o ganho foi inferior aos das outras características. De acordo com Falconer (1987), a seleção indireta pode promover ganhos maiores do que a seleção direta, se a característica auxiliar apresentar maior herdabilidade que a principal.

Tabela 6. Média original ( $M_o$ ), média das famílias selecionadas ( $M_s$ ) e estimativas de ganhos genéticos preditos (GS), pela seleção direta e indireta quanto as características 42 DAI, AACPS e AACPI, em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a resistência a antracnose no ambiente 1, Tangará da Serra-MT, 2014.

Característica <sup>1</sup>	Famílias selecionadas	Resposta			
		42 DAI	AACPS	AACPI	
42 DAI	09,13,23,37,41,45,47,49,50,51,52,55,57,59,60,61,65,66,67,75,77,79,80,81,82	$M_o$	2,69	1.546,80	2.845,91
		$M_s$	1,98	1.288,51	2.708,22
		GS	-0,47	-213,69	-70,26
		GS(%)	-17,48	-13,82	-2,47
AACPS	17,21,27,41,44,45,46,49,51,53,54,55,56,59,67,68,74,75,76,78,79,80,81,82,83	$M_o$	2,69	1.546,80	2.845,91
		$M_s$	2,40	1.057,77	2.594,66
		GS	-0,19	-404,59	-128,21
		GS(%)	-7,28	-26,16	-4,51
AACPI	13,17,19,22,27,37,41,45,48,52,54,55,56,59,61,62,65,74,75,78,79,80,81,82,83	$M_o$	2,69	1.546,80	2.845,91
		$M_s$	2,43	1.185,84	2.482,66
		GS	-0,17	-298,63	185,36
		GS(%)	-6,40	-19,31	-6,51

<sup>1</sup>Nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI).

Tabela 7. Média original ( $M_o$ ), média das famílias selecionadas ( $M_s$ ) e estimativas de ganhos genéticos preditos (GS), pela seleção direta e indireta quanto as características 42 DAI, AACPS e AACPI, em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a resistência a antracnose no ambiente 2, Tangará da Serra-MT, 2014.

Característica <sup>1</sup>	Famílias selecionadas	Resposta			
		42 DAI	AACPS	AACPI	
42 DAI	16,17,23,24,48,52,53,54,55,56,57,58, 59,60,61,62,63,64,65,66,67,68,69,70, 71	$M_o$	2,85	1.991,45	2.685,20
		$M_s$	1,14	1.114,81	2.255,55
		GS	-1,45	-773,15	-327,78
		GS(%)	-51,06	-38,82	-12,21
AACPS	04,21,42,49,52,54,55,56,57,58,59,60, 61,62,63,64,65,66,67,68,69,70,71,72, 73	$M_o$	2,85	1.991,45	2.685,20
		$M_s$	1,73	816,66	1.840,20
		GS	-0,95	-1.036,10	-644,25
		GS(%)	-33,41	-52,03	-23,99
AACPI	21,24,40,49,50,52,55,57,58,59,60,62, 63,64,65,66,67,68,69,70,71,72,73,74, 75	$M_o$	2,85	1.991,45	2.685,20
		$M_s$	1,81	872,83	1.788,88
		GS	-0,88	-986,56	-683,81
		GS(%)	-31,18	-49,54	-25,47

<sup>1</sup>Nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI).

As FIC definidas pela seleção direta em cada característica pela análise conjunta foram as FIC 65, 60, 59, 57, 52, 58, 68, 54, 64, 71, 69, 56 e 70, representando 52% das FIC selecionadas. Quando se compararam AACPS e AACPI, 19 (76%) das FIC foram comuns a estas duas características (Tabela 8).

Quando a seleção foi praticada diretamente sobre o mesmo, apenas a característica AACPS, obteve o maior progresso genético. Já para a seleção indireta esta mesma característica obteve ganhos superiores quando foi aplicada a seleção sobre 42 DAI e sobre AACPI, sendo - 22,02% e -22,20% respectivamente.

Tabela 8. Média original ( $M_o$ ), média das famílias selecionadas ( $M_s$ ) e estimativas de ganhos genéticos preditos (GS), pela seleção direta e indireta quanto as características 42 DAI, AACPS e AACPI, em 83 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, quanto a resistência a antracnose no ambiente 1 e 2, Tangará da Serra-MT, 2014.

Característica <sup>1</sup>	Famílias selecionadas		Resposta		
			42 DAI	AACPS	AACPI
42 DAI	13,23,41,48,50,51,52,54,55,56,57,58, 59,60,61,62,63,64,65,66,67,68,69,70, 71	$M_o$	2,77	1.769,12	2.765,56
		$M_s$	2,04	1.321,69	2.509,10
		GS	-0,59	-389,51	-182,00
		GS(%)	-21,58	-22,02	-6,58
AACPS	21,27,68,44,49,51,52,54,55,56,57,58, 59,60, 61,62,64,65,66,67,69,70,71,72, 73	$M_o$	2,77	1.769,12	2.765,56
		$M_s$	2,24	1.232,77	2.465,55
		GS	-0,43	-466,93	-212,91
		GS(%)	-15,79	-26,39	-7,70
AACPI	19,21,27,49,52,54,55,56,57,58,59,60, 61,62,63,64,65,68,69,70,71,74,75,82, 83	$M_o$	2,77	1.769,12	2.765,56
		$M_s$	2,33	1.318,07	2.422,77
		GS	-0,35	-392,67	-243,27
		GS(%)	-12,89	-22,20	-8,80

<sup>1</sup>Nota aos 42 dias após a inoculação (DAI), área abaixo da curva da severidade (AACPS) e área abaixo da curva da incidência (AACPI).

Quanto ao índice de coincidência, observou-se que dentre as 25 FIC que foram selecionadas no ambiente 1, 10 delas também foram selecionadas no ambiente 2 para todas as características, em que as FIC selecionadas foram 23, 52, 55, 57, 59, 60, 61, 65, 66 e 67 o que correspondeu ao índice de coincidência de 39,39%. Já para a análise conjunta, o índice de coincidência para o ambiente 1 foi de 55,55%. Enquanto que para ambiente 2, observou-se um alto índice de coincidência 79,79% (Tabela 9).

Em estudo, realizado por Peternelli et al. (2009) com cana de açúcar, foi verificado que o índice de coincidência na seleção de genótipos, ficaram em torno de 50%, em um cenário com herdabilidade de 70% e intensidade de seleção de 10%. Com a herdabilidade reduzida para 30% e a intensidade de seleção de 5%, o índice de coincidência caiu para próximo de 30%.

Tabela 9. Índice de coincidência Hamblin e Zimmermann (1986) das 25 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo, selecionadas para os ambientes 1, 2 e pela análise conjunta, Tangará da Serra-MT, 2014.

	Ambiente 1	Ambiente 2
Ambiente 2	39,39%	-
Análise conjunta	55,55%	79,79%

Na tabela 10, estão representadas as 25 FIC selecionadas que apresentaram as menores médias quanto a característica 42 DAI nos ambientes 1, 2 e pela análise conjunta.

Considerando o grau de resistência descrito por Bueno et al. (2007), no ambiente 1 a maior parte das progênies 13 (52%), foram classificadas como suscetíveis não sendo as melhores opções para realizar cruzamentos com objetivo de se obter resistência à antracnose. Entretanto, 12 (48%) das FIC foram classificadas como moderadamente resistentes. Quanto ao grau de resistência no ambiente 2, foi possível verificar que das 25 FIC selecionadas, 18 (72%) foram consideradas como moderadamente resistentes e 7 (28%) foram consideradas como suscetíveis (Tabela 10).

Pela análise conjunta dos ambientes levando em consideração o grau de resistência, todas as FIC foram classificadas como moderadamente resistentes sendo as FIC 59, 55, 61, 67, 50, 65, 57, 52, 66, 60, 51, 63, 62, 56, 68, 69, 13, 58, 48, 71, 54, 23, 82, 9, 52 e 64 (Tabela 10). Estes resultados são semelhantes aos

encontrados por Vilela (2013), onde pôde-se observar que das 26 progênies de maracujá avaliadas no referido estudo, 25 das progênies comportaram-se como moderadamente resistentes a antracnose nas condições avaliadas, e somente uma se comportou como resistente.

Tabela 10. Médias das 25 famílias de irmãos completo FIC selecionadas, quanto à característica nota aos 42 dias após a inoculação (DAI) e classe de resistência, quanto à reação a antracnose nos ambientes 1, 2 e pela análise conjunta, Tangará da Serra-MT, 2014.

Ambiente 1			Ambiente 2			Análise conjunta		
FIC	42 DAI	Classe	FIC	42 DAI	Classe	FIC	42 DAI	Classe
51	1,44	MR	61	1,11	MR	61	1,11	MR
13	1,55	MR	62	1,11	MR	62	1,11	MR
59	1,66	MR	66	1,22	MR	66	1,22	MR
50	1,77	MR	65	1,33	MR	65	1,33	MR
23	1,78	MR	63	1,44	MR	51	1,44	MR
82	1,78	MR	56	1,44	MR	63	1,44	MR
9	1,89	MR	60	1,44	MR	56	1,44	MR
67	1,89	MR	68	1,44	MR	60	1,44	MR
81	1,89	MR	69	1,44	MR	68	1,44	MR
52	2,00	MR	58	1,55	MR	69	1,44	MR
60	2,00	MR	48	1,66	MR	13	1,55	MR
61	2,00	MR	55	1,66	MR	58	1,55	MR
47	2,11	S	57	1,66	MR	59	1,66	MR
55	2,11	S	71	1,66	MR	48	1,66	MR
65	2,11	S	54	1,77	MR	55	1,66	MR
66	2,11	S	67	1,78	MR	57	1,66	MR
75	2,11	S	52	1,89	MR	71	1,66	MR
79	2,11	S	64	1,89	MR	50	1,77	MR
45	2,11	S	59	2,11	S	54	1,77	MR
49	2,11	S	23	2,11	S	23	1,78	MR
57	2,22	S	24	2,22	S	82	1,78	MR
77	2,22	S	17	2,33	S	67	1,78	MR
41	2,22	S	70	2,33	S	9	1,89	MR
80	2,22	S	53	2,33	S	52	1,89	MR
37	2,33	S	16	2,44	S	64	1,89	MR

Sob condições de casa de vegetação Martins et al. (2008), avaliando maracujazeiro obtiveram progênies moderadamente resistentes e observaram que todas as plantas apresentaram à antracnose, sendo que houve variação entre as progênies que apresentaram diferentes graus de resistência, mesmo sendo provenientes de uma mesma espécie.

Em trabalho realizado em condições de campo com 11 progênies de maracujazeiro azedo de propagação sexuada, Junqueira et al. (2003), observaram

que houveram diferenças significativas de reação das progênies a antracnose avaliando-se frutos, no entanto, nenhum material apresentou resistência completa. No presente trabalho, puderam ser observados diferentes níveis de reação das FIC ao patógeno nos dois ambientes e nenhuma progênie foi classificada como resistente.

De acordo com Camargo (2005), este comportamento pode ser atribuído ao número de genes envolvidos na resistência genética de plantas as doenças. Em que, a resistência pode ser monogênica (resistência qualitativa) ou poligênica (resistência quantitativa). Na resistência monogênica, há uma notável distinção entre plantas resistentes e suscetíveis, inexistindo reações intermediárias. No entanto, na resistência poligênica há presença contínua de graus de resistência, indo da extrema vulnerabilidade até a extrema resistência, sendo necessário quantificar a doença para conseguir distinguir os resistentes dos suscetíveis.

Esses resultados demonstram a dificuldade de se encontrar material resistente à antracnose. Desta forma, tem-se a necessidade de buscar genes em bancos de germoplasma ou em espécies silvestres, que possam ser resistentes a esta doença.

## **CONCLUSÕES**

A característica AACPS obteve os maiores valores de herdabilidade nos dois ambientes e pela análise conjunta.

Apenas duas épocas não são suficientes para avaliação de resistência a antracnose, mesmo que alguns valores de herdabilidade e índice de variação sejam altos.

As FIC 52, 60, 61 e 67 foram moderadamente resistentes nos dois ambientes e pela análise conjunta, indicando que as mesmas podem ser utilizadas em programa de melhoramento visando resistência a antracnose.

## **REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

ABREU, S. P. M. **Desempenho agrônomo, características físico-químicas e reação a doenças em genótipos de maracujazeiro-azedo cultivados no Distrito Federal**. Brasília: Universidade de Brasília, 2006. 144p. (Dissertação – Mestrado em Produção Vegetal).

ALVES, J. C. S. **Estimativa de parâmetros genéticos para características de semente e de planta em populações de cenoura (*Daucus carota* L.) derivadas da cultivar Brasília**. Brasília: Universidade de Brasília, 2004. 68p. (Dissertação – Mestrado em Ciências Agrárias).

ANJOS, J. R. N.; JUNQUEIRA, N. T. V.; CHARCHAR, M. J. A. Levantamento do *passionfruit woodiness vírus* em maracujazeiro-azedo no cerrado do Brasil central. **In: XVII Congresso Brasileiro de Fruticultura**, Belém PA, 2002.

BERGAMIM FILHO, A.; AMORIM, L. Manejo de Fitopatossistemas: Conceitos Básicos. In BERGAMIM FILHO, A.; AMORIM, L. **Doenças de Plantas Tropicais: Epidemiologia e Controle Econômico**. São Paulo: Agronômica Ceres Ltda., 1996. p.189-191.

BUENO, P. A. O.; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; MATTOS, J. K. A. Incidência e severidade de septoriose (*Septoria passiflorae* SYDOW) em mudas de 48 genótipos de maracujazeiro azedo, sob casa de vegetação no Distrito Federal. **Bioscience Journal**. 23: 88-95, 2007.

CAMARGO, L. E. A. (ed.) **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. v.2, 663p.

CAMPBELL, C. L.; MADDEN, L. V. **Introduction to plant disease epidemiology**. New York, 1990. 532p.

CRUZ, C.D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35: p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2006. v.2, 585p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. v.1. 480p.

DALLACORT, R.; MOREIRA, P. S. P.; INOUE M. H.; SILVA, D. J.; CARVALHO, I. F.; SANTOS, C. Wind speed and direction characterization in Tangará da Serra, Mato Grosso state, Brazil. **Revista Brasileira de Meteorologia**. 25: 359-364, 2010.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. Pesquisa e desenvolvimento do maracujá. In: ALBUQUERQUE, A. C. S.; SILVA, R. C.; (ed.). **Agricultura tropical: quatro décadas de inovações tecnológicas, institucionais e políticas**. 1 ed. Brasília: Embrapa, 2008. p. 411-416.

- FALEIRO, G. F.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. Germoplasma e melhoramento genético do germoplasma – desafio da pesquisa. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Brasília: Embrapa Cerrados, 2005. p. 187-210.
- FISCHER, I. H.; KIMATI, H.; REZENDE, J. A. M. Doenças do maracujazeiro (*Passiflora* spp.). In: KIMATI H.; AMORIN, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A. (ed.) **Manual de Fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres Ltda. 2005. v.2, p.467-474.
- HAMBLIN, J.; ZIMMERMAN, M. J. O. Breeding common bean for yield mixtures. **Plant Breeding Reviews**. 4: 245-272, 1986.
- JUNQUEIRA, N. T. V.; ICUMA, I. M.; VERAS, M. C. M.; OLIVEIRA, M. A. S.; DOS ANJOS, J. R. N. Cultura do maracujazeiro. In: **Incentivo a fruticultura no Distrito Federal: Manual de fruticultura**. Brasília: COOLABORA, 1999. p. 42-52.
- JUNQUEIRA, N.T.V.; ANJOS, J.R.N.; SILVA, A.P.O.; CHAVES, R.C.; GOMES, A.C. Reação às doenças e produtividade de onze cultivares de maracujá-azedo cultivadas sem agrotóxicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 38, 1005-1010, 2003.
- MARTINS, I; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. V. T.; MELLO, S. C. M. de. Reação de genótipos de maracujazeiro-azedo ao *Colletotrichum gloeosporioides*. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 30: 639-643, 2008.
- MARTINS, J. A.; DALLACORT, R.; INOUE, M. H.; SANTIN, A.; KOLLING, E. M.; COLETTI, A. J. Probabilidade de precipitação para a microrregião de Tangará da Serra, estado do Mato Grosso. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. 40: 291-296, 2010.
- MCKINNEY, R. H. Influence of soil temperature and moisture on infection of wheat seed lings by *Helminthosporium sativum*. **Journal of Agricultural Research**. 6: 195-218, 1923.
- MENEGOTO, J.C. **Estudo da viabilidade econômico-financeira para a implantação de maracujá azedo irrigado em sistema adensado de plantio no Distrito Federal**. UPIS –Faculdades Integradas – Departamento de Agronomia. Planaltina, 2008.
- MIRANDA, H. A. **Incidência e severidade de *Xanthomonas axonopodis* PV. *Passiflorae*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Septoria passiflorae*, *Cladosporium***

***herbarum* e *Passionfruit woodiness* vírus em genótipos de maracujazeiro azedo cultivados no Distrito Federal.** Brasília: Universidade de Brasília, 2004. 87p. (Dissertação - Mestrado em Ciências Agrárias).

NASCIMENTO, A. C. **Produtividade, incidência e severidade de doenças em nove genótipos de maracujazeiro-azedo sob três níveis de adubação potássica no Distrito Federal.** Brasília: Universidade de Brasília, 2003. 148p. (Dissertação – Mestrado em Ciências Agrárias).

OLIVEIRA, E. J.; SOARES, T. L.; BARBOSA, C. de. J.; SANTOS FILHO, H. P.; JESUS, O. N. de. Severidade de doenças em maracujazeiro para identificação de fontes de resistência em condições de campo. **Revista Brasileira de Fruticultura.** 35: 485-492, 2013.

PEREIRA, T. N. S. Caracterização morfológica e reprodutiva de espécies silvestres do gênero *Passiflora*. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; PINTO, A. C. Q.; SOUSA, E. S. **IV Reunião técnica de pesquisas em maracujazeiro.** Planaltina: Embrapa Cerrados, 2005. p. 29-34.

PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M. de; BARBOSA, PEREIRA, M. H. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural.** 39: 2425-2430, 2009.

SCHRAMMEL, P.; PEIXOTO, J. R.; UESUGI, C. H.; NOBREGA, D. S.; SOUSA, C. E. ; SANTOS, E. C. Reação de progênies de maracujazeiro-azedo a verrugose (*Cladosporium herbarum*), sob casa de vegetação. In: **XXI Congresso Brasileiro de Fruticultura**, Natal RN. 2010.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho no Brasil.** 2ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p. 137-214.

VIANA, A.; GONÇALVES, G. M. Genética quantitativa aplicada ao melhoramento genético do maracujazeiro. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. **Maracujá germoplasma e melhoramento genético.** Brasília: Embrapa Cerrados, 2005. p. 243-274.

VILELA, M. S. **Diversidade genética, produtividade e reação de progênies de maracujazeiro à doenças sob condições de campo.** Brasília: Universidade de Brasília, 2013. 183 p. (Tese – Doutorado em Agronomia).

## 6. CONCLUSÕES GERAIS

1. Para a doença da verrugose os valores de herdabilidade entre as progênes foram elevados para todas as características.
2. A característica AACPS teve os maiores ganhos pela seleção direta e indireta.
3. Para a doença da antracnose os valores de herdabilidade entre as características comportaram-se diferente. O mesmo ocorreu nos ganhos de seleção direta e indireta.
4. A interação entre genótipo e ambiente foi significativa. Demonstrando que apenas duas épocas não são suficientes para avaliação de resistência as doenças da antracnose e da verrugose, mesmo que alguns valores de herdabilidade e índice de variação sejam altos.
5. A FIC 67 foi classificada como moderadamente resistente a antracnose e a verrugose nos dois ambiente e pela análise conjunta.